

アイソザイムによる
ヒノキの遺伝育種に関する研究

1993

内田 煌二

①

アイソザイムによる
ヒノキの遺伝育種に関する研究

内 田 焯 二

目 次

序論	1
第1章 ヒノキの種特性	4
第1節 ヒノキ属とその特性	4
第2節 わが国におけるヒノキの天然分布	5
第2章 ヒノキ針葉におけるアイソザイム遺伝子分析	13
第1節 はじめに	13
第2節 材料および方法	16
第3節 結果および考察	24
第3章 ヒノキサシ木品種、南郷檜のアイソザイムによる クローン分析	39
第1節 はじめに	39
第2節 材料および方法	40
第3節 結果および考察	44
第4章 ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝変異	53
第1節 はじめに	53
第2節 材料および方法	54
第3節 結果および考察	57
第5章 ヒノキ天然林のアイソザイム遺伝変異	67
第1節 はじめに	67
第2節 材料および方法	68
第3節 結果および考察	69
1. データの解析項目	69
2. 小地域での林分内、林分間の遺伝変異	71
1) 聖、青籬（東無岳、わさび沢）の天然	

ヒノキ林、3林分の遺伝変異	-----	71
2) 木曾のヒノキ天然林、9林分の遺伝変異	---	77
3. ヒノキ天然林集団のアイソザイム遺伝変異	---	81
1) ヒノキ天然林の遺伝変異	-----	82
2) ヒノキ天然林集団と育種区単位の精英樹群 の遺伝変異	-----	92
第6章 総合考察	-----	98
摘要	-----	112
引用文献	-----	117
謝辞	-----	127
付属資料	-----	128
付表1. ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覧	---	129
付表2. 木曾のヒノキ天然林9林分におけるアイソ ザイム10遺伝子座の遺伝子型頻度	-----	143
付表3. 木曾のヒノキ天然林9林分におけるアイソ ザイム10遺伝子座の対立遺伝子頻度	---	145
付表4. ヒノキ天然林8集団におけるアイソザイム 10遺伝子座の遺伝子型頻度	---	146
付表5. ヒノキ天然林8集団におけるアイソザイム 10遺伝子座の対立遺伝子頻度	---	148

林学関連用語の解説

森林

一般に、森林とは、①ある程度以上の高さ（通常4～5m）の樹木が、②ある程度以上密生（樹冠投影面積が土地面積の40%以上）していて、③ある程度以上のまとまった面積を占めているものをいう。密度が低い場合は、疎林と呼ばれる。

森林法にいう森林とは、①木竹が集団して生育している土地およびその土地の上にある立木竹、②①の土地の外、木竹の集団的な成育に供される土地をいう。ただし、主として農地または住宅もしくはこれに準ずる土地として使用される土地およびこれらの上にある立木竹を除くと規定されている。

国有林

広義には林野庁・文部省・運輸省・環境庁など国の機関が所管する森林を指すが、林学では、林野庁所管の森林をいう。

本論文では林学用語として使用している。

民有林

広義には個人・会社などの所有林（私有林）のほか都道府県・市町村などが所管する森林（公有林）を含める。狭義には、私有林をいう。本論文では広義の意味で使用している。

皇室林野局

明治政府によって皇室の財産林（御料林）を管理するために設置された官署である。第2次大戦後、皇室林野局・農林省・内務省・拓務省などの林政部局が統一され、現在の林野庁が組織された。

林分

林相（樹種構成・樹齢・成長など）がほぼ一様で、森林の取扱いの単位となる樹木の集団およびそれが生えている林地をあわせて林分という。樹木集団のみを指す場合もある。

成熟林分

林分が施業目的に定められた要求を満たしうる状態に達した時期の林分で、伐採時期に達した林分をいう。

学術参考保護林

大正4年、山林局長通牒によって学術上、または森林施業の考証等のため国有林の原生林などに設定された保護林である。

平成元年、林野庁長官通達「保護林の再編・拡充について」により、学術参考保護林は、林木遺伝資源保存林・植物群落保護林林などとして再編成されつつある。

- 演習林 林学を教育する大学・農林高等学校で学生・生徒の实地演習のため、ならびに教職員の試験研究に供するために設置された森林とその施設をいう。
- 社寺林 神社・仏閣の境内あるいはその周辺で財産の保持、建替え用材の確保、さらに尊厳な宗教的ふん囲気を醸成する目的で育成された樹林をいう。
- 人工更新 植林または種子をまきつけて林分を仕立てることをいう。
- 人工林 植林したり、人工的に種をまいたりして人工更新をした林分である。
- 天然更新 天然力で後継樹を仕立てることで、萌芽更新・天然下種更新および竹林の地下茎更新がある。
- 天然林 人工林以外の天然更新で成立した林分である。天然林を手入れしても人工林としない。天然生林ともいう。
- 実生林分 実生苗によって仕立てた林分をいう。
- 野生種苗
(山引き苗) 天然下種(自然落下種子)によって、または自然の伏条(さし木)によってできた苗をいう。昔、これらの苗を採集して造林に供したことがある。
- さし木林分 さし木苗によって仕立てた林分をいう。
- 直ざし(造林) 人工造林の方法の一つで、スギ・ヒノキ・ポプラなどさし木発根が容易な樹種、あるいは個体(群)について50cm内外の切り枝を林地に直接、さし付けるものである。
- 種苗の配布区域 環境適応性について造林種苗の商業販売上の選択の誤りを防止するため、昭和9年農林省告示で種苗の移動可能区域を「林木種子配給区域」として定められた。昭和14年の林業種苗法の成立の際もこの告示が「種苗の配布区域」として継続された。
- 昭和45年の林業種苗法の改正等の際にもこの告示は継続されている。この地域区分は気象・森林植生・樹種別の成育状況・造林経験などを基にしてスギ 7区・ヒノキ 3区・アカマツ 3区・クロマツ 2区に区分し、種苗の区間の移動の可否を定めている。

育種基本区

「林木育種事業指針」（昭和55年（1980）に「林木育種事業運営要綱」に改正）によって規定された地域区分である。育種種苗の適応性を確保するため、気候・森林帯の分布、さらに育種事業の実施体制の整備上から行政区画を考慮して設定された。

現在、北海道・東北・関東・関西および九州の5つの育種基本区が設定されている。

育種区

各育種基本区内において、気象・土壌・樹種および品種の分布などを勘案して、環境条件をほぼ同じくする区域を分けて2～6区が設定されている。わが国全体では総計19の育種区が設けられている。

精英樹選抜
育種事業

昭和32年度（1957）から林野庁の「林木育種事業指針」によって開始された育種事業である。集団選抜の手法に基づき、育種区単位で成長・幹形などの表現型がすぐれた個体を多数選抜し、事業用の採種園・採穂園を造成し、事業用種苗を生産・普及するものである。

精英樹

精英樹選抜育種事業において選抜された個体をいう。採穂園・採種園の造成のほか、交雑母材料・遺伝資源として利用されている。

採穂園

さし木苗にする穂木（切り枝）を採取する目的で仕立てた林で、密植し、樹高を2～3mの高さに切り詰め、多数の穂木を容易に採取できるように管理している。

採種園

造林樹木の種子採種のため、果樹園方式で仕立てた林で、普通、つぎ木苗によって造成する。

気象害抵抗性
育種事業

昭和45年から発足した育種事業である。既存の高標高地の広葉樹林をスギ・ヒノキの人工造林地へ換える拡大造林の進展に伴い、寒風害・凍害・雪害などの被害が多発し始めたことに対処するため、集団選抜の手法によって激害林分において無被害木・軽害木などを選抜した。これらのクローンを採種園・採穂園の造成に利用し、また交雑母材料として利用している。

辺材

木の幹材外周部の組織で、樹液の流動や養分の貯蔵などの機能をもった部分をいう。

- 心材 木の幹材の内部の組織で細胞は死滅し、色素が沈着して赤・黒・茶色などに変色し、硬化した部分をいう。
- Litter trap (リタートラップ) 森林の物質循環などを研究するための森林生態学的な試料収集法の一つである。寒冷紗などを使用し、口径約1 m程度の方形、あるいは円形のタモ網を林内に設置し、落葉・落枝・落花・落下種子・落下死虫・虫糞などを定期的に採集するものである。
- Seed trap (シートトラップ) 種子採集目的でLitter trapと同様のものを用いる時の名称。
- 雌性配偶体 (胚乳) 針葉樹の胚乳は、被子植物のそれと異なり、重複受精をおこなわず母方由来の半数体組織である。そのため、母樹がヘテロの遺伝子座については種子単位で分離が生じ、遺伝解析に好適な材料となる。
- 単木混交植栽 林木の野外試験の際の植栽配置法の一つで、品種群・クローン群あるいは実生家系群などについて、ブロック内で個体単位で配植 (Single plant plot) するもので、通常複数の反復ブロックを設ける。
- とっくり病 (徳利病) ヒノキに特異的に見られる異常で、樹幹基部が、いわゆる酒徳利のように肥大するものである。病原性の病害あるいは生理病といわれ、幹材の材価を大きく低下させる。
- 単木施業 択伐林分の伐採・収穫において樹木を離散的に個体単位で伐採することをいう。
- 現地保全 (存) 遺伝資源保存の一つの方法で、対象林分を現地でそのまま保存することをいう。
in situ conservation
- 現地外保全 (存) 遺伝資源保全の一つの方法で、対象林分から種子あるいは穂木を取り養苗し、別の場所において植栽保存することをいう。
ex situ conservation
- しぶ種 内部に樹脂のつまった種子で発芽しない。スギ、ヒノキ、モミに多い。

序論

ヒノキ (*Chamaecyparis obtusa* (Sieb. et Zucc.) Endl.) はヒノキ科 (Cupressaceae) ヒノキ属 (*Chamaecyparis* Spach) に属する。ヒノキの天然分布は主に日本列島の太平洋側に限定されており、その北限は福島県であり、南限は鹿児島県の屋久島である。

ヒノキはわが国の林業上最も重要な樹種の1つである。わが国における森林の人工林面積1,021万haのうち、ヒノキ林は240万haで23%を占め、スギ林の451万ha、44%について造林面積が多い(平成2年概数)。また、平成2年度の樹種別の人工造林面積はヒノキが最も多く約27,400haであり、スギは2番目で約21,000 haとなっており、スギよりヒノキの方が人工造林面積が広がっている。

ヒノキはスギより天然分布域が狭く成長も遅く、ほとんどを実生繁殖によっている。スギの場合はその造林の歴史も古く実生繁殖も多いが、さし木在来品種も多い。すなわち九州全域、北陸地方、千葉県の山武地方などに約200品種のさし木在来品種がある。ヒノキの場合はさし木在来品種として熊本県の南郷檜の1例のほかには全くないという特長を持っている。

ヒノキ材の利用については、古墳時代から使われていたことが出土材からも判明している。ヒノキ材によって奈良の法隆寺、極楽院など神社仏閣が建立され、日本書紀にもその記載がみられる(佐藤 1971)。

ヒノキ材は、光沢があり、腐りにくく加工し易く建築用材・加工用材として最高のものであることから古くから需要が多かった。ヒノキ材の需要が増えても、成長が遅いことなどにより近くに良材がなくなれば遠くの地に求められた。すなわち、社寺仏閣の建立、大阪城・江戸城の築城などには長野県の本曾、高知県の白髪山など遠方までヒノキ材を求めたことが記録にある。

それでも、皇室林野局(1937)及び林(1951)などによれば、昭和初期まではヒノキの天然林は各地に離散的に分布していた。近年、特に昭和30年代後半から、

林野庁においては奥地林の開発を行い、材価が他の樹種に比べ高いことから高収入を期待し、ヒノキ天然林の伐採地域が急速に広がった。

このため、遺伝資源としての価値が高いヒノキ天然林が急激に少なくなり、林野庁の「昭和60年度遺伝子保存林保全に関する調査報告書（全国）」によれば、天然林は17箇所程度に過ぎない。1箇所当たりの面積も小さく継続的な保存が危ぶまれる所や、国有林野特別会計のため伐採が進み、ヒノキ天然林の存続が危ぶまれる場所もある。したがって、ヒノキの遺伝資源の現地保全として天然林の保全を図っていく必要がある。それと同時に、現時点における遺伝的変異を調査しておくことも一層重要である。

また、昭和32年度に発足した精英樹選抜育種事業において、全国各地で主として人工林からヒノキ精英樹が約1,000本選抜された。これをもとに営林局・各県で採種園・採穂園が造成され、ここから次代のヒノキ育種種苗が生産され、山出しされている。このことから、精英樹についても成長、各種の抵抗性ばかりでなく、その保有する遺伝子の多様性などについても検討し、それぞれの地域間（育種区）における遺伝的な差異なども明らかにしておくことが重要、かつ急務となっている。

一方、ヒノキは、用途が広く需要がある割には遺伝育種の研究があまり進んでいないのが実状である。

このため、ヒノキの遺伝育種について以下のような研究をした。

1. ヒノキの交雑家系の針葉を用いたアイソザイムの遺伝子分析による標識遺伝子の検出。
2. ヒノキの唯一のさし木在来品種である南郷檜について、採穂源と云われる老齢樹と成熟林および市販さし木苗の各個体のアイソザイム遺伝子型による各樹齢群の構成クローン数の推定。
3. 育種基本区、育種区のヒノキ精英樹群について、アイソザイムの遺伝的多

様性の比較調査。

4. ヒノキ天然林のアイソザイムの遺伝的多様性、同一度の比較調査。

これらの研究結果をもとに、南郷檜の分析クローン毎の特性調査の推進策、ヒノキの精英樹（人工林からの選抜）の選抜育種と遺伝資源保存、特に育種種苗の利用範囲、人工林と天然林の遺伝的変異の量と質の相違、遺伝的クラインならびに遺伝資源として天然林のみならず造林限界近傍の人工林の保存の重要性などについて総合的考察を行った。

第1章 ヒノキの種特性

第1節 ヒノキ属とその特性

ヒノキは、ヒノキ科 (Cupressaceae) ヒノキ属 (*Chamaecyparis* Spach) に属し、世界に6種あり、日本、台湾、北米に分布し、いずれも良材となる (堀田 1991)。

わが国には、ヒノキ (*Chamaecyparis obtusa* Endl.) とサワラ (*Chamaecyparis pisifera* Sieb. et Zucc.) の2種が天然分布している。

台湾には、ベニヒ (*Chamaecyparis formosensis* Matsumura) とこの変種として、台湾ヒノキ (タイヒ) (*C. formosensis* var. *formosana* Rehd. (*C. taiwanensis* Masam. et Suzuki)) を産する。ベニヒは、台湾中央山脈の温帯林に分布する。材は辺材が狭くて、淡紅色ないし黄白色を呈し、心材は新鮮時は鮮黄ないし紅黄色で、その後褐色から紅褐色に変わる。台湾ヒノキと比べると軽軟で強度は劣るが加工し易く、日本にも輸入され天井板、欄間用材として使われる。

台湾ヒノキは、辺材が淡紅白ないし帯紅黄白色、心材は淡黄褐色ないし淡紅黄色を示し、辺材と心材の境はやや不明瞭である。ヒノキと同様またはそれ以上に強い芳香がある。

北米には、ローソンヒノキ (*Chamaecyparis lawsoniana* Parl.) ・アメリカヒノキ (*Chamaecyparis nootkatensis* Spach) ・ヌマヒノキ (*Chamaecyparis thyoides*

Britt.) を産する。ローソンヒノキは北米西部に分布し、材質はヒノキに似ておりベイヒ (米檜) と呼ばれ日本に多量に輸入されている。

アメリカヒノキはアラスカヒノキとも呼ばれ、北米のオレゴン州からアラスカに分布し、心材は緑黄色を帯び耐朽性が高く建築土台などに用いられる。アスナロ材に似た特有の臭気があり、日本ではベイヒバとも呼ばれている。日本に多量に輸入されている。ヌマヒノキは、北アメリカ東南部の温帯に産する。

ヒノキ科各属の変種は日本と外国を問わず多数あり、日本ではその多くが園芸品種として使われている (上原 1988)。

第2節 わが国におけるヒノキの天然分布

ヒノキの往時の天然分布を現時点で正確に把握する事はまったく不可能である。

これは古い時代には文書記録がなく、文書記録の利用が可能になった後世においても、交通の不便さが容易に人を近づけない山岳地にヒノキが生育していたためである。一方、交通・運輸の便が良くなると、ヒノキ材は利用価値が高いため、その天然林はたちまち伐採され、現状をとどめなくなるからである（佐藤 1971）。

それでも先人による文献調査（皇室林野局 1937、佐藤 1971）などからヒノキに関するものを拾ってみると次のようになる。

スサノオノミコトがスギ・ヒノキ・マキ・クスの種子をまきつけし（日本書紀）、イタケルノミコト兄妹が西日本に本種を分布したこと（日本書紀）。

景行天皇時代にヒノキの野生種苗（山引き苗）の養成を行った。長和1～6年（1012～17）高野山の祈願上人によるヒノキ・コウヤマキの下種。承元1～5年（1207～11）ヒノキを高野山で植樹したこと。承久1～4年（1219～22）、文永1～12年（1264～75）、応永1～35年（1394～1428）に高野山に人工下種をしたこと。

享保1～21年（1716～36）山口藩・弘前藩は大阪の池田からスギ・ヒノキ苗を大量に移入したこと。明和6年（1769）徳川幕府がスギ・ヒノキ・サワラのさし穂ごしらえの仕様を示し、明治4年（1871）民部省は官林規則を公布し、軍艦用材としてマツ・スギ・ヒノキ・ツキ・カシ・ケヤキ・クリ・ブナ・シオジの保護増殖を図った等である。

日本書紀にはヒノキが宮殿構築に適する樹種としてすでに記載されており、古い時代よりヒノキの建築材としての優良性が認識されていた。古くからヒノキの重要性は認識されていたとしても、その分布について調査したものは無論ないので、宮殿・寺院仏閣の建立などを記載した文献中での木材調達地からヒノキの生産地をみたのが図1-1である。なお、わが国においてこのような広域にわたる



図1-1. 桃山時代までの文献に見られるヒノキ材の生産地 (皇室林野局 1937)
 Fig.1-1. Natural growing sites of hinoki in ancient harvest record until Momoyama period.

調達記録があるのはヒノキのみである。

江戸時代には、藩政が行われ木材資源は藩財政上重要なものであることから、各藩のヒノキについて記載された文献なども多くなり、これらから幕末のヒノキ林の分布を見たものが図1-2である。

スギ・ヒノキなど林木種子から苗を生産する技術を持つようになったのは、古くから庭園樹木を扱っていた大阪の池田付近が最初とされる。江戸時代には、ヒノキ苗も大阪苗として九州、中国、東北の地方の地域に販売流通されており、この時代以降、ヒノキ林がすべて天然林とは限らないことになる。これは特に東北地方における天然分布を紛らわしくした理由にもなっている。

昭和12年頃のヒノキの天然分布を図1-3に示す。この当時、皇室林野局(1937)によれば、ヒノキの天然分布の北限は奥羽地方福島県石城郡永戸村及び赤井村の北緯 $37^{\circ}10'$ で、それより以南の関東地方・中部地方・近畿地方・中国地方・四国地方・九州地方におよび、その南限は屋久島の北緯 $30^{\circ}15'$ である。

昭和12~26年の間に、九州にはヒノキ天然林はなくなり、中部地方の木曾・飛騨方面、静岡県水窪奥の白倉山、近畿地方の紀伊半島、四国地方の高知県長岡郡白髪山等にはややまとまった面積で分布している。木曾・飛騨地方には広い面積がある(図1-4)。

分布標高は、地方により異なるが、 $10\sim 2,200\text{m}$ にわたり、最高標高は長野県南安曇郡有明村の燕岳($2,200\text{m}$)となっている。

ヒノキ天然林は通常、モミ・ツガ・アカマツ・サワラ・アスナロ・クロベ・トウヒ・コウヤマキ・ハリモミ・ウラジロモミ等の針葉樹やブナ・イヌブナ・トチノキ・ホオノキ・ミズナラ・カシ類・カエデ類等の広葉樹と混生することが多いが、純林も見られる(林 1951)。

これらの調査から約40年を経過した時点における林野庁(1986)の調査によれば、天然林は急減し、残存し掲載されているものは福島県の赤井岳ヒノキ天然林

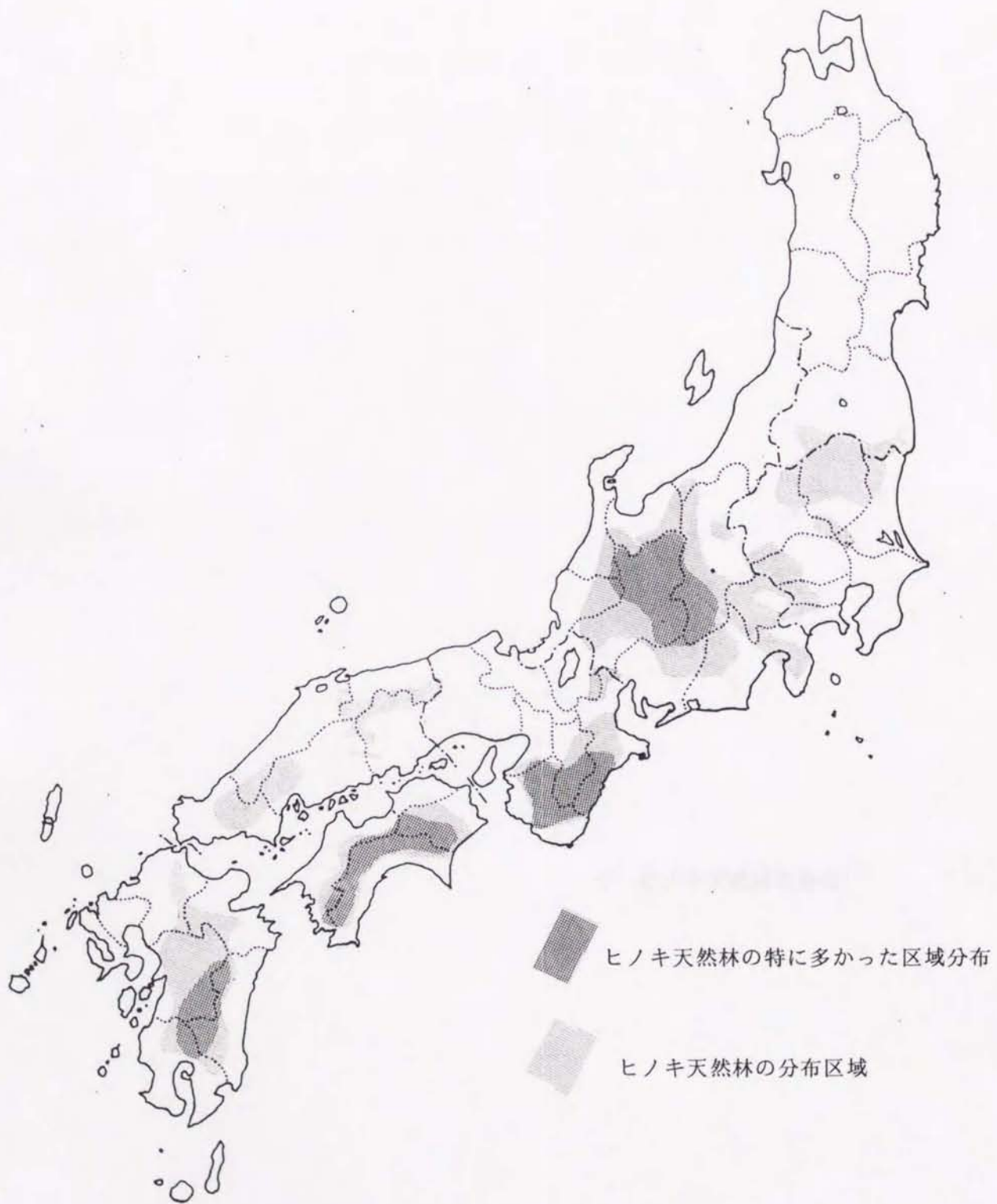


図1-2. 幕末におけるヒノキ天然林の分布概観図 (皇室林野局 1937)

Fig.1-2. An outline of hinoki natural distribution area at the end of Edo period.



図1-3. 昭和12年頃のヒノキ天然林の分布概観図 (皇室林野局 1937)
 Fig.1-3. An outline of natural distribution area of hinoki
 about the 12th year of Showa(1937).



図1-4. 昭和26年頃の調査によるヒノキ天然林の分布 (林 1951より改変)
 Fig.1-4. Natural distribution area of hinoki about the 26th year of Showa(1951).

(23.0ha)・栃木県の玉生学術参考保護林(1.6ha)・同じく矢野口学術参考保護林(8.89ha)・埼玉県の女形天然ヒノキ林(5.0ha)・群馬県为天丸山天然ヒノキ林(119.35ha)・山梨県の青木ヶ原ヒノキ学術参考保護林(0.96ha)・長野県のヒノキ大径木保存林(77ha)・同じく鹿島山学術参考保護林(1.99ha)・岐阜県の御前岳(406.79ha)・兵庫県为摩耶山学術参考保護林(33.55ha)・同じく音水学術参考保護林(48.28ha)・和歌山県为高野山学術参考保護林(29.95ha)・三重県为大杉谷学術参考保護林(181.11ha)・愛媛県为別子ヒノキ天然林(4.47ha)・高知県为白髪山ヒノキ林(22.89ha)・同じく千本山天然生保護林(59.51ha)・鹿児島県为屋久島などである(図1-5)。しかし、これらの林分は1個所当たりの面積が小さく、ヒノキの純林は少なく、スギ・ブナなどの針広混交林であるので、天然ヒノキの1個所当たりの本数は非常に少なくなっている。遺伝資源の調査と保全が早急な課題である。



図1-5. 学術参考保護林等でヒノキ天然林の残存している個所 (林野庁 1986)
Fig.1-5. Natural distribution area of hinoki at the 60th year of Showa
(Forestry Agency 1986).

第2章 ヒノキ針葉におけるアイソザイム遺伝子分析

第1節 はじめに

アイソザイムは1959年にMarkert and Møllerにより見いだされたもので、ある酵素種に属し、基質特異性は同じであるが電気的性質などの異なる酵素分子種を酵素多型あるいはアイソザイムと呼ぶようになった。その後、1971年に国際生化学連合 (IUB-CBN: 国際生化学命名委員会) は酵素多型のうち遺伝的な差異に由来するものをアイソザイムと規定した。なお、遺伝様式が確定したアイソザイム遺伝子をアロザイムと云うことがある。

アイソザイムは電気泳動で移動度の差によって分離され、活性染色により泳動像 (バンド) として観察することができる。これら泳動像には遺伝的に直接関係しないもの、あるいは人為的に発生すると思われるバンドもあることから、個々の泳動像について遺伝に基づくものかどうかを調べる必要がある。すなわち、アイソザイムの表現型 (バンド) の分離比からメンデル遺伝に従っているかどうかの解明を行うことが必要である。このことを遺伝子分析といい、遺伝子支配が確認されたバンドのみを標識遺伝子として用いて、遺伝の解明を行う必要がある。

アイソザイムを使う研究は遺伝子を酵素レベルでとらえて研究を行っていることになる。

アイソザイムを標識遺伝子として使う場合の利点は

- ① 遺伝子 (DNA) の一次産物であるので、環境の影響を受けにくい。
- ② 多くのアイソザイム遺伝子は自然選択に対して中立であるため、消滅する危険性が少ない。
- ③ 高頻度で分布するものから低頻度のものまで種々の遺伝子が利用できる。
- ④ 対立遺伝子間に優劣性がなく共優性のため、表現型バンドパターンから直接遺伝子型が判定できることなどである。

アイソザイムの手法は遺伝育種の研究に広く利用されている。これらの多くの

研究ではデンブengel泳動法が主として用いられてきているが (Miyazaki and Sakai 1969, Conkle et al. 1982, Marty et al. 1984)、ポリアクリルアミドを支持体とする方法 (白石 1987a, b, c, d, 1988) には多くの利点がある (津村ら 1990)。

ポリアクリルアミドゲルはデンブengelと共に分子篩の効果を持ち、他の支持体に比べ高い分離能を持っているが、ポリアクリルアミドゲルはデンブengelより分離能が高く、ゲルを濃縮ゲル、分離ゲルと組み合わせることによりさらに分離能が高くなること。また、デンブengelは天然ポリマーであるが、ポリアクリルアミドゲルは合成ポリマーであるので再現性に優れること。ポリアクリルアミドゲルは機械的に丈夫で弾力に富み、透明であり、染色後のバンドの観察や定量する場合でも容易であり、短時間に簡単にゲルを重合する事ができることなどの利点がある。そのほか、垂直型泳動法は水平型に比べ分離能が高く、再現性に優れており、ゲル中の緩衝液と電極用の緩衝液の組成を不連続にすることにより明瞭なバンドが得られること等がポリアクリルアミドゲル垂直泳動法の特徴としてあげられる。

針葉樹の遺伝子分析は、雌性配偶体 (胚乳) や針葉・内皮が使用可能であるが、雌性配偶体の胚乳を使った事例がほとんどである。この場合、胚乳は母方由来の半数体 (n) 組織であるので母樹の遺伝子型がヘテロ接合であれば、自然受粉種子であっても期待分離比が1:1となることから遺伝子分析が比較的容易に出来る。また、ザイモグラムも鮮明である。

一方、針葉を試料とした場合、2倍体 ($2n$) 組織であるので、交雑によりその後代のヘテロ接合体についてザイモグラム上で分離比をみる必要がある。従って、試料作成に2-3年以上の長い年数を必要とする。また、針葉が酵素活性を阻害するフェノール性物質を含むためにザイモグラムが不鮮明な場合が多い。このため、針葉を用いる場合は特に透明度のより高いポリアクリルアミドゲルを使う必要が

ある。

逆に、葉組織を材料とした場合の利点には、試料採取の時期を長くとれること、さらに形態的形質・生理的形質・色素変異などと遺伝子との連鎖を検討できること、種子の豊凶などに影響されず結実に至らない幼齢のものでも分析出来ることなどがあげられる。

わが国でのアイソザイム遺伝子分析は、雌性配偶体を用いてイチヨウ (Tsumura et al. 1987) ・クロマツ (Shiraishi 1988) ・アカマツ (Na'iem et al. 1989) ・チョウセンゴヨウ (戸丸ら 1990) ・オオシラビソ (陶山 1991) ・シラベ (清藤 1992b) ・シラベおよびウラジロモミ (宮田・生方 1993) などの報告がある。

外国では、雌性配偶体を用いた研究として、*Picea abies* (Lundkvist 1974) ・*Pinus sylvestris* (Rudin 1977) ・*Pinus taeda* (Adams and Joly 1980) ・*Pinus rigida* (Guries and Ledig 1978) ・*Pinus ponderosa* (O'Malley et al. 1979) ・*Pseudotsuga menziesii* (El-Kassaby et al. 1982) ・*Abies balsamea* (Neal and Adams 1981) ・*Abies lasiocarpa* (Shea 1988) ・*Abies fraseri* (Diebel and Feret 1991) などの報告がある。

一方、針葉組織を用いたアイソザイム分析はスギ (Tsumura et al. 1989) ・ヒノキ (田島ら 1977、白石ら 1986、Uchida et al. 1991) の報告がある。

この研究においては、ヒノキの種子は小さく、しぶ種が多いことから雌性配偶体を使うことが困難なため、針葉を使って遺伝子分析を行った。ザイモグラムは、津村ら (1990) が抽出液組成の改良を行い、それを用いることで酵素活性を阻害する二次代謝物分が少なく、比較的鮮明なものを得ることができた。針葉は季節により酵素活性が異なるが、サンプルの生理条件が比較的斉一な冬季間にサンプリングし、冷凍保存して分析を行った。

ヒノキに関する遺伝子分析は、田島ら (1977) が精英樹13クローンの完全ダイ

アレルクロス家系で、その針葉のパーオキシダーゼのアイソザイム分析により Rf36-41にモノマー型の遺伝様式を示した。また、白石ら(1986)はヒノキ針葉および花粉を用いてアスパラギン酸アミノ転移酵素アイソザイムの遺伝子分析を行い、針葉においてはRf 40・41・43のバンドをもつダイマー型の遺伝様式を持つことを明らかにした。また、花粉においてはRf 40・43・46のバンドが出現し、針葉と花粉のバンドの違いがあることを見いだした。さらにRf 46のバンドは全供試母材の花粉で出現し変異が全く見られなかったことから、このバンドでの遺伝子支配の有無がはっきりしなかったとした。

このほか、この研究の一部であるヒノキ精英樹の交雑後代の針葉の遺伝子分析から、シキミ酸脱水素酵素・6-ホスホグルコン酸脱水素酵素・グルコース-6-リン酸脱水素酵素・グルタミン酸脱水素酵素・ジアホラーゼ・パーオキシダーゼ・アスパラギン酸アミノ転移酵素・グリコキナーゼ・ホスホグルコムターゼ・非特異的エステラーゼ・ロイシンアミノペプチダーゼ、などの11酵素種14遺伝子座について、それらの遺伝子支配が報告されている(Uchida et al. 1991)。

また、細部については遺伝子分析によらねばならないが、酵素の細胞内分布と最少遺伝子座数が判っている酵素種については交雑家系を用いた遺伝子分析を行わずに、その座のバンドパターンから遺伝子型を容易に推定することが出来るようになってきた(矢原 1988)。これに基づき、清藤(1992a)はヒノキ針葉のアイソザイム分析から、メナジオン還元酵素・グルタチオン還元酵素・アミラーゼ・リンゴ酸酵素などの9酵素種で9遺伝子座の18対立遺伝子を推定した。

第2節 材料および方法

遺伝子分析のため、農林水産省林野庁林木育種センターで精英樹の自殖や交雑によって得られた23家系の針葉を採取した。そのうち、バンドパターンに分離が見られた11家系を使って遺伝子分析を行った(表2-1)。これらの交雑に使った精

表2-1. アイソザイムの遺伝子分析に用いた交雑家系と分析苗数
 Table 2-1. Families and the number of individuals assayed
 for the genetic control of isozymes

Family	Number of plants assayed
Miho 1 Self	80
A ¹⁾ x B ¹⁾	60
Tokyo 30 Self	60
Tokyo 6 Self	40
Izu 4 Self	60
Maebashi 13 x Miho 1	100
Izu 5 x Fuji 5	100
Izu 5 x Izu 4	48
Kuno 2 x C ¹⁾	60
Akimoto 1 x Tokyo 36	30
Kataura 5 x Fudago 2	40
Total	678

¹⁾ Names of plus-trees were unknown.

英樹は天然林や人工林から選抜されたものである。精英樹とは1957年から精英樹選抜育種事業として、その生育している地域毎の各林分から成長や形質の表現型が優れていることで選抜された育種母材である。平成3年度現在でのヒノキ精英樹の登録数は1,034本である（林木育種センター 1993）。

遺伝子分析は、遺伝子型がヘテロ接合である遺伝子座を使用して、交雑した2年生実生苗678本の分析結果を用いて行った。

これら交雑した2年生実生苗の当年生枝を1990年11月から翌年2月にかけてサンプリングし、電気泳動に供試するまで、ポリエチレン製の袋に入れて -40°C あるいは -80°C で冷凍保存した。

分析手順は下記の通りである。

1) 酵素の抽出

①冷凍庫から取り出した試料は低温状態を維持しつつ抽出を行うようにした。すなわち、ヒノキ針葉を100mg秤量し、あらかじめ 4°C に冷やしておいた乳鉢に入れ、液体窒素をそそぎパウダー状になるまですりつぶす。

②これにポリクラール AT (polyvinylpolypyrrolidone) を100mg加え攪拌する。

③さらに抽出液1ml (表2-2) を加えよくホモジナイズする。

④これを低温状態 (4°C 以下) にしておいた1.5mlエペンドルフチューブに入れ、温度 $0\sim 4^{\circ}\text{C}$ 、15,000rpmで40分間遠心分離する。

⑤遠心分離して得られた上澄液 $10\mu\text{l}$ を電気泳動用の試料とした。

2) 電気泳動

この研究では、Davis(1964)およびOrnstein(1964)に準じた平板ポリアクリルアミドゲル垂直電気泳動法を用いた。

濃縮ゲルと分離ゲルはそれぞれ 3.75%、pH 6.7 と 7.5%、pH 8.9 でゲルの厚さ1mmのものを使用した。泳動条件は 4°C 、 12.3 mA/cm^2 の定電流で150分間である。電極用緩衝液は5mMトリス・38mMグリシン、pH 8.6である。

表 2-2. 抽出液組成

Table 2-2. Composition of extraction buffer

(Buffer)	
93mM Tris-HCl, pH7.5	
(Additive)	
Glycerol	23.4% (V/V)
Tween 80	0.6% (V/V)
Dithiothreitol	2.3mM
EDTA ¹⁾	2.8mM
NAD ²⁾	0.6mM
NADP ³⁾	0.5mM
2-Mercaptoethanol	0.05%(V/V)
Bovine serum albumin	0.08%(W/V)
1) Ethylenediaminetetraacetic acid	
2) β -Nicotinamide adenine dinucleotide	
3) β -Nicotinamide adenine dinucleotide phosphate	

表 2-3. 染色液の組成

Table 2-3. Composition of staining solution

Enzyme system	Buffer	Substrate		Other	
ShDH	46mM Tris-HCl pH8.0	Shikimic acid	1.0mM	NADP ¹⁾	0.14mM
				MTT ²⁾	0.22mM
				PMS ³⁾	0.059mM
				MgCl ₂	8.8mM
6PGD	46mM Tris-HCl pH8.0	6-Phosphogluconic acid	0.24mM	NADP	0.14mM
				PMS	0.22mM
				MgCl ₂	8.8mM
				NADP	0.14mM
G6PD	46mM Tris-HCl pH8.0	D-Glucose-6-phosphate	0.80mM	MTT	0.22mM
				PMS	0.059mM
				MgCl ₂	8.8mM
				NADP	0.14mM
GDH	47mM Tris-HCl pH7.0	L-Glutamic acid	33mM	NAD ⁴⁾	0.39mM
				NBT ⁵⁾	0.23mM
				PMS	0.31mM
				NADH ⁶⁾	0.62mM
DIA	47mM Tris-HCl pH8.0	2,6-Dichlorophenol-indophenol	0.067mM	MTT	0.23mM
POD	10mM Tris-acetate	H ₂ O ₂	0.03%	3-Amino 9-ethyl-carbazole	2.0mM
				β-Naphthol	2.0mM
				Acetone	25%(v/v)
GOT	0.1mM Phosphate pH7.0	L-Aspartic acid	8.6mM	Pyridoxal-5'-phosphate	0.77mM
				α-Ketoglutaric acid	7.9mM
				Fast Blue BB salt	0.11%(W/V)
GK	4.5mM Tris-HCl pH4.8	Glucose	38mM	NADP	0.14mM
				MTT	0.22mM
				PMS	0.059mM
				ATP	1.5mM
				G-6-PD ⁷⁾	10units
				MgCl ₂	9.0mM
PGM	45mM Tris-HCl pH8.0	D-Glucose-1-phosphate	4.2mM	NADP	0.14mM
				MTT	0.22mM
				PMS	0.059mM
				MgCl ₂	8.8mM
				G-6-PD	10units
EST	0.1M Phosphate pH5.6	α-Naphtyl acetate	1.9mM	Ethanol	2.9%(V/V)
		α-Naphtyl propionate		Fast Blue RR salt	
			0.97mM		0.097%(W/V)

Continued table

LAP	0.2M Tris-maleate pH6.0	L-Leucyl β -naphthylamide 0.67mM	Fast Black K salt 0.057%(W/V)
AAP	0.2M Tris-maleate pH6.0	L-Alanine β -naphthylamide 4.6mM	Dimethylsulfoxide 0.25mM
			Fast Black K salt 0.059%(W/V)

- 1) β -Nicotinamide adenine dinucleotide phosphate
- 2) Tetrazolium bromide
- 3) Phenazine methosulfate
- 4) β -Nicotinamide adenine dinucleotide
- 5) Nitroblue tetrazolium
- 6) β -Nicotinamide adenine dinucleotide, reduced form
- 7) Glucose-6-phosphate dehydrogenase

表 2-4. 染色時間と温度

Table 2-4. Staining times and its incubated temperature, and post-staining treatments

Enzyme system	Time (min.)	Temperature (°C)	Post-staining treatment	
			Stopping ¹⁾	Fixation ²⁾
SHDH	10	37	○	○
6PGD	15	37	○	○
G6PD	10	37	○	○
GDH	30	37	○	○
DIA	30	37	○	○
POD	60	Room T.	-	○
GOT	30	Room T.	-	-
GK	60	37	○	○
PGM	15	37	○	○
EST	60	37	-	○
LAP	15	37	-	-
AAP	40	37	-	○

¹⁾ The staining reactions were stopped in 2% acetic acid solution.

²⁾ The polyacrylamide gels were fixed in 50% ethanol solution.

表 2-5. 分析に用いた酵素種とそれらの略号およびE. C. 番号
 Table 2-5. Investigated enzymes, the abbreviations (Abbrev.) and
 their Enzyme Commission Number(E. C. No.)

NO.	Enzyme system	Abbrev.	E. C. No.
1.	Shikimate dehydrogenase	ShDH	1. 1. 1. 25
2.	6-Phosphogluconate dehydrogenase	6PGD	1. 1. 1. 44
3.	Glucose-6-phosphate dehydrogenase	G6PD	1. 1. 1. 49
4.	Glutamate dehydrogenase	GDH	1. 4. 1. 2
5.	Diaphorase	DIA	1. 6. 4. 3
6.	Peroxidase	POD	1. 11. 1. 7
7.	Glutamate oxaloacetate transaminase	GOT	2. 6. 1. 1
8.	Glucokinase	GK	2. 7. 1. 2
9.	Phosphoglucomutase	PGM	2. 7. 5. 1
10.	Esterase	EST	3. 1. 1
11.	Leucine aminopeptidase	LAP	3. 4. 11. 1
12.	Alanine aminopeptidase	AAP	3. 4. 11. 1

染色後各バンドの相対移動距離 Rf 値 (Relative value to the front) を測定するためにブロム・フェノール・ブルー溶液 (5mM トリス・38mM グリシン緩衝液、0.02% B. P. B) をゲル溝に添加した。

3) ゲルの染色、固定

電気泳動終了後、表2-3に示した組成の染色液で、表2-4に示した時間と温度でゲルの染色を行った。染色後、染色反応の停止と固定を行った。その後、ゲルの保存を図るため、湿らしたセロハンに挟み自然乾燥しフィルム状にし、保存した。

第3節 結果および考察

23家系について、葉組織におけるアイソザイムの遺伝を12酵素種について調べた (表2-5)。これらの酵素種では鮮明なバンドパターンが得られた。グルタミン酸脱水素酵素 (GDH) ・アラニンアミノペプチダーゼ (AAP) の両酵素種では変異はみられなかったが、他の10酵素種ではバンドパターンに変異が見られた。23家系で調査し、交雑に用いたすべての親の遺伝子型を推定した。表2-6に示したように複数の遺伝子座においてヘテロ接合の遺伝子型を持った両親間の交雑による11家系での分離について統計的な解析を行った。これらの解析の結果、14の遺伝子座を検出する事ができた。

1. シキミ酸脱水素酵素 (Shikimate dehydrogenase) (ShDH)

シキミ酸脱水素酵素 (ShDH) を染色したゲルで活性のあるバンドが観察でき、ゾーン1とゾーン2に分けることができた。泳動の遅いゾーン1ではその分離比は1:2:1によく適合した。Rf 26のシングルバンド、Rf 26・30のダブルバンド、Rf 30のシングルバンドの表現型はモノマー型の遺伝様式であった。

ゾーン1の分離において、美保 1の自殖家系ではG-検定で期待値からの有意な差はなかったが、2家系 (前橋 13×三保 1、片浦 5×札郷 2) は表2-6に示すよう



図2-1. シキミ酸脱水素酵素 (ShDH) の *Shd-1* と *Shd-2* 遺伝子座で観察されたアイソザイムのバンドパターン

Fig. 2-1. Isozyme banding patterns observed at *Shd-1* and *Shd-2* loci of shikimate dehydrogenase (ShDH).

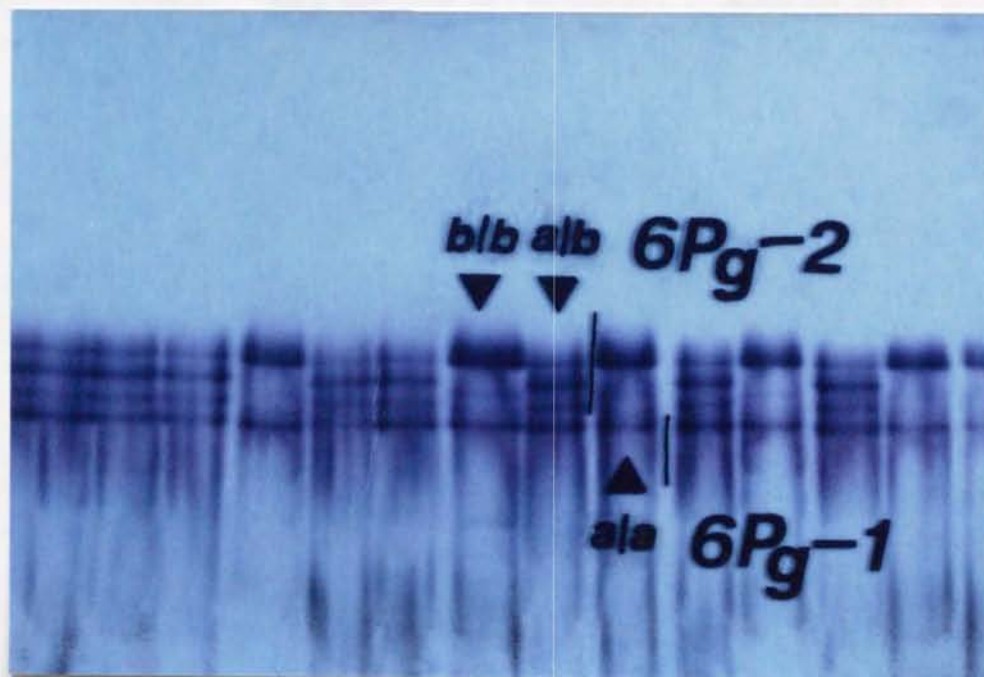


図2-2. 6-ホスホグルコン酸脱水素酵素 (6PGD) の *6Pg-1* と *6Pg-2* 遺伝子座で観察されたアイソザイムのバンドパターン

Fig. 2-2. Isozyme banding patterns observed at *6Pg-1* and *6Pg-2* loci of 6-phosphogluconate dehydrogenase (6PGD).

表2-6. 9遺伝子座に於ける遺伝子型の分離比とその期待値への適合性

Table 2-6. Segregation in genotypes for 9 isozyme loci and the goodness of fit to the expected ratios

Enzyme locus	Family	Genotype of parent	Segregation			Expected ratio	G-test G (df) (P)
			aa	ab	bb		
<i>Shd-1</i>	Miho 1 Self	<i>ab</i>	27	39	14	1:2:1	4.2 (2)(.13)
	Maebashi 13 x Miho 1	<i>ab</i> x <i>ab</i>	37	23	40	1:2:1	30.69(2)($<.01$)**
	Kataura 5 x Fudago 2	<i>ab</i> x <i>ab</i>	17	18	5	1:2:1	7.20(2)(.03)*
<i>Shd-2</i>	Maebashi 13 x Miho 1	<i>ab</i> x <i>ab</i>	17	49	34	1:2:1	7.78(2)(.06)
<i>6Pg-2</i>	A ¹⁾ x B ¹⁾	<i>ab</i> x <i>ab</i>	12	28	20	1:2:1	2.26(2)(.33)
	Tokyo 6 Self	<i>ab</i>	7	19	14	1:2:1	2.44(2)(.03)*
<i>G6p</i>	Maebashi 13 x Miho 1	<i>ab</i> x <i>bb</i>		53	47	1:1	0.36(1)(.55)
	Kuno 2 x C ¹⁾	<i>ab</i> x <i>ab</i>	15	25	10	1:2:1	0.99(2)(.61)
	Izu 5 x Fuji 5	<i>aa</i> x <i>ab</i>	51	49		1:1	0.40(1)(.85)
	Kataura 5 x Fudago 2	<i>bb</i> x <i>ab</i>		17	23	1:1	0.89(1)(.35)
	A ¹⁾ x B ¹⁾	<i>ab</i> x <i>ab</i>	11	32	17	1:2:1	1.55(2)(.47)
	Tokyo 6 Self	<i>ab</i>	5	27	8	1:2:1	5.61(2)(.06)
	Izu 4 Self	<i>ab</i>	12	34	14	1:2:1	1.21(2)(.55)
	Tokyo 30 Self	<i>ab</i>	15	36	9	1:2:1	3.89(2)(.15)
	Maebashi 13 x Miho 1	<i>ab</i> x <i>bb</i>		55	45	1:1	3.64(1)(.06)
	Kuno 2 x C ¹⁾	<i>ab</i> x <i>ab</i>	7	38	15	1:2:1	7.22(2)(.03)*
	Izu 5 x Fuji 5	<i>ab</i> x <i>bb</i>		46	54	1:1	0.64(1)(.43)
	Akimoto 1 x Tokyo 36	<i>ab</i> x <i>bb</i>		14	16	1:1	0.13(1)(.72)
	<i>Dia-1</i>	Katakura 5 x Fudago 2	<i>bb</i> x <i>ab</i>		16	24	1:1
<i>Pod</i>	A ¹⁾ x B ¹⁾	<i>aa</i> x <i>ab</i> ¹⁾	29	31		1:1	1.06(1)(.31)
<i>Got-1</i>	A ¹⁾ x B ¹⁾	<i>ab</i> x <i>bb</i> ¹⁾	26	34		1:1	0.07(1)(.80)
	Maebashi 13 x Miho 1	<i>ab</i> x <i>bb</i>		51	49	1:1	0.04(1)(.85)
	Kuno 2 x C ¹⁾	<i>bb</i> x <i>ab</i>		22	38	1:1	4.28(1)(.04)*
<i>GK</i>	Izu 5 x Fuji 5	<i>ab</i> x <i>aa</i>	27	21		1:1	0.74(1)(.39)
	Izu 5 x Izu 4	<i>ab</i> x <i>aa</i>	22	26		1:1	0.33(1)(.57)
<i>Pgm</i>	Miho 1 Self	<i>ab</i>	18	47	15	1:2:1	2.71(2)(.26)
	Maebashi 13 x Miho 1	<i>aa</i> x <i>ab</i>	46	54		1:1	0.64(1)(.43)
	Kataura 5 x Fudago 2	<i>ab</i> x <i>aa</i>	18	22		1:1	0.40(1)(.53)

¹⁾ Name of each parent was unknown.

* Significant at 5% level.

** Significant at 1% level.

に有意な差があった。この原因として致死遺伝子の介在や、交雑時の汚染などが考えられるが今回はそれらを明らかに出来なかった。

泳動の早いゾーン2では3つの表現型の分離比が期待値とよく合致した。これらの結果から、ShDHアイソザイムは2つの遺伝子座 *Shd-1* と *Shd-2* によって支配されていると推測された。

他の針葉樹のShDHについては、Nealら(1984)が *Pseudotsuga menziesii* で1つの遺伝子座を報告し、Pitelら(1987)も *Picea mariana* で1つの遺伝子座を報告している。Tsumura et al.(1989)は *Cryptomeria japonica* で2つの遺伝子座を報告している。

2. 6-ホスホグルコン酸脱水素酵素(6-Phosphogluconate dehydrogenase)

(6PGD)

ゲルの染色で活性がある2つのゾーンを観察した。泳動の遅いゾーン1は、常にシングルバンド(Rf 28)がみられ、表現型に変化はなかった。速い方の泳動ゾーン2には3つの表現型があり、シングルバンド・トリプルバンド・シングルバンドが観察された。6家系のうち3家系は、シングルバンド(Rf 29)とトリプルバンド(Rf 29・31・33)とシングルバンド(Rf 33)の分離比が1:2:1であった。残りの3家系はシングルバンドとトリプルバンドの分離比は1:1であった。

この6家系のすべての分離比は期待分離比とよく合致した(表2-6)。したがって、6PGDアイソザイムは2つの遺伝子座で支配され、6Pg-2はダイマー型の遺伝様式をもつことがわかった。

Cheliak and Pitel(1984)は *Picea glauca* の6PGDは2つの遺伝子座で支配されていることを報告している。Tsumura et al.(1989)は *Cryptomeria japonica* で6PGDが2つの遺伝子座で支配されており、これらの酵素タンパク質はダイマー型構造を持っていると報告した。

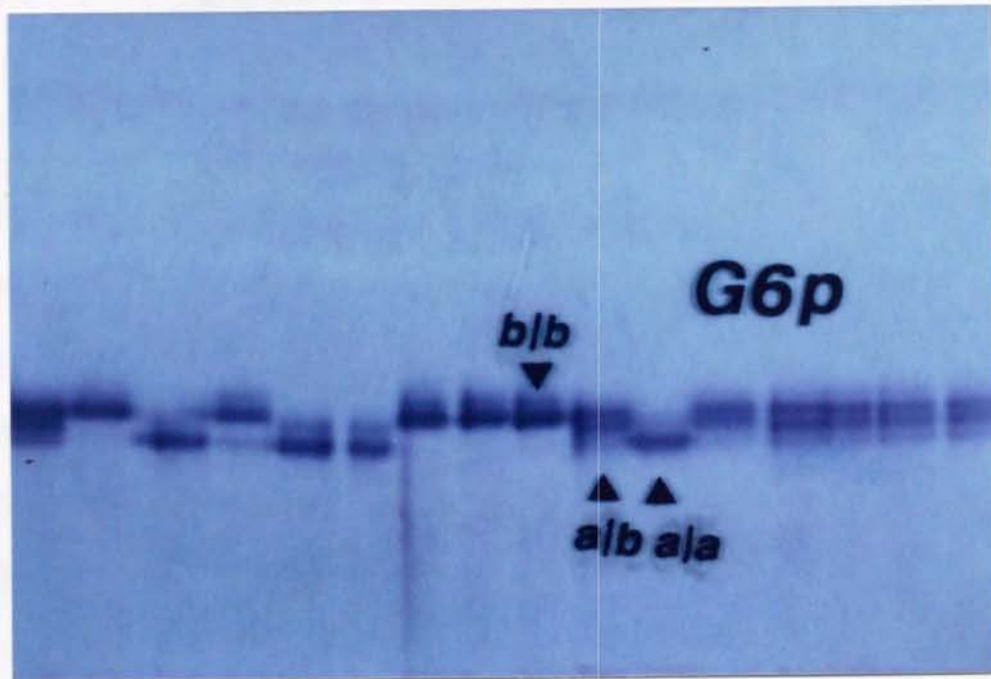


図 2-3. グルコース-6-リン酸脱水素酵素 (G6P) の *G6p* 遺伝子座で観察された
アイソザイムのバンドパターン

Fig.2-3. Isozyme banding patterns observed at *G6p* locus of
glucose-6-phosphate dehydrogenase(G6P).

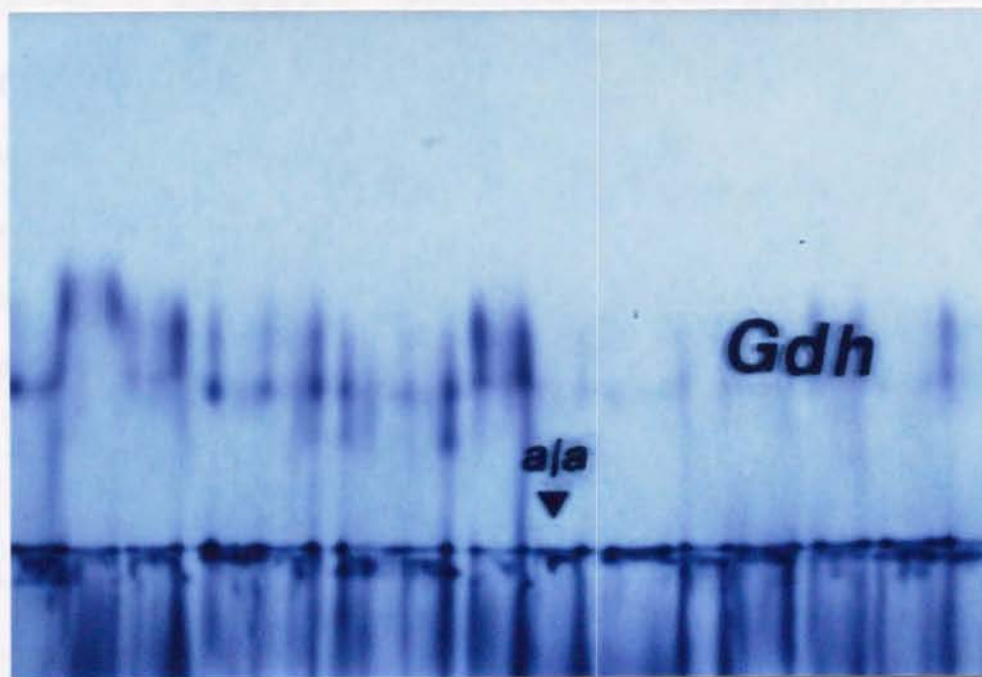


図 2-4. グルタミン酸脱水素酵素 (GDH) の *Gdh* 遺伝子座で観察された
アイソザイムのバンドパターン

Fig.2-4. Isozyme banding patterns observed at *Gdh* locus of
glutamate dehydrogenase(GDH).

3. グルコース-6-リン酸脱水素酵素(Glucose-6-phosphate dehydrogenase)

(G6PD)

グルコース-6-リン酸脱水素酵素(G6PD)を染色したゲルでは3つの表現型のバンド(Rf 30, Rf 30・32・33, Rf 33)を持った1つのゾーンを観察した。8家系の内の5家系の分離比は大体1:2:1であり、残りの3家系の分離比は1:1であり、いずれも期待分離比からの偏りはなかった。これらの結果からG6PDアイソザイムは1つの遺伝子座で、ダイマー型構造をもっていることがわかった。

Neal et al.(1984)は *Pseudotsuga menziesii* の針葉のG6PDにおいて1つの遺伝子座を報告し、Cheliak and Pitel(1984)は、*Picea glauca* で1つの遺伝子座を報告している。

4. グルタミン酸脱水素酵素(Glutamate dehydrogenase)(GDH)

調査した全ての交雑家系で、グルタミン酸脱水素酵素(GDH)を染色したゲルでは1本のバンド(Rf 13)が観察された。多くの針葉樹で同様な結果が報告されており、例えば、*Cryptomeria japonica* (Tsumura et al. 1989)・*Abies balsamea* (Neal and Adams 1981)・*Pinus albicaulis* (Furnier et al. 1986)・*Calocedrus decurrens* (Harry 1986)・*Picea glauca* (Cheliak and Pitel 1984)・*Picea mariana* (Pitel et al. 1987)などである。これらの樹種では1つの遺伝子座で支配されており、ヒノキ針葉のGDHもまた1つの遺伝子で支配されていると考えられる。

5. ジアホラーゼ(Diaphorase)(DIA)

ジアホラーゼ(DIA)酵素の染色では活性のある2つのゾーンが観察された。泳動の遅いゾーン1では、2つの表現型があり、泳動の速いゾーン2では常に1本のバンド(Rf 46)が観察された。ゾーン1の分離比は1本のバンド(Rf 43)と3~5本

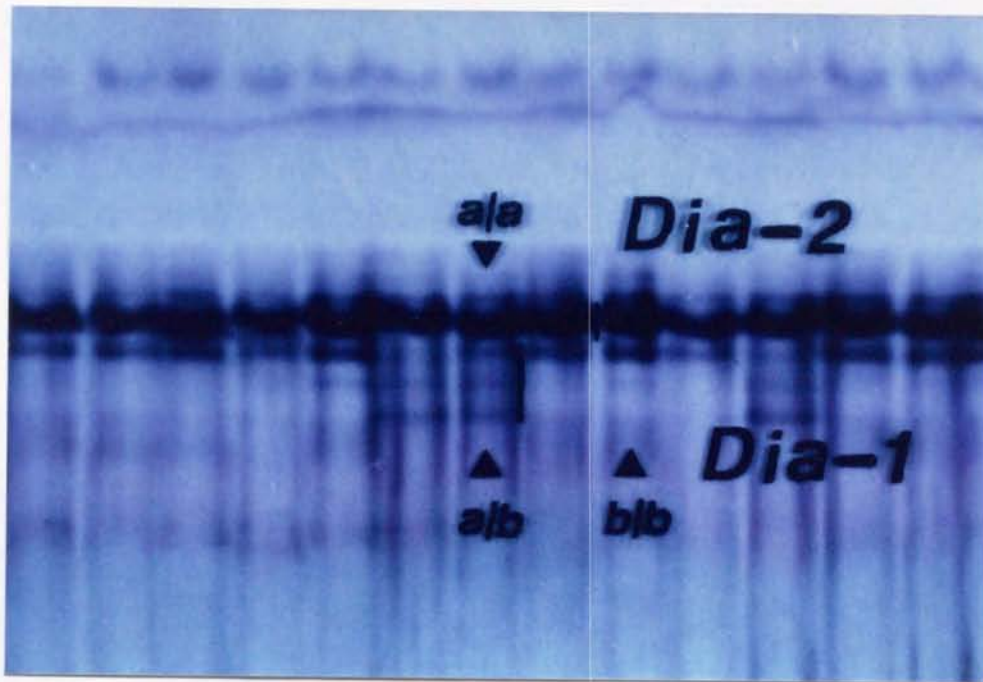


図2-5. ジアホラーゼ (DIA) の *Dia-1* と *Dia-2* 遺伝子座で観察された
アイソザイムのバンドパターン

Fig.2-5. Isozyme banding patterns observed at *Dia-1* and *Dia-2* loci of
diaphorase.

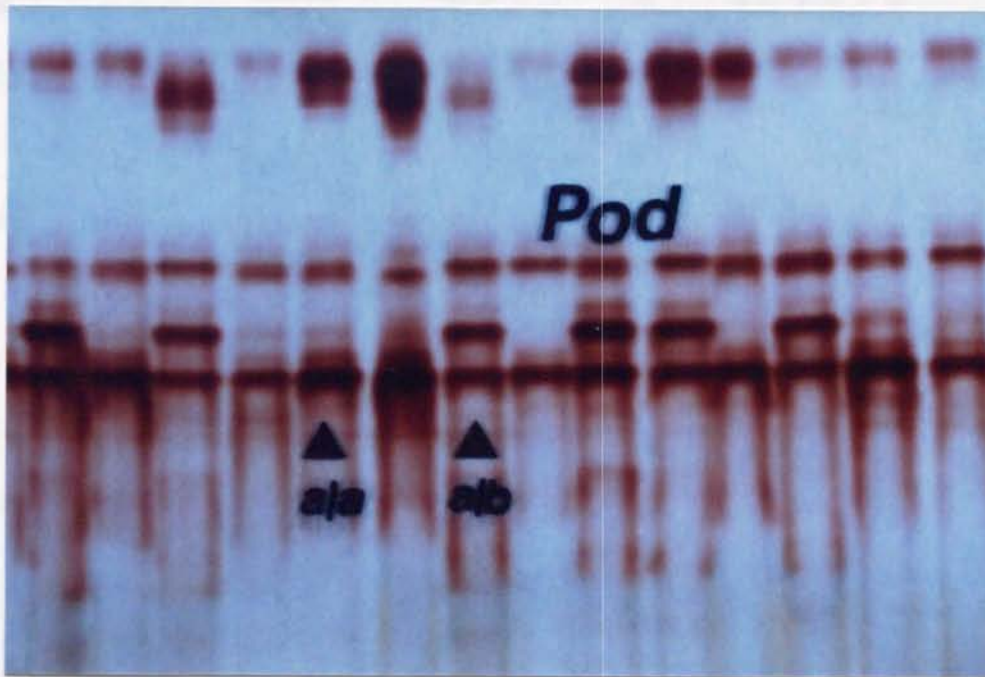


図2-6. パーオキシダーゼ (POD) の *Pod* 遺伝子座で観察された
アイソザイムのバンドパターン

Fig.2-6. Isozyme banding patterns observed at *Pod* locus of
peroxidase(POD).

のバンドの分離比が1:1に近かった。片浦 2 x 札幌 2の分離比は期待分離比からの偏りを示さなかった。これらの結果から、DIAアイソザイムは2つの遺伝子座に支配されていると推定した。3本のバンド (Rf 37・40・43) は明瞭に観察されたが、残りの2本のバンドがかすかで不安定であったため、この構造がダイマー型かテトラマー型かのどちらなのかを定めることが出来なかった。

6. パーオキシダーゼ (Peroxidase) (POD)

パーオキシダーゼ (POD) を染色したゲルでは、染色の薄いものを含めて、少なくとも14本のバンドを観察することができた。A x Bの家系のみで分離が観察され、この分離比は、シングルバンド (Rf 36) とダブルバンド (Rf 36・40) の表現型で1:1に近かった。これは期待分離比1:1からの偏りはなかった。この結果から、このゾーンのバンドは1つの遺伝子座の2つの対立遺伝子によって支配されており、その酵素タンパク質はモノマー型の構造をとると推定した。

この遺伝子座は 白石・上中(1983)によって報告されている *Pod* 遺伝子座と同一であると考えられる。

7. アスパラギン酸アミノ転移酵素 (Glutamate oxaloacetate transaminase) (GOT)

アスパラギン酸アミノ転移酵素 (GOT) を染色したゲルで3本のバンドを持った1つのゾーンを観察した。このゾーンでは1本のバンド (Rf 42) を持つものと3本のバンド (Rf 39・40・42) をもつ2つの表現型が見られた。3家系での分離比は、ほぼ1:1であった。これらはメンデルの比によく合致した。したがって、1つの遺伝子座がGOTを支配しており、ダイマー型の分離をしていた。白石ら(1986)は、GOTアイソザイムはヒノキ針葉で1つの遺伝子座で支配されていることを報告しており、この遺伝子座は我々が検出したものと同じものであると思われる。

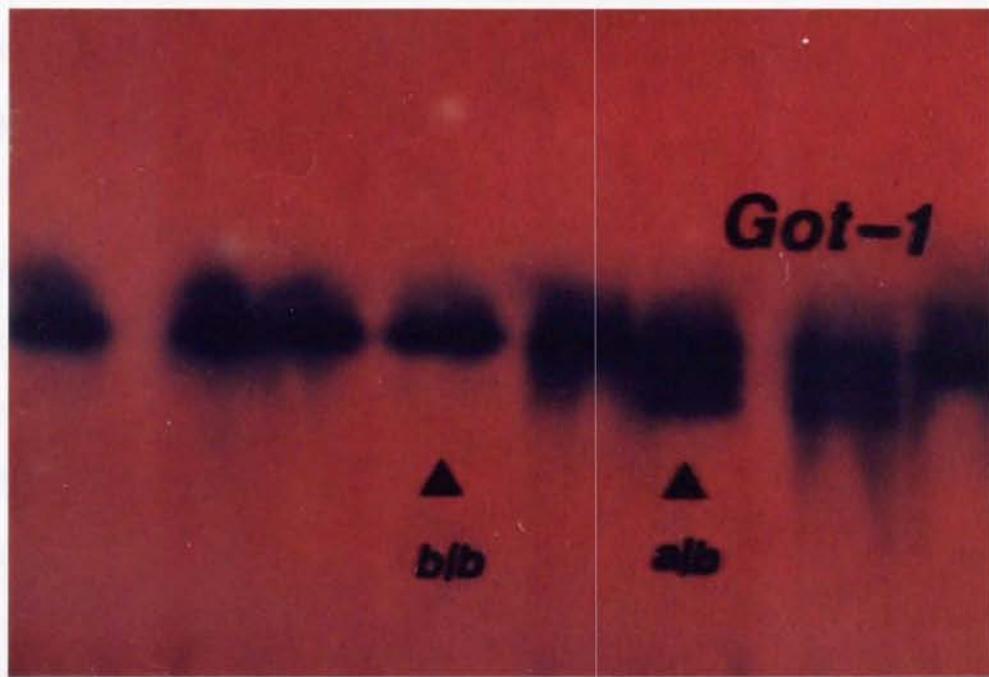


図2-7. アスパラギン酸アミノ転移酵素 (GOT) の *Got-1* 遺伝子座で
観察されたアイソザイムのバンドパターン

Fig.2-7. Isozyme banding patterns observed at *Got-1* locus of
glutamate oxaloacetate transaminase(GOT).

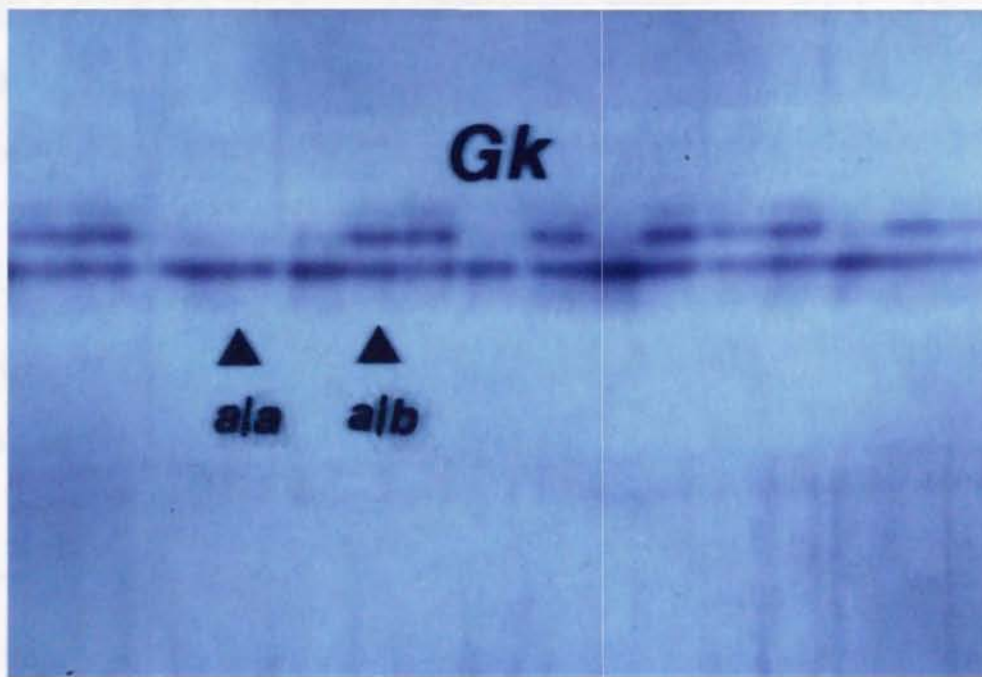


図2-8. グルコキナーゼ (GK) の *Gk* の遺伝子座で観察された
アイソザイムのバンドパターン

Fig.2-8. Isozyme banding patterns observed at *Gk* locus of
glucokinase(GK).

この遺伝子分析を行った後、多数のヒノキ針葉のアイソザイム分析を行っている過程で、泳動の速いゾーンのアイソザイムを支配する遺伝子座を確認したため、この遺伝子分析での遺伝子座を *Got-1* とした。

8. グルコキナーゼ (Glucokinase) (GK)

グルコキナーゼ (GK) を染色したゲルで1つの活性のあるゾーンが見られた。2つの家系ではシングルバンド (Rf 53) とダブルバンド (Rf 53・56) の表現型で約1:1の分離比で観察された。これら家系の G-検定は期待分離比からの偏りはなく、これらの結果から、GKが1つの遺伝子座で支配され、モノマー型の遺伝様式構造をもっていると考えられた。

9. ホスホグルコムターゼ (Phosphoglucumutase) (PGM)

ホスホグルコムターゼ (PGM) を染色したゲルでは、1つの活性あるゾーンが観察された。3家系が分離を示し、それらの1家系は3つの表現型をもっており、1本の移動度の遅いバンド (Rf 50) とダブルバンド (Rf 50・52) と1本の移動度の速い泳動バンド (Rf 52) があった。他の2家系では、2つの表現型 (Rf 50, Rf 50・52) をもち、分離比は大体1:1であった。メンデルの期待分離比からの偏りはなく、それ故、PGMアイソザイムは1つの遺伝子座の支配と考えられる。

Picea glauca (Cheliak and Pitel 1984) と *Picea mariana* (Pitel et al. 1987) の葉組織でも PGM はモノマー型の遺伝様式をもち1つ遺伝子座の支配下にある。

10. エステラーゼ (Esterase) (EST)

エステラーゼ (EST) を染色したゲルでは発色の薄いものも含めて最低12本のバンドが観察された。メンデル遺伝に従った分離は1つのゾーンの中で2本のバンドについてだけ明らかに認められた。活性のあるダブルバンドとバンドのない表

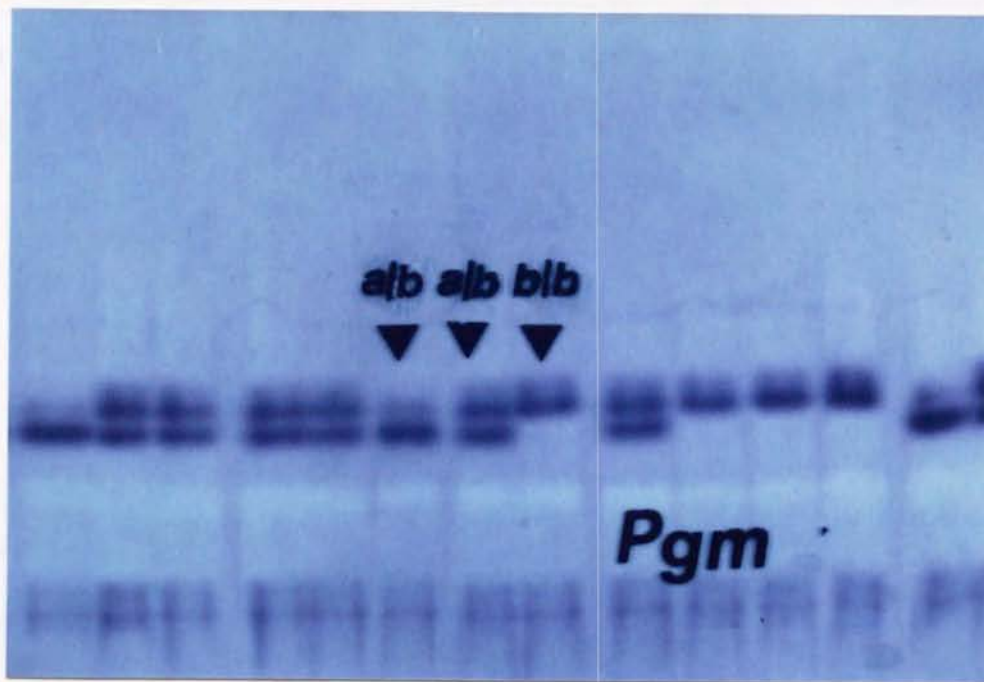


図2-9. ホスホグルコムターゼ (PGM) の *Pgm* の遺伝子座で
観察されたアイソザイムのバンドパターン

Fig. 2-9. Isozyme banding patterns observed at *Pgm* locus of
phosphoglucomutase (PGM).

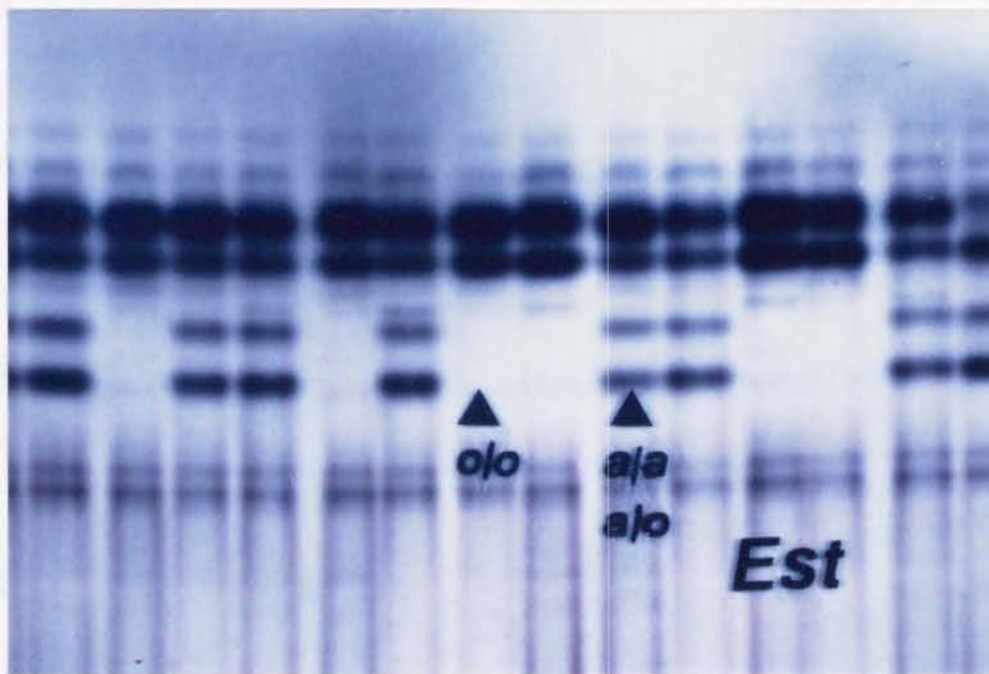


図2-10. エステラーゼ (EST) の *Est* 遺伝子座で観察された
アイソザイムのバンドパターン

Fig. 2-10. Isozyme banding patterns observed at *Est* locus of
esterase (EST).

現型とが7家系で観察された。7家系中6家系は大体3:1の比率で分離された。他の1家系では約1:1であった。もし、バンドがないものが不活性型 (null) の対立遺伝子で支配されているならば、分離比はヘテロの樹木間の交配家系では3:1になる。このことは、家系のG-検定の値が1つの家系を除いて有意ではなかったことから確認された(表2-7)。したがって、ESTアイソザイムは不活性型の対立遺伝子を持った少なくとも1つの遺伝子座の支配下にあることがわかった。

11. ロイシンアミノペプチダーゼ(Leucine aminopeptidase) (LAP)

ロイシンアミノペプチダーゼ(LAP)を染色したゲルでは1つのゾーンが観察された。このゾーンでは1つの活性あるバンドと活性のないバンドの2つの表現型が見られた。伊豆5 x 富士5の家系のみで分離が見られ、その分離比は約3:1で、期待分離比からの偏りは示さなかった。それ故、LAPアイソザイムは少なくとも1つの遺伝子座によって支配されていることがわかった。

Tsumura et al.(1989)は、*Cryptomeria japonica*では少なくとも1つの遺伝子座でLAPが支配されていると報告している。しかし、他の針葉樹の品種では、2つの遺伝子座が見いだされている(Adams and Joly 1980, Furnier et al. 1986, Lundkvist 1974, Pitel et al. 1987)。

以上、ヒノキ針葉の遺伝子分析によって検出されたアイソザイム遺伝子座および遺伝子型は図2-1の通りである。*Pod*・*Got-1*の2遺伝子座とそれらの4対立遺伝子を除いた12遺伝子座、すなわち、*Shd-1*・*Shd-2*・*6Pg-1*・*6Pg-2*・*G6p*・*Gdh*・*Dia-1*・*Dia-2*・*Gk*・*Pgm*・*Est*・*Lap*で計21対立遺伝子は本研究で検出されたものである。

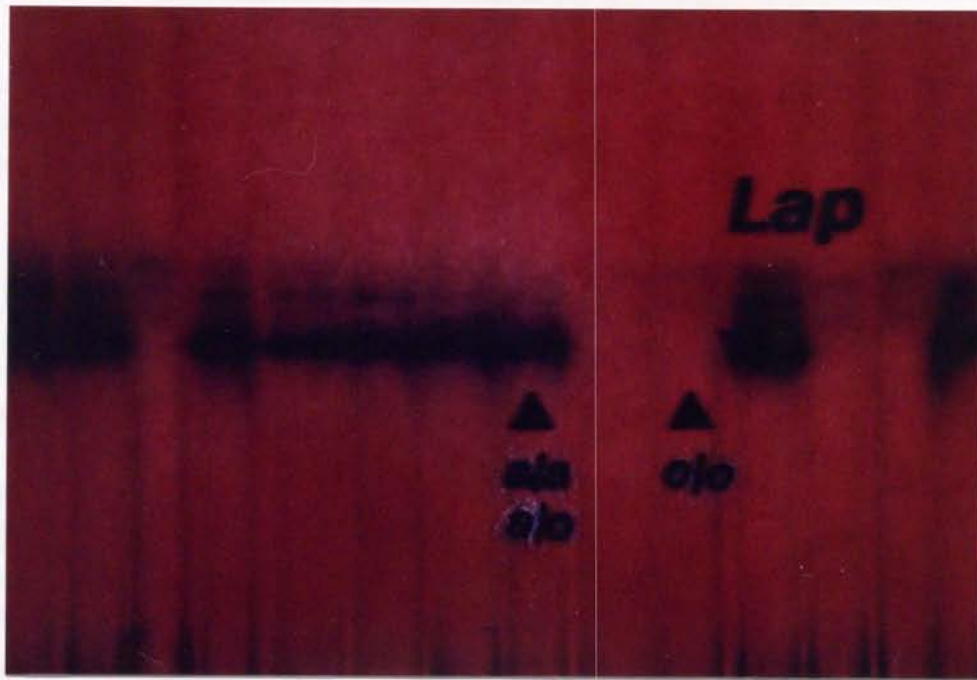


図 2-11. ロイシンアミノペプチダーゼ (LAP) の *Lap* 遺伝子座で観察された
アイソザイムのバンドパターン

Fig. 2-11. Isozyme banding patterns observed at *Lap* locus of
leucine aminopeptidase(LAP).

表2-7. ヌルの対立遺伝子をもった *Est* と *Lap* 遺伝子座の遺伝子型の分離と期待比への適合性

Table 2-7. Segregation in genotypes for *Est* and *Lap* loci with null allele and the goodness of fit to the expected ratios

Enzyme locus	Family	Genotype of parent	Segregation		Expected ratio	G-test G (df) (P)
			active	null		
<i>Lap</i>	Izu 5 x Fuji 5	<i>ao</i> x <i>ao</i>	77	23	3 : 1	0.22 (1)(.65)
<i>Est</i>	Miho 1 self	<i>ao</i>	68	12	3 : 1	4.73 (1)(.03)*
	A ¹³ x B ¹³	<i>ao</i> x <i>ao</i>	34	6	3 : 1	2.35 (1)(.13)
	Tokyo 30 self	<i>ao</i>	73	23	3 : 1	0.21 (1)(.65)
	Izu 4 self	<i>ao</i>	47	13	3 : 1	0.36 (1)(.55)
	Maebashi 13 x Miho 1	<i>ao</i> x <i>ao</i>	74	24	3 : 1	0.05 (1)(.81)
	Kuno 2 x C ¹³	<i>ao</i> x <i>ao</i>	44	16	3 : 1	0.09 (1)(.77)
	Akimoto 1 x Tokyo 36	<i>ao</i> x <i>oo</i>	13	18	1 : 1	1.09 (1)(.28)

¹³ Name of each parent was unknown.

* Significant at 5% level.

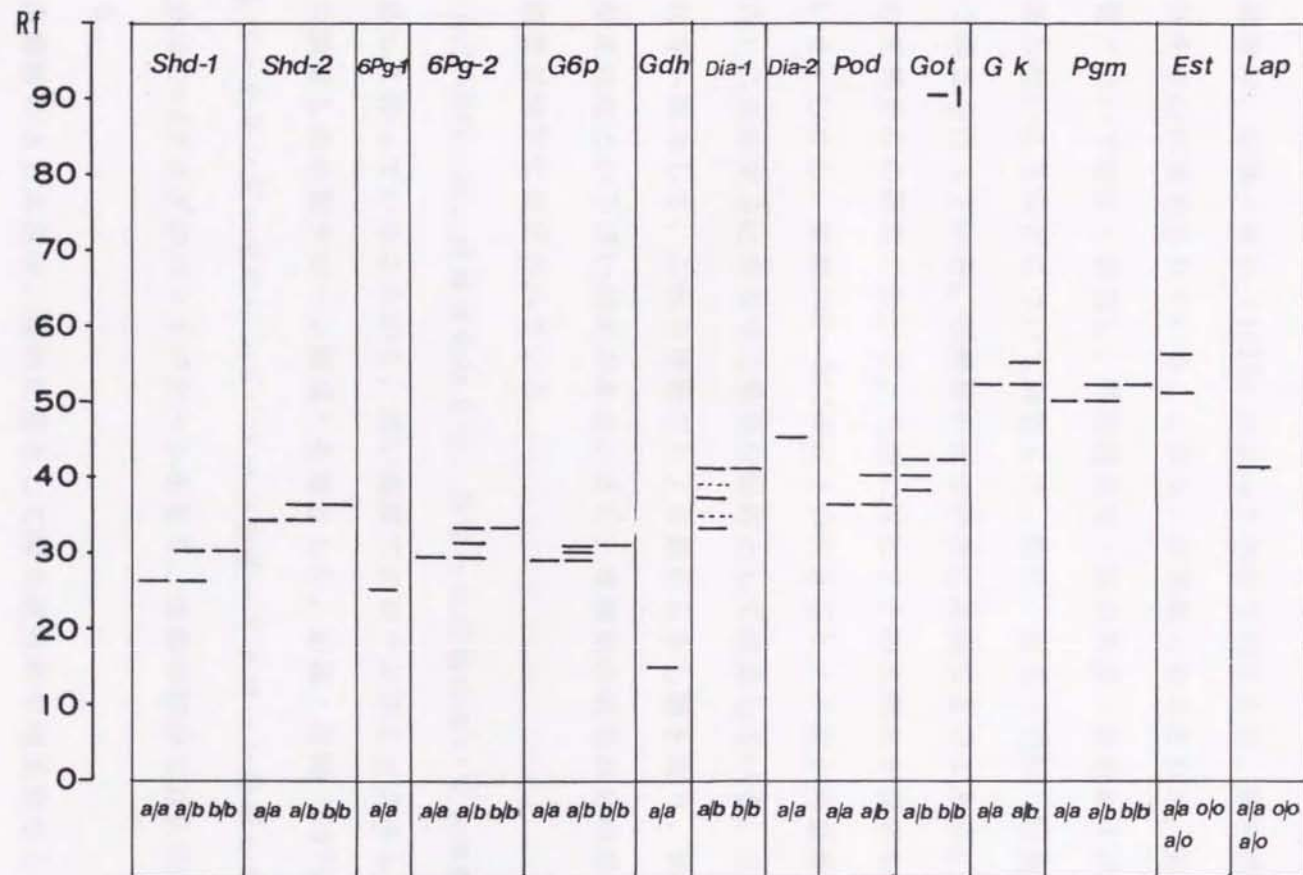


図 2-12. 調査したヒノキ 11 家系で観察された 11 酵素種のバンドパターンとその遺伝子型

Fig.2-12. Banding patterns for 11 enzyme systems observed in 11 families examined in hinoki, *Chamaecyparis obtusa* and their genotypes.

第3章 ヒノキサシ木品種、南郷檜のアイソザイムによるクローン分析

第1節 はじめに

南郷檜は、熊本県の阿蘇地方に江戸時代頃から直さし、あるいはさし木苗で植栽されているヒノキ (*Chamaecyparis obtusa*) で、日本で唯一のヒノキサシ木在来品種である。

この南郷檜は、佐藤・宮島(1956)によって初めて報告され、熊本県の阿蘇地方の南郷谷を中心に植栽されていることから、南郷檜と命名された。彼らは南郷檜の諸性質について幅広く研究し、幹の通直性・枝の角度・材色および品質、徳利病に罹病しないことなどについて調査した。特に、宮島(1962)は南郷檜について詳しく調査を行っている。南郷檜の材は非常に高価なものである。

ヒノキの天然分布の研究において、九州にはヒノキの天然林が現存しないことが判っている。しかし、樹齢100~200年以上の大きなヒノキ樹が阿蘇地方(阿蘇谷と南郷谷)に点在する社寺の中で神聖な樹林として成長している。これには古くから、社寺へ献木して、これら神聖なヒノキ樹からさし穂を取り、直さして造林し、成林させたという言い伝えがある。また、南郷檜の成熟林分の分布は、ほとんどは南郷谷地区に限定されている。

宮島(1962, 1989)は、南郷檜の林分は、異なった立地においても南郷檜の性質を終始一貫して持っていることから、高い純度でクローンがミックスしていること(特性の類似した小数クローン構成)を報告した。田島・宮崎(1973)は南郷檜4林分をパーオキシダーゼのバンドパターンを使ってクローン分析した。この結果、各林分は2~4タイプのバンドパターンをもち、全部の林分では9パターンを識別している。

現在、南郷檜のさし木苗は、優れた苗として熊本県内外や埼玉県などでも人工造林に使われている。さし木苗は、地元の数人の苗木生産者により自前の採穂園からのさし穂で育成されているが、毎年10万本程度の生産規模で販売されている。

ヒノキのアイソザイムの遺伝変異に関しては、Shiraishi et al. (1987) が *Pod*・*Got* で報告し、Uchida et al. (1991) が既に11酵素種14遺伝子座で25対立遺伝子を報告している。

この研究は、社寺境内にある100年以上のヒノキ老齢樹群と成熟林分および3人の苗木業者から入手したさし木苗の3つの樹齢グループで、これらの針葉に分布する酵素種を使って南郷檜のクローン構成を明らかにする目的で行った (Uchida et al. 1993a)。

第2節 材料および方法

南郷檜は細川藩時代から直さしあるいはさし木苗で造林されてきた混合クローン系であるのでアイソザイム遺伝子型が同一の個体は同一クローンに属するものとして区分けするものとした。ヒノキ老齢樹は阿蘇谷、南郷谷地区に点在する9つの神社と1つの寺にある境内樹林の老齢樹群の43個体から針葉を採取した (社寺林) (表3-1)。

南郷檜の5成熟林分は、久木野村 (2林分)・高森町 (2林分)・波野村 (1林分) で選定した (成熟林分) (表3-2)。各々の成熟林分からは、ランダムに22~64の個体を選定し、針葉を採取した。また、アイソザイム遺伝子型の比較のため久木野村の実生の林分からも針葉を採取した (実生林分)。前述の老齢樹のある神社、寺および成熟林分の位置は図3-1に示した。

将来の個々の樹木の各種調査に備え、針葉を採取し、アイソザイム分析を完了した社寺林と成熟樹の各個体には番号札をつけ、それらの個体の配置図を作成した。

さし木苗については、3人の苗木生産者から100本ずつ計300本の苗を購入し、混ぜずに別々に育成した。これらのさし木苗から生産業者別に各72個体の針葉を採取した (さし木苗)。これら苗木生産者はそれぞれ自前の南郷檜の採穂園を持

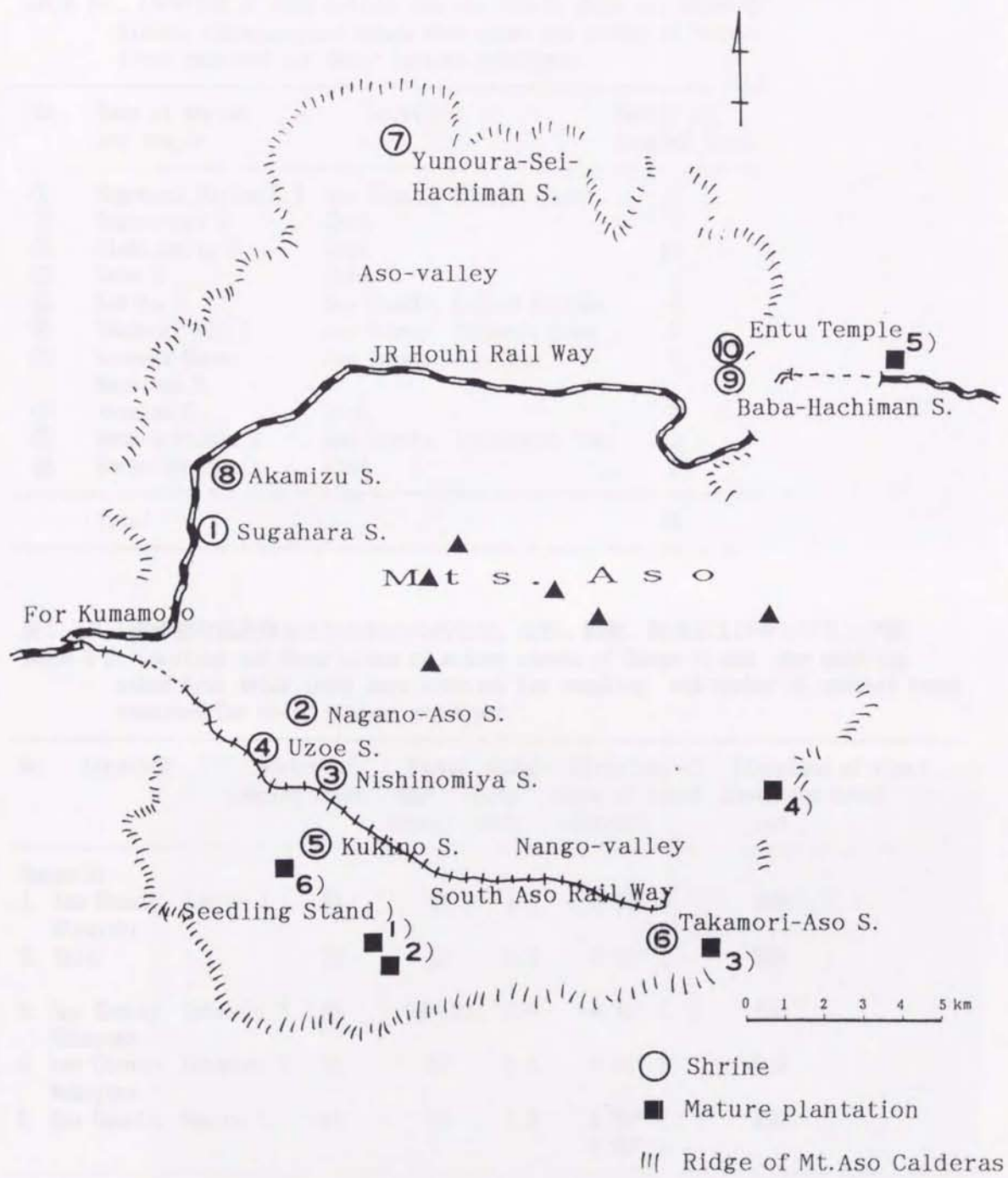


図3-1. アイソザイム分析の葉を採取した9神社、1寺および6成熟林分の所在位置図
 Fig.3-1. Location of 9 shrines and one temple, and 6 mature stands
 where leaves were sampled for isozyme analysis.

表3-1. ヒノキ老齡樹のある9神社と1寺およびそのヒノキの遺伝子型を調べた本数
 Table 3-1. Location of nine shrines and one temple where old trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa* were grown and number of hinoki trees examined for their isozyme genotypes

No.	Name of shrine and temple	Location	Number of sampled trees
①	Sugahara Shrine(S.)	Aso County, Chouyou Town	2
②	Nagano-Aso S.	Ibid.	1
③	Nishinomiya S.	Ibid.	17
④	Uzoe S.	Ibid.	1
⑤	Kukino S.	Aso County, Kukino Village	4
⑥	Takamori-Aso S.	Aso County, Takamori Town	5
⑦	Yunoura-Shou-Hachiman S.	Aso County, Aso Town	5
⑧	Akamizu S.	Ibid.	3
⑨	Baba-Hachiman S.	Aso County, Ichinomiya Town	3
⑩	Entsu Temple	Ibid.	2
Total			43

表3-2. 南郷檜の成熟林分と実生林分の所在地、面積、樹齡、標高およびサンプリング数
 Table 3-2. Location and description of mature stands of Nango-hi and one seedling stand from which trees were selected for sampling, and number of sampled trees examined for their isozyme genotypes

No.	Location	Number of sampled trees	Stand age (year)	Stand area (ha)	Direction of slope of stand (degree)	Elevation of stand above sea level (m)
Nango-hi						
1.	Aso County, Kukino V. Hisaishi	64	70	0.5	N 30° E	520
2.	Ibid.	59	60	0.3	N 30° E	520
3.	Aso County, Takamori T. Nakayama	62	70-100	0.6	N 20° E	620
4.	Aso County, Takamori T. Nakajima	22	50	0.4	N 30° W	640
5.	Aso County, Namino V.	61	70	0.9	S 80° E -N 20° E	850
Sub-total		268				
Seedling hinoki stand						
6.	Aso County, Kukino V. Hisaishi	63	60	0.45	N 30° E	440
Total		331				



図3-2. 高森阿蘇神社にある南郷檜

Fig.3-2. Nango-hi (*Chamaecyparis obtusa*) in a grove of Takamori-Aso Shrine.



図3-3. 高森町、中島の南郷檜林分(表3-2、No.4)の針葉のサンプリング

Fig.3-3. Sampling of needles in an artificial stand of Nango-hi (*Chamaecyparis obtusa*) in Takamori Town, Nakajima.

っており、それらの採穂園の状況を表3-3に示した。

採取した針葉は分析を行うまでポリエチレン袋にいれ、 -80°C で保管した。アイソザイムの分析は、Davis(1964)・Ornstein(1964)によって報告されているポリアクリルアミドスラブゲル垂直電気泳動法に、津村ら(1990)の改良を加えて行った。

個体別の針葉90mgを、液体窒素下で乳鉢で良くすりつぶし、その後70mgのポリビニールピロリドンを加え、良く攪拌する。抽出液(表2-2)を1mlを加え、素早く攪拌する。

上記の個々のサンプルは 0°C で40分間15,000回転で遠心分離し、その上澄液10 μl を電気泳動用に供した。7.5%の分離ゲルと3.75%の濃縮ゲルを使った。電気泳動は 4°C 、12.3mA/cm²で150分間行った。

泳動後、11の遺伝子座におけるアイソザイムバンドを検出するために津村ら(1990)の方法に従い9酵素種(表3-4)について染色した。

第3節 結果および考察

南郷檜は、栄養繁殖なので個体ごとのアイソザイム遺伝子型を使ってクローン分析をした。解析した全遺伝子座で同じ遺伝子型を示した個体は同じクローンとしてグループ分けを行った。

この過程において、新たに速い泳動のバンドが *Got-2* の遺伝子座に見いだされたことにより、表2-6における *Got* は *Got-1* とした。

表3-5には、実生の林分から採取した63個体のアイソザイム遺伝子型を示した。*Gdh*・*Got-2*・*Lap* の3遺伝子座では遺伝子型が全く同じであった。

Gk と *6Pg-1* の2遺伝子座ではわずかな変異を示した。残りの6遺伝子座、*G6p*・*Est*・*Pod*・*Got-1*・*6Pg-2*・*Pgm* についてはいろいろ変異が見られ、これら8遺伝子座を使うことによって、63個体は56の遺伝子型に区分けする事ができた。

表3-3. 民間の苗木生産者の採穂園の状況

Table 3-3. Description of three cutting stands(gardens) owned by private seedling growers

Seedling grower	Location	Stand age (year)	Stand area (ha)	Cutting collection
A	Aso County, Kukino Village	10	0.35	Annually
B	Ibid.	7	0.25	Annually
C	Ibid.	5 -12	0.35	Annually

表3-4. 南郷檜の分析に使用した酵素種 (省略記号・遺伝子座・E. C. 番号)

Table 3-4. Enzyme systems and loci analysed (abbreviation, loci and E. C. number)

No.	Enzyme system	Abbreviation	Locus	E. C. number
1	6-Phosphogluconate dehydrogenase	6PGD	<i>6Pg-1, -2</i>	1. 1. 1. 44
2	Glucose-6-phosphate dehydrogenase	G6PD	<i>G6p</i>	1. 1. 1. 49
3	Glutamate dehydrogenase	GDH	<i>Gdh</i>	1. 4. 1. 2
4	Peroxidase	POD	<i>Poxl</i>	1. 11. 1. 7
5	Glutamate oxaloacetate transaminase	GOT	<i>Got-1, -2</i>	2. 6. 1. 1
6	Glucokinase	GK	<i>Gk</i>	2. 7. 1. 2
7	Phosphoglucomutase	PGM	<i>Pgm</i>	2. 7. 5. 1
8	Esterase	EST	<i>Est</i>	3. 1. 1
9	Leucine aminopeptidase	LAP	<i>Lap</i>	3. 4. 11. 1
Total		9 enzymes	11 loci	

表3-5. ヒノキ実生林分の個体別のアイソザイム遺伝子型
 Table 3-5. Isozyme genotypes of individuals in one seedling stand of hinoki,
Chamaecyparis obtusa ENDL.

No. of individuals	Isozyme loci											Duplicated genotypes ¹⁾
	<i>Gdh</i>	<i>Got-2</i>	<i>Lap</i>	<i>Gk</i>	<i>GPg-1</i>	<i>G6p</i>	<i>Est</i>	<i>Pcd</i>	<i>Got-1</i>	<i>GPg-2</i>	<i>Pgm</i>	
1 A013	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a		a/- ²⁾	a/a	b/b	a/b	a/a	
2 A049	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a	a/b	a/b	a/b	
3 A023	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	a/b	a/b	a/a	
4 A032	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	b/b	a/b	a/b	
5 A035	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	b/b	a/a	a/a	
6 A043	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	b/b	a/b	a/a	
7 A004	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a	a/a	a/b	a/a	
8 A046	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a	a/b	a/a	a/b	
9 A051	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a	b/b	b/b	a/a	
10 A014	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a	b/b	a/a	a/a	
11 A012	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/b	a/a	a/b	a/b	
12 A044	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	a/b	a/a	a/a	
13 A025	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	a/b	a/a	a/a	
14 A060	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	a/b	a/b	a/a	
15 A036	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	a/b	a/b	a/b	
16 A039	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	b/b	a/a	a/a	
17 A056	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	b/b	a/b	b/b	
18 A061	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	b/b	a/b	a/b	
19 A028	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/b	a/a	a/b	a/b	
20 A005	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/b	a/b	a/b	a/a	
21 A001	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/b	a/b	a/a	a/a	
22 A042	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/b	b/b	a/a	a/b	
23 A011	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/b	b/b	a/b	a/a	
24 A064	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b		b/b	b/b	a/a	a/a	
25 A015	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a	a/a	a/b	a/b	
26 A031	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a	a/a	a/a	a/a	
27 A003	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a	a/b	a/b	a/a	
28 A002	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a	a/b	a/a	a/b	
29 A019	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a	b/b	a/a	a/b	
30 A059	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a	b/b	a/b	a/b	
31 A065	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/-	a/b	a/b	b/b	a/b	
32 A021	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	a/b	a/a	a/a	
33 A009	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	a/b	a/a	a/a	
34 A029	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	a/b	a/a	a/b	No. 11
35 A008	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	a/b	a/a	a/b	No. 11
36 A028	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	a/a	a/b	a/b	No. 8
37 A016	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	a/b	a/b	a/b	No. 14
38 A048	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	a/b	a/b	a/b	No. 14
39 A037	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	a/b	a/b	a/b	No. 14
40 A006	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	b/b	a/b	a/a	
41 A047	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	b/b	b/b	a/a	
42 A055	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	b/b	a/b	a/c	
43 A017	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	b/b	a/b	a/b	No. 19
44 A018	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	b/b	a/a	a/b	
45 A038	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	b/b	a/a	a/b	
46 A040	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/b	a/a	a/b	a/a	
47 A052	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/b	a/b	a/b	b/b	No. 23
48 A034	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/b	b/b	a/b	a/a	
49 A050	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	b/b	b/b	b/b	a/b	
50 A030	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/-	a/b	b/b	a/b	a/a	

Continued Table

No. of individuals	Isozyme loci											Duplicated genotypes ¹⁾
	<i>Gdh</i>	<i>Got-2</i>	<i>Lap</i>	<i>Gk</i>	<i>6Pg-1</i>	<i>G6p</i>	<i>Est</i>	<i>Poi</i>	<i>Got-1</i>	<i>6Pg-2</i>	<i>Pgm</i>	
51 A007	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	o/o	a/a	a/b	a/b	a/a	
52 A054	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	o/o	a/a	a/b	a/b	a/b	
53 A063	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	o/o	a/a	a/b	a/b	a/b	
54 A057	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	o/o	a/a	a/b	a/a	a/a	
55 A020	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	o/o	a/a	b/b	a/b	a/b	
56 A062	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	o/o	a/b	a/b	a/b	a/b	
57 A045	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	o/o	b/b	b/b	a/a	b/b	
58 A053	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	b/b	o/o	a/a	a/b	a/b	a/b	
59 A048	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	b/b	o/o	a/b	b/b	a/b	a/a	
60 A022	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	b/b	a/- ²⁾	a/a	a/b	a/b	a/b	
61 A024	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	b/b	a/-	a/a	b/b	a/b	a/a	
62 A023	a/a	a/a	a/a	a/b	a/b	b/b	o/o	a/a	b/b	a/a	b/c	
63 A010	a/a	a/a	a/a	a/b	a/b	b/b	o/o	a/a	b/b	a/a	b/c	

¹⁾ Individuals with the same genotype as that of Nango-hi were indicated by figures (cf. Table 6.).

²⁾ "a/-" showed "a/a" or "a/o", because genotypes could not be discriminated by their phenotypes.

この実生林分の中で、同じ遺伝子型をもった個体があり、表3-6に示すように8個体が社寺林の老齢樹と同じNos. 8・11・14・19・23の遺伝子型を持っていた。

表3-6に、各個体で検出されたアイソザイム遺伝子型とその個体頻度を、社寺林・成熟林分・さし木苗の樹齢の異なった3グループ毎に示した。合計32種類の遺伝子型がみられ、そのうちの27遺伝子型が社寺林と成熟林分から検出された。この表中の11遺伝子座のうち *Gdh*・*Got-2*・*Lap*・*Gk*・*6Pg-1* の5遺伝子座は、表3-6の欄外に記載したようにいずれも、*a/a* のホモ型で全く分離が見られなかった。

社寺林の老齢樹グループには10種類の遺伝子型がみられたが、No. 14と同じ遺伝子型を持った個体が43本中31本を占め、その割合は72.1%であった。成熟林分でも、No. 14と同じ遺伝子型の個体が5つの林分で多数を占め、特に4番目の林分では22個体すべてがNo. 14と同じ遺伝子型であった。他の4つの林分では8~10種類の遺伝子型の異なるクローンがあったが、1・2・5番の林分では、No. 14の遺伝子型をもつ個体がそれぞれ70~80%以上を占めていた。

しかし、3番目の林分では表3-6に示すようにNo. 18の遺伝子型を持ったクローンが多数(50%)を占めていた。

結局、成熟林分の268個体は22種の遺伝子型に分類されたが、そのうちの182個体(67.9%)がNo. 14の遺伝子型であることが判った。そして、No. 18の遺伝子型のクローンが2番目に多く、11.9%を占めていた。

3人の苗木生産者からのさし木苗の遺伝子型は、6~9種の遺伝子型をもつクローンであった。最も高い割合を持った遺伝子型はNo. 14の47.7%で、2番目はNo. 18の遺伝子型で18.1%を占め、3番目に多いのはNo. 8の遺伝子型のもので16.3%を占めていた。それ故、これらの苗木生産者の採穂園はNos. 14・18・8の3つの遺伝子型の頻度で現されるような採穂母樹構成であると思われる。

社寺林の老齢樹と南郷檜の成熟林分では全部で27種の異なった遺伝子型を持っていた。そして、さし木苗ではこれらのほかに5つの異なった遺伝子型が見られた

表3-6. 南郷檜の3つの異なる樹齢群のアイソザイム遺伝子型頻度

Table 3-6. Frequency of isozyme genotypes of Nango-hi individuals in three groups of different ages

Geno- type No.	Genotypes at loci based on isozyme analysis						Number of individuals														Total(%)									
	<i>G6p</i>	<i>Est</i>	<i>Pod</i>	<i>Got-1</i>	<i>6Pg-2</i>	<i>Pgm</i>	Shrines and temples								Sub- total(%)	Mature stands						Sub- total(%)	Cutting gardens			Sub- total(%)				
							①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	⑧	⑨	⑩		1)	2)	3)	4)	5)		A	B	C				
1.	a/b	o/o	a/b	b/b	a/b	a/b											-	1							1		1	1	2	
2.	b/b	a/-	a/a	a/a	a/b	a/b											-		1						1	1		1	2	
3.	b/b	a/-	a/a	a/a	a/b	b/b		1									1			4					4	6		6	11(2.1)	
4.	b/b	a/-	a/a	a/b	a/b	a/b											-	2	1						3	3		3	6	
5.	b/b	a/-	a/a	a/b	a/b	b/b						1					1												1	
6.	b/b	o/o	a/a	a/a	a/a	a/b											-		1	5		1				7(2.6)			7	
7.	b/b	o/o	a/a	a/a	a/a	b/b											-			1						1			1	
8.	b/b	o/o	a/a	a/a	a/b	a/b											-			2		2				4	1 23 11	35(16.3)	39(7.4)	
9.	b/b	o/o	a/a	a/a	a/b	b/b						2					2												2	
10.	b/b	o/o	a/a	a/a	b/b	a/b											-	1								1			1	
11.	b/b	o/o	a/a	a/b	a/a	a/b											-	1								1			1	
12.	b/b	o/o	a/a	a/b	a/a	b/b											-	1								1			1	
13.	b/b	o/o	a/a	a/b	a/b	a/a								2			2									1	1		4	
14.	b/b	o/o	a/a	a/b	a/b	a/b	2	1	13	1	4	2			3	3	2	31(72.1)	45	47	17	22	51	182(67.9)	28	42	33	103(47.7)	316(60.0)	
15.	b/b	o/o	a/a	a/b	a/b	b/b							2				2	2							3				5	
16.	b/b	o/o	a/a	a/b	b/b	a/a							1				1												1	
17.	b/b	o/o	a/a	a/b	b/b	a/b											-	5	6			2			13(4.9)				13(2.5)	
18.	b/b	o/o	a/a	a/b	b/b	b/b											-		1	31					32(11.9)	13	4	22	39(18.1)	71(13.5)
19.	b/b	o/o	a/a	b/b	a/b	a/b			1								1	2		1					3	3	1	4	8	
20.	b/b	o/o	a/a	b/b	b/b	a/b											-			1					1				1	
21.	b/b	o/o	a/b	a/b	a/a	b/b											-	4							4				4	
22.	b/b	o/o	a/b	a/b	a/b	a/b											-					1			1				1	
23.	b/b	o/o	a/b	a/b	a/b	b/b											-					2			2				2	
24.	b/b	o/o	a/b	a/b	b/b	a/b											-		1						1				1	
25.	b/b	o/o	a/b	a/b	b/b	b/b											-			1					1				1	
26.	b/b	o/o	a/b	b/b	a/b	b/b			1								1												1	
27.	b/b	o/o	b/b	a/b	a/b	a/b			1								1												1	
28.	b/b	a/-	a/a	b/b	a/b	a/b											-								2			2	2	
29.	b/b	o/o	a/a	a/b	a/a	a/a											-										4	4	4	
30.	b/b	o/o	a/b	a/b	a/a	a/a											-									1	1		1	
31.	b/b	o/o	a/b	b/b	a/b	a/b											-								15			15(6.9)	15(2.8)	
32.	b/b	o/o	a/a	b/b	a/a	a/b											-										1	1	1	
Total number of individuals							2	1	17	1	4	5	5	3	3	2	43(100)	64	59	62	22	61	268(100)	72	72	72	216(100)	527(100)		
Number of clones							1	1	5	1	1	3	3	1	1	1	10	10	8	8	1	8	22	9	6	6	14	32		

Five loci out of 11 loci, namely *Gdh*, *Got-2*, *Gk*, *Lap* and *6Pg-1* were omitted from this table due to the complete fixation of the genotype as a/a.

ことになる。ヒノキ実生林分においては各個体のアイソザイム遺伝子型が、63個体中、56遺伝子型といった1本1本が異なる遺伝子型を持ち極めて多様であることは表3-5で明かである。一方、南郷檜の成熟林分で見ると出現した遺伝子型の種類は1~10の範囲であり、実生林分に比べ構成クローン数がすくなく、No. 14の遺伝子型が優占していた。

Miyazaki and Sakai (1969) はパーオキシダーゼアイソザイムのバンドパターン分析により、クモトオシ (*Cryptomeria japonica*) が1つのクローンによる育成品種であることを報告している。同じ手法によってMiyazaki and Miyajima (1981) は九州のスギさし木在来品種のクローン構成について報告し、スギの古木がさし木の採穂母樹になっている事例があること、ヤブクグリの高樹齢の個体5本が同じ1つのクローンであること、高樹齢のメアサ個体群が、いくつかのクローンの混成であることを報告した。

田島・宮崎 (1973) はパーオキシダーゼのバンドパターンを使って南郷檜の分析結果を報告している。彼らは4つの異なった林齢、56・37・11・5年生林分からそれぞれ15~35本のサンプリングを行い、合計9種類のバンドパターンを検出し、それぞれの林分で、2~4のバンドパターンを識別した。そして、これらの林分は1つのクローンあるいは数クローンで構成されていると推定した。また、バンドの表現型によって同じようなバンドパターンをもった個体をグループ分けし、その頻度に差異があることから阿蘇谷と南郷谷の林分間で遺伝的な差異の存在を推測した。

平 (1979) も、富山県でスギのさし木在来品種で同様のことを行っている。

一般に、アイソザイムのバンドパターンはサンプリングした季節、組織、サンプルの樹齢やその他の要因により変化しやすいものである。そのため、アイソザイムの変異の遺伝的な研究では、その後、遺伝子型あるいは遺伝子頻度を使うことが望まれていた。

奥泉・大庭（1990）は、4つのアイソザイム遺伝子座の遺伝子型を使ってスギのさし木在来品種のクローン分析を報告し、オビスギのグループ、ヤブクグリ・メアサ系の11の栽培品種が、少なくとも2~5のクローンで構成されているとした。

ヒノキのアイソザイムで、田島ら（1977）はパーオキシダーゼ遺伝子座のメンデル遺伝を報告した。白石ら（1986）はヒノキの針葉と花粉を用いてアスパラギン酸アミノ転移酵素のダイマー型遺伝を報告した。Uchida et al.（1991）はヒノキの11酵素種14遺伝子座を明らかにした。清藤（1992a）は、ヒノキの遺伝分析で使用可能なものとして9遺伝子座18対立遺伝子を付け加えた。

この南郷檜のクローン分析において、9酵素種11遺伝子座を使って、合計527個体の遺伝子型を調べた。南郷檜は、さし木で増殖されているので、同じアイソザイム遺伝子型の個体は同じクローンの可能性が高い。この考えに従い、異なった3樹齢グループ、すなわち、老齢樹群・成熟林分およびさし木苗の3グループについて、各個体のアイソザイム遺伝子型を解析した。同時に、実生林分のアイソザイムの遺伝子型は63個体が56種類の遺伝子型に区分され、大きな変異を持っていることを検証した。

これらの各採取グループでは、サンプル数が異なっているものの、合計32種類の遺伝子型が検出され、老齢樹群・成熟林分・さし木苗の各グループは、それぞれ1~10種の遺伝子型数があった。そして各グループにはNos. 14・18・8という共通の1~3種の主要なクローンがある。そして、樹齢の異なる3グループを通して、No. 14の遺伝子型が常時多くあることは、南郷檜の成立について社寺の老齢ヒノキからのさし穂の直さし造林をしたという古い言い伝えに良くあっていた。南郷檜は、通常直さしで、すなわち根のない状態で植林されてきたことから、神聖な社寺林を造成するために使われ奉納されるほど発根性について強い選抜があったと思われる。すなわち、高樹齢の樹木でさえ高い発根性をもっており、これらの樹木からのさし穂の継続利用および継代利用によって、2、3のクローンを混合し

た南郷檜と呼ばれる品種になったものと考えられる。このような例はサンプスギにもみられ、200年以上の樹齢からの挿し木でさえ80%以上の発根性を示している（奥泉 私信）。

南郷檜には、社寺にある遺伝子型がNo. 14の古くからの1つの主要なクローンがあること。つぎに存在比の大きなNo. 18とNo. 8のクローンが成熟林分やさし木苗にあること。また樹齢の異なるグループで、少数のマイナーなクローンがあることを見いだした。今後、これらのクローンの材質を含めた特性を明らかにしておくことが南郷檜というクローンを保全し、増殖していく過程で必要な事項である。

逆に、唯一のヒノキ在来品種である南郷檜のクローン系統を保全し、育種・育成していくことを考えるならば、民間の3人のさし木生産業者が採穂していた遺伝子型Nos. 28~32の母樹が樹齢が若いことからさし木在来品種の南郷檜であるかどうかの疑念が入る。南郷檜は高樹齢でもさし木発根率が高いことから遺伝子型がNos. 1~27以外のNos. 28~32の遺伝子型の採穂母樹については成熟個体を見だし、南郷檜の特徴を確認するまで採穂を中止するか、あるいは南郷檜の特徴を持ったNos. 1~27の遺伝子型の個体から採穂母樹を育成していくよう指導すべきと考える。

アイソザイムの遺伝子型によるクローン識別技術を用いることにより、南郷檜の植栽林を各クローンの不均等数構成の単木混交植栽の試験地として利用できる。このことにより、新たにさし木苗を用いて試験地を造成する経費・時間・多くの作業、特に成林に要する長い年数を省くことができる。クローン分析後、成長に関するクローンの諸性質、樹幹の性質、材質と病虫獣害に対する抵抗性などについて、多様な立地条件・樹齢からサンプルを取ることにより解析が可能となる。このように、南郷檜のみならず、スギのさし木在来品種についても、いわゆる現存品種内のクローン構成を判定できれば、各品種、また品種内クローンの育種特性を省力的、省時間的に解析可能である。

第4章 ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝変異

第1節 はじめに

ヒノキ(*Chamaecyparis obtusa*)は、スギと並んで日本に於ける最も重要な林業樹種の1つである。このことから、1957年より「林木育種事業指針」をもとに組織的、計画的に、精英樹選抜育種事業が開始され、1971年の改正の後現在は1980年（1993.4.1一部改正）の「林木育種事業運営要綱」による育種基本計画のもとに育種計画が進行している。

精英樹は精英樹選抜基準により実行機関が国有林の場合は営林署、民有林の場合は都道府県の地方機関が選抜に当たり、1)人工林の場合は、①成長がよいこと ②クローネ幅が狭いこと ③その他に枝が細く枯れ上がり易いこと、幹に曲がりその他の欠点がないことなど等、2)天然林の場合は、①形質が特に優れていること ②成長がよいこと ③その他、挿し木の困難な個体では相当量の種子をつけることなどにより選抜が行われた。

選抜されたヒノキの場合、クローン採種園を造成し、クローン間の任意交配により種子を生産し、一般造林用として使用されている。

この林木育種事業運営要綱に基づいて、日本は北海道・東北・関東・関西・九州の5つの育種基本区に分けられ、育種基本区はさらに分割され、計19の育種区が設定されている。

ヒノキでは、北海道と東北の一部を除く育種区から、平成3年度までに1,034個体の精英樹が選抜・登録されており、各育種区でつぎ木苗により採種園が作られている。ヒノキの採種園は全国で341haあり、国有林では人工造林用種苗の100%近くが精英樹採種園から供給されているが、民有林を含めた全体では種子供給量の51%に達している（林木育種センター 1993）。

林木育種は、次代検定、不良クローンの除去、第2次採種園の造成など選抜と交雑育種の繰り返しにより成長の向上や優れた形質、各種抵抗性の獲得が図られて

いくものである。採種園からの種苗に幅広い遺伝的変異や植栽する地域への十分な適応性を持たせるために、個々の精英樹の遺伝的情報、背景を考慮した選択的な交配組合わせが基本的に重要なことである。しかし、育種基本区間、また育種区間でのヒノキの精英樹群の遺伝的な違いの情報がないのが現状である。

そして事実上、各育種区で選抜されたヒノキの精英樹が、今後の日本のヒノキの育種の基礎母材、遺伝資源となってくるものである。これらのヒノキ精英樹が多くの遺伝的な多様性を保有していることが望まれること等から、精英樹の個々の遺伝子型や育種区毎の遺伝的多様性の違いを明らかにしておくことは非常に重要なことである。これらの情報は採種園の受粉管理、近交弱勢の防止等に必須のものである。

この研究では、アイソザイムの変異を使って、育種区を異にするヒノキ精英樹群の遺伝的相違を明らかにすることを目的としている (Uchida et al. 1993b)。

第2節 材料および方法

わが国の林木育種事業における育種基本区、育種区の区域は図4-1に示すとおりである。ヒノキ精英樹は北海道、東北の一部を除いた育種区で主として人工林から選抜されたものである。

精英樹は総数1,034本のうち39個体が天然林からの選抜で、残り995個体が人工林からの選抜である。表4-1には、人工林から選抜された精英樹の登録数を記載した。人工林から選抜された995個体のうち、総計878個体のヒノキの精英樹についてアイソザイム遺伝子型の分析を行った。天然林から選抜の精英樹は39本のうち、31本の遺伝子型を調査したが、本研究では統計処理から除外した。各育種区毎の分析した精英樹数は31~132個体の範囲で平均は73.2個体である。

アイソザイム分析のための葉試料は、水戸市所在の農林水産省林野庁林木育種センターのヒノキ精英樹採種園で採取したり、あるいは、各育種場から送付を受

表4-1. 人工林から選抜した精英樹数およびアイソザイムの分析数
 Table 4-1. Numbers of plus-trees analysed for isozyme variation

Basic breeding region	Breeding district	No. of plus-trees	
		Registered from Artificial stand	Analysed (%)
1) Tohoku	1) East	15	0
	2) West	0	0
2) Kanto	3) North Kanto	50	47 (94.0%)
	4) Kanto	138	132 (95.6%)
	5) Chubu-sangaku	99	80 (80.8%)
	6) Tokai	82	66 (80.5%)
3) Kansai	7) Kinki	113	104 (92.0%)
	8) Setonai-kai	113	100 (88.5%)
	9) East Nihon-kai	28	3 ¹⁾ (10.7%)
	10) West Nihon-kai	50	43 (86.0%)
	11) North Shikoku	37	37 (100%)
	12) South Shikoku	82	80 (97.6%)
4) Kyushu	13) North Kyushu	50	50 (100%)
	14) Central Kyushu	31	31 (100%)
	15) South Kyushu	107	105 (98.1%)
Total		995	878 (88.2%)

¹⁾ Three plus-trees from Shiga Prefecture in East Nihon-kai breeding district were incorporated into the group of West Nihon-kai.

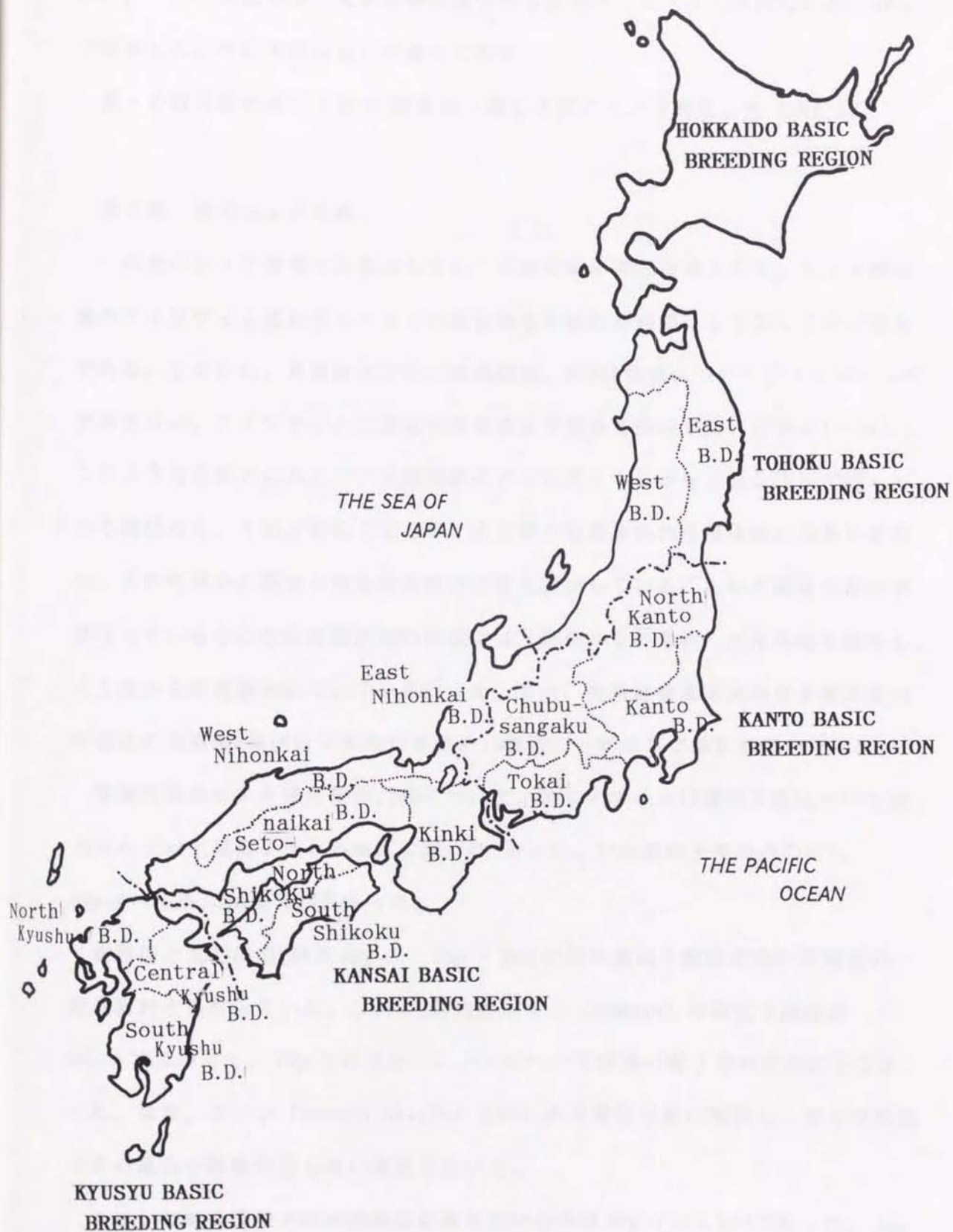


図4-1. 5つの育種基本区と15の育種区（北海道の3区と南西諸島育種区を除外）
 Fig. 4-1. Five basic breeding regions and fifteen breeding districts
 (excluding 3 in Hokkaido and 1 in Okinawa district).

けた。この葉試料は、電気泳動に供されるまでポリエチレンの袋にいれ-80℃で保管した。分析方法は前述の通りである。

個々の精英樹の遺伝子型は9酵素種11遺伝子座について判定した(表4-2)。

第3節 結果および考察

将来のヒノキ育種を活性化していくための基本的な情報として、ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子レベルでの遺伝的な多様性を明確にしておくことが重要である。そのため、育種区単位の12精英樹群、計898個体についてアイソザイムの分析を行い、アイソザイム11遺伝子座の遺伝子型表を作成した(附表1-1~14)。このような目的のためにヒノキ精英樹のアイソザイム分析を全国レベルで行っている例はなく、今回が初めてである。人工林から選抜される精英樹は成長を重視し、天然生林から選抜される精英樹は形質を重視していることなど選抜の基準が異なっていることから育種区間の比較には天然林からの選抜した精英樹を除外し、人工林からの選抜木についてのみ行った。また、関西育種基本区の日本海岸東部育種区の精英樹3個体は日本海岸西部の43個体と一緒にして統計処理を行った。

育種区別のヒノキ精英樹の12群について、アイソザイム11遺伝子座について検出された対立遺伝子やその頻度を表4-3に示した。11の遺伝子座の内の2つ、*6Pg-1*・*Gdh*には変異がなかった。

南四国と北四国の2群は*6Pg-2*・*G6p*・*Pod*の対立遺伝子頻度が他の育種区の精英樹群と異なっていた。これら2群内のコモン(common)の遺伝子頻度は*6Pg-2*では小さく、*G6p*では大きく、*Pod*については他の群よりわずかに少なかった。なお、コモン(common allele)とは、ある遺伝子座に常在し、多くの集団でその遺伝子頻度が最も高い遺伝子をいう。

コモンの対立遺伝子の平均頻度の最も低いものは*6Pg-2*の0.603であった。*Lap*と*Got-2*の平均頻度は、それぞれ0.986と0.995の高い数値を示した。

表4-2. 分析した酵素種と遺伝子座、およびその省略記号、E. C番号
 Table 4-2. Enzyme systems and loci analysed, with abbreviations and E. C. number

No.	Enzyme system	Abbreviation	Locus	E. C. number
1	6-Phosphogluconate dehydrogenase	6PGD	<i>6Pg-1, -2</i>	1. 1. 1. 44
2	Glucose-6-phosphate dehydrogenase	G6PD	<i>G6p</i>	1. 1. 1. 49
3	Glutamate dehydrogenase	GDH	<i>Gdh</i>	1. 4. 1. 2
4	Peroxidase	POD	<i>Poxl</i>	1. 11. 1. 7
5	Glutamate oxaloacetate transaminase	GOT	<i>Got-1, -2</i>	2. 6. 1. 1
6	Glucokinase	GK	<i>Gk</i>	2. 7. 1. 2
7	Phosphoglucomutase	PGM	<i>Pgm</i>	2. 7. 5. 1
8	Esterase	EST	<i>Est</i>	3. 1. 1
9	Leucine aminopeptidase	LAP	<i>Lap</i>	3. 4. 11. 1
Total		9 enzymes	11 loci	

表4-3. ヒノキ精英樹の12群のアイソザイム10遺伝子座の対立遺伝子とその頻度
 Table 4-3. Alleles and frequencies at 10 isozyme loci in 12 groups of hinoki plus-trees¹⁾

Basic breeding region		Kanto				Kansai					Kyushu			Average	
Breeding district		North Kanto	Kanto	Chubu-sangaku	Tokai	Kinki	Seto-nai-kai	West Nihon-kai	North Shikoku	South Shikoku	North Kyushu	Central Kyushu	South Kyushu		
Locus	Allele														
1	<i>6Pg-1</i>	<i>a</i>	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
2	<i>6Pg-2</i>	<i>a</i>	0.500	0.625	0.625	0.644	0.654	0.645	0.511	0.554	0.556	0.700	0.565	0.662	0.603
		<i>b</i>	0.500	0.375	0.375	0.356	0.346	0.355	0.489	0.446	0.444	0.300	0.435	0.338	0.397
3	<i>G6p</i>	<i>a</i>	0.348	0.307	0.304	0.349	0.245	0.212	0.244	0.194	0.158	0.214	0.226	0.264	0.256
		<i>b</i>	0.652	0.693	0.696	0.643	0.740	0.788	0.744	0.806	0.836	0.786	0.774	0.736	0.741
		<i>c</i>	0.000	0.000	0.000	0.008	0.015	0.000	0.011	0.000	0.006	0.000	0.000	0.000	0.003
4	<i>Gdh</i>	<i>a</i>	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
5	<i>Poxl</i>	<i>a</i>	0.859	0.855	0.888	0.886	0.841	0.790	0.913	0.743	0.639	0.859	0.897	0.856	0.836
		<i>b</i>	0.141	0.155	0.113	0.114	0.159	0.210	0.087	0.257	0.361	0.141	0.103	0.144	0.164
6	<i>Got-1</i>	<i>a</i>	0.213	0.197	0.206	0.167	0.149	0.185	0.217	0.230	0.169	0.163	0.155	0.183	0.186
		<i>b</i>	0.787	0.803	0.794	0.833	0.851	0.815	0.783	0.770	0.831	0.837	0.845	0.817	0.814
7	<i>Got-2</i>	<i>a</i>	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.989	0.986	1.000	0.988	0.983	0.989	0.995
		<i>b</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.014	0.000	0.012	0.017	0.011	0.005
8	<i>Gk</i>	<i>a</i>	1.000	0.955	0.944	0.939	0.947	0.950	0.935	0.932	0.944	0.939	0.968	0.981	0.953
		<i>b</i>	0.000	0.045	0.056	0.061	0.053	0.050	0.065	0.068	0.056	0.061	0.032	0.019	0.047
9	<i>Pgm</i>	<i>a</i>	0.755	0.790	0.772	0.785	0.753	0.740	0.707	0.770	0.753	0.730	0.613	0.663	0.736
		<i>b</i>	0.170	0.176	0.203	0.177	0.212	0.240	0.293	0.189	0.215	0.230	0.355	0.282	0.228
		<i>c</i>	0.074	0.034	0.025	0.038	0.035	0.021	0.000	0.041	0.032	0.040	0.032	0.054	0.036
10	<i>Est</i> ¹⁾	<i>a</i>													
		<i>o</i>													
11	<i>Lap</i>	<i>a</i>	1.000	0.989	0.988	0.985	0.990	0.985	0.957	0.986	0.969	1.000	1.000	0.990	0.986
		<i>b</i>	0.000	0.000	0.000	0.008	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001
		<i>c</i>	0.000	0.011	0.013	0.008	0.010	0.015	0.043	0.014	0.031	0.000	0.000	0.010	0.013

¹⁾ Allele frequencies for *Est* were not calculated due to the similarity of the phenotypes between the *a/a* and *a/o* genotypes.

ヒノキ精英樹群間において遺伝的多様性評価のため、集団遺伝において使用される3つの遺伝的パラメーター、すなわち多型遺伝子座の割合、1遺伝子座当たりの対立遺伝子数およびヘテロ接合体率（観察値）を計算した。

多型遺伝子座の割合とは、1つの遺伝子座で遺伝子型の頻度が99%基準あるいは95%基準以下を占めた遺伝子座を多型的な遺伝子座とし、分析した全遺伝子座に対する割合である。1遺伝子座当たりの対立遺伝子数とは、各遺伝子座での対立遺伝子の総数を分析した全遺伝子座数で除したものである。ヘテロ接合体率（観察値）は、アイソザイム染色後、ゲル上から判読した遺伝子型のうちヘテロの接合体の各遺伝子座での割合（ h_i ）と全遺伝子座のヘテロ接合体率を集計し、遺伝子座数で平均したもの（ H ）である。各精英樹群は個体選抜であり、天然の交雑林分ではないことからハーディー・ワインベルグ比との比較はできないが、これらの数値が大きければ遺伝的な変異が大きいことを現している。

95%レベルの多型遺伝子座の割合は50または60%で、平均56.7%であった。各精英樹群での1遺伝子座当たりの平均対立遺伝子数は、1.6~2.0の範囲で、平均1.84で群間では差異は少なかった。

各精英樹群のヘテロ接合体率の観察値は0.173~0.204の範囲で、全群の平均は0.187であった。

エステラーゼを除いた10遺伝子座で、群間の遺伝的同一度（Nei 1972）を計算し、表4-4に示した。前述の南四国・北四国の2群における $6Pg-2 \cdot G6p \cdot Pod$ の遺伝子頻度のほか、遺伝的同一度は0.988以上を示し、群間の対立遺伝子の構成から、それらが非常に高い類似性を持っていることを示していた。このために、8遺伝子座 $6Pg-2 \cdot G6p \cdot Pod \cdot Got-1 \cdot Got-2 \cdot Gk \cdot Pgm \cdot Lap$ のコモンの対立遺伝子頻度を使って主成分分析を行った。主成分分析はSAS（SAS Institute, Inc. 1985）のPRINCOMPプロシジャーを用いて行った。

結果は表4-5、-6および図4-2に示した。第1・第2主成分で全体の70.9%が説明さ

表4-4. ヒノキ精英樹の12群間の不偏の遺伝的同一度

Table 4-4. Pair-wise unbiased estimates of genetic identity among 12 groups of hinoki plus-trees

Basic breeding region Breeding district	Kanto				Kansai					Kyushu		
	North Kanto	Kanto	Chubu-sangaku	Tokai	Kinki	Setonai-kai	West Nihon-kai	North Shikoku	South Shikoku	North Kyushu	Central Kyushu	South Kyushu
North Kanto	-	0.999	0.999	0.999	0.997	0.995	0.999	0.997	0.990	0.994	0.997	0.996
Kanto		-	1.000	1.000	1.000	0.999	0.998	0.998	0.992	0.999	0.997	0.999
Chubu-sangaku			-	1.000	1.000	0.999	0.999	0.998	0.991	1.000	0.998	0.999
Tokai				-	1.000	0.997	0.997	0.996	0.988	0.999	0.996	0.998
Kinki					-	1.000	0.997	0.999	0.994	1.000	0.998	1.000
Setonai-kai						-	0.997	1.000	0.997	1.000	0.998	1.000
West Nihon-kai							-	0.998	0.991	0.997	1.000	0.998
North Shikoku								-	1.000	0.998	0.997	0.997
South Shikoku									-	0.993	0.991	0.992
North Kyushu										-	0.999	1.000
Central Kyushu											-	1.000
South Kyushu												-

表4-5. ヒノキ精英樹の12群の8遺伝子座の対立遺伝子頻度による主成分分析
 Table 4-5. Results of the principal component analysis including data of common allele frequencies for 8 isozyme loci in 12 groups of hinoki plus-trees

Component	Eigen value	Difference	Proportion	Cumulative proportion
1 P.C.	0.008277	0.003898	0.464151	0.46415
2 P.C.	0.004379	0.000599	0.245548	0.70970
3 P.C.	0.003779	0.002896	0.211933	0.92163
4 P.C.	0.000883	0.000547	0.049540	0.97117
5 P.C.	0.000337	0.000207	0.018888	0.99006
6 P.C.	0.000130	0.000087	0.007267	0.99733
7 P.C.	0.000043	0.000037	0.002383	0.99971
8 P.C.	0.000005	-	0.000290	1.00000

表4-6. ヒノキ精英樹の12群の8遺伝子座での主成分分析の固有ベクトル
 Table 4-6. Eigen vectors in the principal component analysis of 8 isozyme loci in 12 groups of hinoki plus-trees

Locus	Eigen vector				
	1 P.C.	2 P.C.	3 P.C.	4 P.C.	5 P.C.
1 <i>Gpg-2</i>	0.127838	0.943089	0.101965	-0.038254	-0.245001
2 <i>Ggp</i>	-0.541834	0.186846	-0.468605	0.510261	-0.031026
3 <i>Pod</i>	0.824061	-0.019299	-0.249952	0.422129	0.067964
4 <i>Got-1</i>	0.003306	0.250913	-0.121864	-0.369842	0.837466
5 <i>Got-2</i>	0.000473	0.004849	0.086717	-0.069496	0.076801
6 <i>Gk</i>	0.065708	-0.091977	-0.062622	-0.524476	-0.416135
7 <i>Pgm</i>	-0.067756	0.014208	0.825280	0.332455	0.114183
8 <i>Lap</i>	0.045577	0.060464	-0.012530	-0.181007	-0.202333

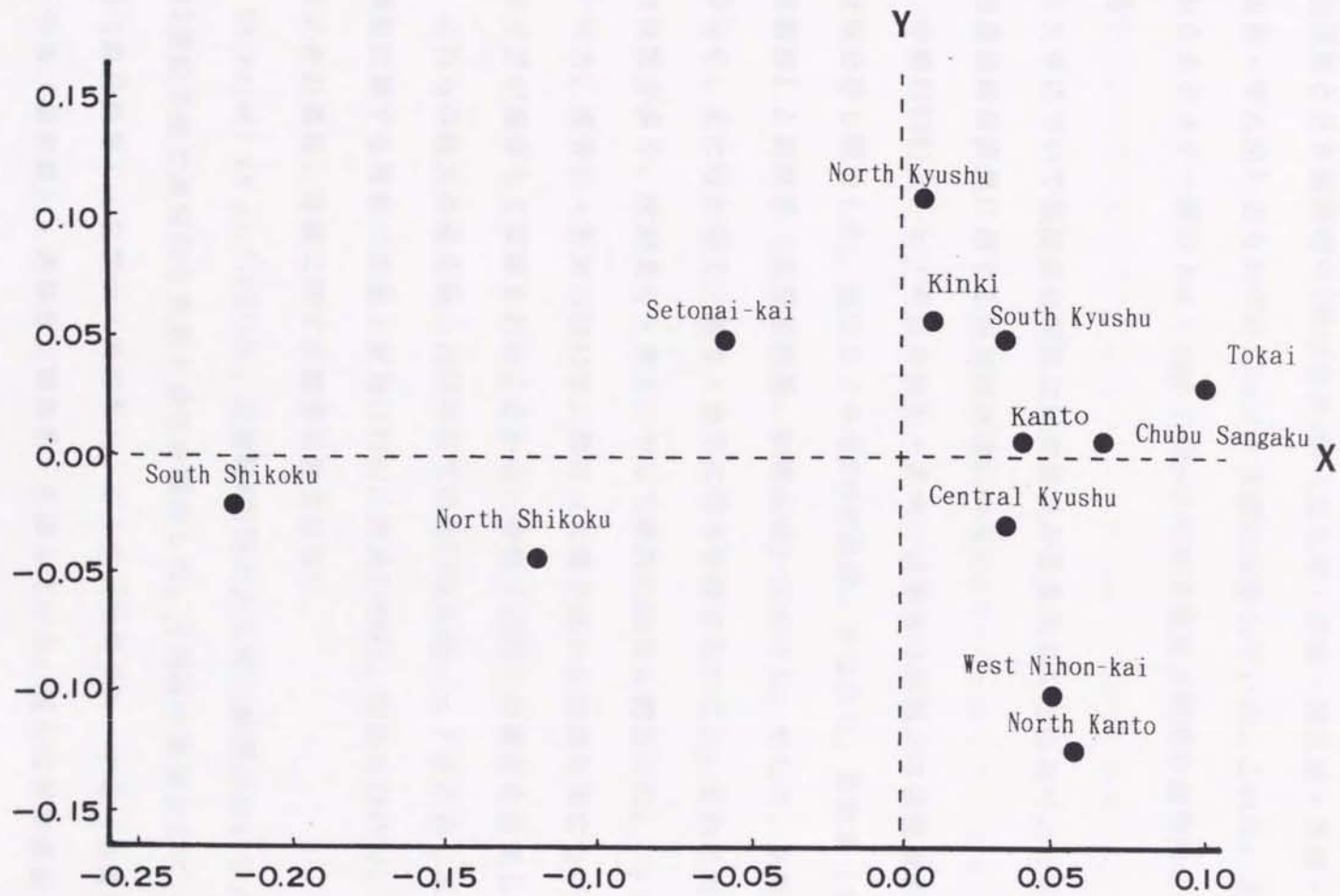


図4-2. 主成分分析によるヒノキ精英樹の12群の散布図

Fig. 4-2. Scatter diagram of 12 hinoki plus-tree groups resulting from principal component analysis based on 9 allele frequencies at 9 isozyme loci.

Axis X and axis Y are first and second principal components, respectively.

れていた。また、第1主成分上での固有値は *Pod* 遺伝子座で大きい。図4-2を見ると、各精英樹群は次のように識別された。北四国・南四国・瀬戸内海の3群は第1主成分でマイナス側に、そのほかの群はプラス側に分布し、さらに第2主成分では北関東と日本海西部の2群は他の7群（北九州・近畿・南九州・東海・関東・中部山岳・中九州）よりわずかにマイナス側に位置していた。これは、主として、これらクラスター間の *Pod*・*G6p*・*6Pg-2* の対立遺伝子頻度の差異によるものである。

スギについて集団遺伝学的な研究論文が多数あることに比べ、ヒノキについての遺伝的な変異に関する研究は非常に少ない。

寺崎(1930)は、ヒノキ林の実生・若木・成熟木の形態上の表現型を写真を使い、分類分けし報告した。彼はヒノキを2つの系統、すなわち、京都系（京都営林署、京都府）と高野系（高野営林署、和歌山県）に分けた。そして、京都系は枝数が少なく、また枝が短く・細く・水平に張る特徴をもつこと。それに対し、高野系は枝数が多く、枝が長く・太く、そして鋭角に張ると報告した。

一方、長谷川・野原(1931)は、異なった種子源からの実生苗について、両方のタイプが混在して観察されたことから、寺崎(1930)の事実を否定している。

これらの論文の発表後、1980年までの約50年の間、ヒノキのさし木在来品種南郷檜に関する報告（佐藤・宮島(1956)、宮島(1962)、田島ら(1977)）を除いて、ヒノキの遺伝、系統に関する顕著な論文はない。

Shiraishi et al.(1987)は、天然林6集団と人工林11集団において *Pod* と *Got* の2遺伝子座で遺伝的な変異と分化を報告した。天然林の集団として、彼らは屋久島（鹿児島県）・白髪山（高知県）・田上山（滋賀県）・木曾（長野県、3集団）・今市（栃木県）・赤井岳（福島県）を選んでいる。彼ら是对立遺伝子頻度の差異に注目しており、そして全遺伝子の多様性の10%が集団間に、90%が集団内にみられるとした。そして、6集団間の個々の遺伝距離は、0.150より少なく、遺伝距

離を使って集団をクラスター分析すると、屋久島・白髪山の集団と田上山・木曾の集団と今市・赤井岳の3群にクラス分けされた。しかしながら、人工林の11集団間での遺伝的差異がなく、ヒノキの人工再造林のための種子源が限定されていたためとした。

Uchida et al. (1991)は、静岡県北部に分布するヒノキの天然林の3林分の遺伝変異を13のアイソザイム遺伝子座を使って分析した。また、ヒノキ精英樹群の遺伝的多様性の解析のため、静岡のヒノキ天然林の多様性の検討に用いたのと同じ遺伝子座を使って比較解析を行った。静岡の天然林集団と精英樹群間の9遺伝子座の比較では、多型遺伝子座の割合は55.6%と63.0%であった。1遺伝子座当たりの対立遺伝子数は1.85と1.89であった。ヘテロ接合体率は観察値で0.201と0.207であった。

清藤(1992a)は、富士山近辺でヒノキ天然林を17のアイソザイム遺伝子座を使って分析している。この天然林と精英樹群を8遺伝子座で同様に比較すると、多型的遺伝子座の割合は50.0%と58.3%で、1遺伝子座当たりの平均対立遺伝子数は1.75と1.83であり、ヘテロ接合体率の観察値は0.142と0.187であった。ヒノキ精英樹群とヒノキ天然林との遺伝的多様性の比較では大差はなかった。

我々の研究において、精英樹12群の遺伝的同一度は、非常に高く、差異は少なかった。しかしながら、コモンの対立遺伝子頻度の主成分分析によって精英樹12群の識別が可能であった。

Shiraishi et al. (1987)は、遺伝距離で屋久島と四国の天然ヒノキ林の2集団とその他の集団で3つグループを認めている。彼らの研究において、四国の人工林2集団と白髪山の天然林において、*Pod*のコモンの対立遺伝子頻度は他の集団より小さかった。我々の研究においても、四国の精英樹群において同様な傾向が見られた。人工林から選抜された精英樹でさえ、四国の精英樹群はアイソザイムの変異において、他の精英樹群と差異があり、四国では古くから独自の種子源が利用

されたことを示唆している。

九州・瀬戸内海・近畿地区の精英樹3群間で遺伝的な類似性の高い原因の1つは、江戸時代に近畿から瀬戸内海地方、また九州へとヒノキ実生苗が大阪苗として称して商業的に流通したこと(佐藤 1971)にあるものと考えられる。

育種区の精英樹群間では調査したアイソザイム遺伝子座上において遺伝的な変異が少ないことから、各育種区内の精英樹採種園において、類似した遺伝子頻度を持っている他の育種区の精英樹をも含めたより広域の精英樹が使用できる可能性があることを示唆している。

ただ、北関東・日本海西部の育種区の2群が第2主成分で他のグループと若干ながら分かれたことは、Shiraishi et al. (1987) の地理的勾配を含めて、気象的な事象が遺伝子の選択に関与している可能性がある。

第5章 ヒノキ天然林のアイソザイム遺伝変異

第1節 はじめに

ヒノキ天然木は材が良質で高価であることから伐採が急速に進み、その天然林は失われつつある。そのため日本各地に残存する天然ヒノキ林について多くの遺伝子座で各集団間の差異を調査し、幅広い遺伝的変異を保持していくことがヒノキの遺伝育種を考えていく上で重要である。

アロザイムは、遺伝的変異を調べる標識遺伝子として、① DNAの一次産物であることからアイソザイム自体は環境の影響を受けにくいこと、② アイソザイム遺伝子は自然選択に対して中立であることから消滅する危険性が少ないこと、③ アイソザイムは共優性のため表現型から遺伝子型が判断できること、④ 高頻度のバンドから低頻度のバンドまで種々の遺伝子が利用できること、などから天然林の遺伝的多様性を調べるには優れた分析手法である。

現在まで、ヒノキ天然林についての遺伝調査は、Shiraishi et al.(1987)がパーオキダーゼ(POD)とアスパラギン酸アミノ転移酵素(GOT)の2酵素種で6天然林(屋久島・白髪山・田上山・木曾・今市・赤井岳)について行い、Gotの遺伝子座で遺伝的勾配(cline)があることを示した。また、全国にまたがる11ヶ所の人工林についても調査を行い、これらの人工林間ではこの両酵素種では差異はないことを報告している。全国的な規模での天然ヒノキの遺伝調査はこのShiraishi et al.(1987)の事例だけである。

一方、地域的規模では、Uchida et al.(1991)が静岡県北部の聖・青薙(東無岳・わさび沢)の3林分の天然ヒノキについて調査し、清藤ら(1987)、清藤(1990, 1992a)は富士山の天然林について調査している。

ヒノキ以外の天然林では、オオシラビソ(陶山 1991)・スギ(Tsumura and Ohba 1992)・ブナ(高橋 1992)・クロマツ(Miyata and Ubukata 1993)などの調査報告がある。

本研究では、9酵素種11遺伝子座を使って、白髪山（高知県）・魚梁瀬（高知県）
・木曾（長野県、9林分）・秩父（埼玉県、2林分）・今市（栃木県）・いわき
（福島県、赤井岳）と、Uchida et al. (1991)の聖・東無岳・わさび沢の3林分
のデータを加えてヒノキ天然林のアイソザイム遺伝変異について解析、考察を行
った。

また、これら天然林と育種区の人工林から選抜された精英樹群との比較を試み
た。なお、ヒノキ天然林の集団遺伝学的解析の単位集団の呼び方は、便宜上次の
ようにした。すなわち、同一地方内で複数の天然林を解析した場合、個々の天然
林を「林分」と呼び、それらをまとめたものを「集団」と呼ぶことにした。ある
地方で1林分しか解析していない場合は、その林分はその地域の集団として取扱
った。

第2節 材料および方法

1992-1993年の秋-冬季間に、白髪山・魚梁瀬・秩父（東京大学秩父演習林内、
2林分）・今市・いわきの5集団について分析試料を採取し、分析時までポリエチ
レンの袋に入れ-80℃で冷凍保存した。木曾の9林分については森林総合研究所の
山本千秋遺伝科長らが木曾の天然林9林分（王滝 2林分・坂下 2林分・野尻 3林分
・上松・木曾福島 各1林分）にseed trapを配置し、採種・養苗した1年生実生苗
について、1つのseed trap当たり1本をサンプリングした。すなわち、1林分当
たり40~151個体分の試料を前述の試料と同様に冷凍保存し、分析に供した。

前報（Uchida et al. 1991）の聖ヒノキは南アルプス聖岳の標高2,000m付近の
林分で採取したものであり、青蘆（東無岳・わさび沢）の2林分はいずれも筑波大
学井川演習林でそれぞれ1,400mと1,600~1,900mにある天然ヒノキ林である。

分析方法は、前述のとおりで、遺伝子分析には12酵素種を使用した。シキミ
酸脱水素酵素・ジアホラーゼ・アラニンアミノペプチダーゼのバンドに判読しに

くいものがあり、表3-4に示した9酵素種11遺伝子座の分析により各個体の遺伝子型を明らかにした（付表-2、-4）。

第3節 結果および考察

解析は、まず小地域内での林分間でどの程度の遺伝的差異があるかを青籬の2林分（東無岳・わさび沢）と聖の林分について行い（Uchida et al. 1991）、ついで木曾の9林分について行った。その後、白髪山・魚梁瀬・木曾・秩父・井川・聖・今市・いわきの天然林8集団について遺伝的多様性、遺伝的同一度、遺伝距離の解析を行った。さらに、主成分分析で天然林集団と人工林から選抜された各育種区の精英樹群との遺伝的関係を検討した。

1. データの解析項目

データの解析は、天然林での遺伝的な変異を表す指標として次に示す尺度を用いて集団遺伝学的解析を行った。なお、この項で遺伝パラメーターの説明に用いる「集団」は通常の集団遺伝学で用いられる用語の「集団」である。

①多型的遺伝子座の割合

1つの遺伝子座で遺伝子型の頻度が95%以下を示したものを多型的遺伝子座として、分析した全遺伝子座での割合で表す。

②1遺伝子座当たりの対立遺伝子数（ N_e ）

分析した遺伝子座で出現した対立遺伝子の総数を総遺伝子座数で除した値。

③1遺伝子座当たりの対立遺伝子の有効数（ N_e ）

各集団の分析数が同じでない場合、1遺伝子座当たりの対立遺伝子数は分析数が多くなれば、希にしか出現しない遺伝子（rare allele）もカウントされ易くなることから、1遺伝子座当たりでの頻度を補正するため

$$N_e = 1 / \sum x_i^2 \quad (\text{但し、} x_i \text{ はある遺伝子座の } i \text{ 番目の遺伝子頻度})$$

で表す1遺伝子座当たりの対立遺伝子数(Kimura and Crow 1964)。

④平均ヘテロ接合体率(観察値) (h_o, H_o)

アイソザイムの染色後、ゲル上から判読した遺伝子型頻度のうちヘテロ接合体の各遺伝子座での割合(h_o)と、林分毎に全遺伝子座のヘテロ接合体を集計し、遺伝子座数で平均したもの(H_o)。

⑤平均ヘテロ接合体率(期待値) (h_e, H_e, H_T, H_S) あるいは 遺伝子多様度 (gene diversity)

各遺伝子座で対立遺伝子頻度を算出した後、各遺伝子座で $h_e = 1 - \sum x_i^2$ で表したもの(h_e)と、林分毎に全遺伝子座で集計し平均したもの(H_e)。

但し、 x_i は遺伝子座の*i*番目の対立遺伝子頻度である。

全集団で各遺伝子座毎の遺伝子平均頻度から h_e を求め、それらをすべての遺伝子座で集計し、平均した「集団全体の平均ヘテロ接合体率(H_T)」と、それぞれの集団で各遺伝子座の遺伝子頻度から遺伝子座毎の h_e を算出し、それらを集団毎に集計し、さらにすべての集団で平均した「集団の平均値(H_S)」がある。

⑥固定指数 (fixation index)、あるいは F 統計量 (F-statistics)

各多型的遺伝子座における遺伝子型のハーディー・ワインベルグ比からのズレを示す。 $F_{is} = 1 - h_o / h_e$ による。固定指数が0に近い程ハーディー・ワインベルグ比からのズレが少ないことを示す。マイナス値はヘテロ接合体が多く、ホモ接合体の割合が少ないことを示す。

⑦遺伝子分化係数 (coefficient of gene differentiation)

分割された集団における遺伝子多様度の解析において 分集団間の相対的遺伝子分化の程度は $G_{ST} = D_{ST} / H_T$ で測られ、0~1まで変化し、0に近い程分集団間の分化の程度が低いことを示す。

$D_{ST} = H_T - H_S$ したがって $G_{ST} = (H_T - H_S) / H_T$ である。

⑧遺伝距離 (Nei's genetic distance) (Nei 1972)

分集団間の遺伝的差異を表すもので遺伝的同一度 (genetic identity) をもちいて $D = -\log_e I$ で表される。

$$\begin{aligned} \text{但し、} I &= J_{xy} / (J_x \cdot J_y)^{1/2} \quad , \quad J_x = \sum \sum x_{ij}^2 / r \quad , \\ J_y &= \sum \sum y_{ij}^2 / r \quad , \\ J_{xy} &= \sum \sum x_{ij} \cdot \sum \sum y_{ij} / r \end{aligned}$$

" x_{ij} " および " y_{ij} " は、それぞれ " x " 集団と " y " 集団における " i " 番目の遺伝子座の " j " 番目の対立遺伝子頻度を表す。

なお、主成分分析はSAS (SAS Institute Inc. 1985) のPRINCOMPプロシジャーを使って行った。

2. 小地域での林分内、林分間の遺伝変異

1) 聖・青蘆 (東無岳・わさび沢) の天然ヒノキ林、3林分の遺伝変異

聖・東無岳・わさび沢の3天然林分の遺伝的多様性を13遺伝子座を使って調べた。表5-1には、各林分の13遺伝子座での対立遺伝子頻度を示した。6Pg-1・Gdh・Dia-2の遺伝子座はすべての林分で単型であった。多型的遺伝子座の割合 (95%基準) は、わさび沢で53.8%・東無岳46.2%・聖69.2%であった。すべての遺伝子座での不偏平均ヘテロ接合体率 (期待値) (表5-2) は、東無岳 0.216・わさび沢0.202・聖0.265であった。

Lap 遺伝子座は6つの対立遺伝子を持ち、Shd-2は4つの対立遺伝子、Dia-1は3つの対立遺伝子を持っていた。他の7つの遺伝子座は単型の遺伝子座を除いて2つの対立遺伝子を持っていた。対立遺伝子の関係のいくつかは遺伝子分析からではなくそれらのバンドパターンから推論した。東無岳・わさび沢・聖の各林分の1遺伝子座当たりの平均対立遺伝子数 (N_e) は、それぞれ、1.92・1.85・2.23であった。1遺伝子座当たりの有効対立遺伝子数 (N_e) は、それぞれ、1.36・1.35・1.53であった。

表5-1. 青蘆（東無岳とわさび沢）と聖のヒノキ3林分における13遺伝子座
における対立遺伝子頻度

Table5-1. Allele frequencies for 13 isozyme loci in *Chamaecypris obtusa* in Aonagi
(Higashimutake and Wasabisawa) and Hijiri stands

Locus	Allele	Allele frequency			Mean \pm s.e.
		Aonagi		Hijiri	
		Higashi (27)	Wasabi (23)		
<i>Shd-1</i>	<i>a</i>	.037	.022	.162	.074 \pm .077
	<i>b</i>	.963	.978	.838	.926 \pm .077
<i>Shd-2</i>	<i>a</i>	.148	.130	.190	.156 \pm .030
	<i>b</i>	.815	.783	.532	.710 \pm .155
	<i>c</i>	.037	.087	.208	.111 \pm .088
	<i>d</i>	.000	.000	.069	.023 \pm .040
<i>6Pg-1</i>	<i>a</i>	1.000	1.000	1.000	1.000 \pm .000
<i>6Pg-2</i>	<i>a</i>	.630	.565	.519	.571 \pm .056
	<i>b</i>	.370	.435	.481	.429 \pm .056
<i>G6p</i>	<i>a</i>	.426	.500	.370	.432 \pm .065
	<i>b</i>	.574	.500	.630	.568 \pm .065
<i>Gdh</i>	<i>a</i>	1.000	1.000	1.000	1.000 \pm .000
<i>Dia-1</i>	<i>a</i>	.019	.043	.176	.079 \pm .085
	<i>b</i>	.389	.565	.412	.455 \pm .096
	<i>c</i>	.593	.391	.412	.465 \pm .111
<i>Dia-2</i>	<i>a</i>	1.000	1.000	1.000	1.000 \pm .000
<i>Pod</i>	<i>a</i>	.944	.826	.852	.874 \pm .062
	<i>b</i>	.056	.174	.148	.126 \pm .062
<i>Got-1</i>	<i>a</i>	.241	.130	.218	.196 \pm .058
	<i>b</i>	.759	.870	.782	.804 \pm .058
<i>Gk</i>	<i>a</i>	.963	1.000	.986	.983 \pm .019
	<i>b</i>	.037	.000	.014	.017 \pm .019
<i>Pgm</i>	<i>a</i>	.778	.957	.907	.881 \pm .092
	<i>b</i>	.222	.043	.093	.119 \pm .092
<i>Lap</i>	<i>a</i>	.981	.978	.926	.962 \pm .031
	<i>b</i>	.000	.022	.037	.020 \pm .019
	<i>c</i>	.000	.000	.019	.006 \pm .011
	<i>d</i>	.000	.000	.009	.003 \pm .005
	<i>e</i>	.019	.000	.000	.006 \pm .011
	<i>o</i>	.000	.000	.009	.003 \pm .005

Numbers in parenthesis indicate the sample size.

表5-2. 青雫（東無岳とわさび沢）と聖のヒノキ3林分における13遺伝子座のヘテロ接合体率の観察値と不偏期待値、およびその平均値

Table 5-2. Observed and unbiased expected heterozygosity and their means of those for 13 isozyme loci in *Chamaecyparis obtusa* in Aonagi (Higashimutake and Wasabisawa) and Hijiri stands

Locus	Observed			Expected				
	Aonagi	Hijiri	Mean	Aonagi	Hijiri	Mean		
	Higashi Wasabi			Higashi Wasabi				
<i>Shd-1</i>	.074	.043	.213	.110	.073	.044	.273	.130
<i>Shd-2</i>	.333	.348	.556	.412	.318	.370	.636	.441
<i>6PG-1</i>	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.000
<i>6Pg-1</i>	.593	.609	.426	.543	.475	.503	.502	.493
<i>G6p</i>	.333	.739	.426	.499	.498	.511	.468	.492
<i>Gdh</i>	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.000
<i>Dia-1</i>	.407	.435	.639	.494	.508	.538	.633	.560
<i>Dia-2</i>	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.000	.000
<i>Pod</i>	.111	.261	.259	.210	.108	.294	.253	.218
<i>Got-1</i>	.259	.261	.361	.294	.373	.231	.343	.316
<i>Gk</i>	.074	.000	.028	.034	.073	.000	.028	.034
<i>Pgm</i>	.296	.087	.185	.189	.352	.084	.170	.202
<i>Lap</i>	.037	.043	.037	.039	.038	.044	.141	.074
Mean	.194	.217	.240	.217	.216	.202	.265	.228
S. E.	.053	.070	.063	.058	.057	.060	.065	.058

ハーディー・ワインベルグ比からの隔たりは *Lap* 遺伝子座で有意であった。
この遺伝子座では、ヘテロ接合体の欠失が見られた。重み付けした F_{is} は、ハーディー・ワインベルグ平衡の期待値から23.2%超えていることを示していた。残りの12遺伝子座の F_{is} はハーディー・ワインベルグ平衡の期待値と合致した。

遺伝子の多様性の解析では、全遺伝的多様度 (H_T) は全遺伝子座の平均で0.315であり、全遺伝的変異の1.6%が、林分間の違いにあり、変異の98.4%が林分内であった(表5-3)。遺伝距離は、東無岳とわさび沢間で0.005であり、東無岳と聖間で0.007であり、わさび沢と聖間では0.011であった。聖の林分は遺伝距離に関しては他の2林分から最も離れていた。

Hamrick et al.(1981)は裸子植物20種のアロザイムの変異性についてデータを収集している。彼らは、多型的遺伝子座の割合の平均、1遺伝子座当たりの対立遺伝子数と20種の針葉樹の多型的指標(ヘテロ接合体率の期待値)を示した。これらの値は $67.7 \pm 4.9\% \cdot 2.29 \pm 0.14 \cdot 0.207 \pm 0.017\%$ であった。我々の研究においては、多型遺伝子座の平均割合は56.4%であり、1遺伝子座当たりの平均遺伝子数は2.00で、ヘテロ接合体率の期待値の平均は0.228であった。これらの結果は、Hamrick et al.(1981)によってまとめられた表と比較すると、多型的遺伝子座の割合の平均が低い値を示していた。一方、ヘテロ接合体率の期待値の平均はHamrick et al.(1981)の報告した値より大きかった。

Alden and Loopstra (1987)は標高に関してそれらの生育限界地点での樹木集団のヘテロ接合体率は、他の平地や中腹の集団と比較すると低くなく、ヘテロ接合体率と対立遺伝子頻度は標高に関係がなかったと報告している。

ここで調査した3林分はヒノキの天然分布の観点からみると相対的に高い標高に位置している。しかし、ヘテロ接合体率の標高的勾配(cline)の変化は同地域において標高の低い林分を調査していないので明らかにできなかった。

ハーディー・ワインベルグ比からの有意な隔たりが *Lap* 遺伝子座で見られた。

表5-3. 林分内と林分間のF統計量と遺伝子多様性
 Table 5-3. F statistics (F_{IS}) and gene diversity
 within and between stands

Locus	F_{IS}	H_T	H_S	G_{ST}
<i>Shd-1</i>	.142	.174	.165	.050
<i>Shd-2</i>	.054	.528	.508	.037
<i>GPg-1</i>	.000	.000	.000	.000
<i>GPg-2</i>	-.117	.493	.490	.007
<i>G6p</i>	.030	.486	.482	.008
<i>Gdh</i>	.000	.000	.000	.000
<i>Dia-1</i>	.104	.587	.579	.014
<i>Dia-2</i>	.000	.000	.000	.000
<i>Pod</i>	.021	.225	.224	.003
<i>Got-1</i>	.055	.325	.324	.001
<i>Gk</i>	-.032	.033	.033	.001
<i>Pgm</i>	.048	.206	.205	.005
<i>Lap</i>	.465**	.091	.090	.012
Mean	.059	.315	.310	.016
S. E.	.038	.062	.061	.005

** Significant at 1% level.

6つの対立遺伝子が検出されたがこれらの林分における *Lap* 遺伝子座は、*a* の対立遺伝子が最も合致した。希な対立遺伝子を伴う遺伝子型はおおくがホモ接合体であった。そして、*Lap* 遺伝子座はヌルの対立遺伝子を持っていた。

この遺伝子座でヌルの対立遺伝子がある時、ヌルの対立遺伝子を持ったヘテロ接合体は表現型でホモ接合体と識別できないことから正確な対立遺伝子頻度が得ることができなかった。ハーディー・ワインベルグの平衡から隔りの理由は、主にヌルの対立遺伝子があること、あるいは皆伐に近い伐採、収穫の結果によるものと思われる。

いま、このヒノキ林分間の遺伝的多様性を考えると、他の針葉樹から得られた G_{ST} 値 (Yeh and Layton 1979, Yeh and O'Malley 1980, Hiebert and Hamrick 1983) と比較したとき、この林分間の遺伝子の多様性は小さいことを示していた。

この林分間の類似性の主な原因は、これらの林分が1つの地域で非常に限られた近接した所に位置していることによると考えられる。多型的指標と遺伝距離の結果から、青蘆の2つの林分は互いに似ており、聖林分の遺伝的変異はこれら2林分の変異よりは大きかった。例えば、ヘテロ接合体率の期待値は約5%大きく、聖林分と他の2林分との遺伝距離は、それぞれ0.007と0.011であった。聖林分は他の2林分よりわずかに多様性が多かった。この理由の1つは、2つの林分を含む青蘆のヒノキ天然林では、かつて良いヒノキ樹群を収穫しており、そして現在残っているヒノキ樹群は伐採搬出することが難しい急勾配の場所にのみ残っていることである。聖の林分でも伐採収穫が行われたが、多くのヒノキが天然更新によって、既にそこに生育していたこと。一般的には、この人為的な選別の有様をアイソザイム変異性や多様性の違いから推論可能であるが、この流域には前記3林分以外に天然ヒノキの林分がなく、この推論は困難である。

Shiraishi et al. (1987) は日本の6つのヒノキ天然林集団で *Got* 遺伝子座の対立遺伝子頻度で遺伝的勾配 (cline) があることを報告している。本研究で調

査した *Got* 遺伝子座の対立遺伝子頻度は、彼らの研究での北の集団の *Got* 値と近かった。*Pod* の対立遺伝子ではそれらの集団で変異を示さず (Shiraishi et al. 1987)、コモンの対立遺伝子頻度の平均は0.855であった。本研究でのコモンの対立遺伝子頻度は0.874であり、Shiraishi et al. (1987) の *Pod* 値と近かった。これら2つの遺伝子座の対立遺伝子の構成から考えると静岡県北部のヒノキ集団は、ヒノキの中央集団 (木曾) に含まれると推測された。

2) 木曾のヒノキ天然林、9林分の遺伝変異

聖・東無岳・わさび沢の3林分は直線距離にして15 km以内にある林分であるが、40 km程度以内にある木曾の天然林、9林分について遺伝的な変異についての解析を行った (付表 2、3)。

使用した針葉は1年生実生苗である。これは木曾のヒノキ天然林、9林分の林床に seed trap を置き、trap毎に種子を採取・育苗し、各 trap から実生苗を1本ずつサンプリングした。seed trap は1林分当たり46~151個を設置した。種子のあまり入っていなかった seed trap があり、1林分当たり40~151個体のサンプリングとなり、平均約62個体となった。

表5-4に木曾ヒノキ9林分のヘテロ接合体率 (観察値と不偏期待値) 表をあげ、表5-5に遺伝的変異および固定指数をあげた。

多型的遺伝子座の割合は60-70%で平均61.1%であった。

対立遺伝子数 (N_a) は1.80~2.02で平均1.96であった。また、有効対立遺伝子数 (N_e) は1.27~1.33で平均1.30で、ヘテロ接合体率 (期待値) は0.192であった。これらの値を、聖・青蘆の集団と比較してみるとほとんど同じ値であった。

木曾の9林分の F -統計量と遺伝的多様性 (表5-6) についてみると、この木曾集団の遺伝子多様度 (H_T) は0.193であり、林分内遺伝子多様度 (H_s) は0.190である。 G_{ST} は0.0107で、林分間の変異は1.1%で、残り98.9%の変異が林分内に

表5-4. 木曾のヒノキ天然林9林分の10遺伝子座におけるヘテロ接合体率の観察値と不偏期待値表
 Table 5-4. Observed and unbiased expected heterozygosity and their means of that
 for 10 isozyme loci in 9 natural stands of *Chamaecyparis obtusa* in Kiso
 (Observed heterozygosity)

Locus	王滝1 Otaki -1	王滝2 Otaki -2	坂下1 Saka- shita-1	坂下2 Saka- shita-2	野尻1 Nojiri -1	野尻2 Nojiri -2	野尻3 Nojiri -3	上松 Age- matsu	木曾福島 Kiso- fukushima	平均 Average
<i>6Pg-1</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.040	0.000	0.000	0.007	0.000	0.005
<i>6Pg-2</i>	0.450	0.425	0.500	0.489	0.460	0.500	0.533	0.391	0.458	0.468
<i>G6p</i>	0.350	0.447	0.239	0.426	0.300	0.380	0.535	0.349	0.340	0.374
<i>Gdh</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Pod</i>	0.200	0.314	0.239	0.106	0.120	0.220	0.178	0.139	0.313	0.203
<i>Got-1</i>	0.425	0.437	0.391	0.383	0.400	0.429	0.378	0.503	0.438	0.420
<i>Got-2</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Gk</i>	0.211	0.080	0.227	0.279	0.102	0.020	0.130	0.107	0.063	0.136
<i>Pgm</i>	0.180	0.197	0.205	0.333	0.347	0.260	0.266	0.275	0.171	0.248
<i>Lap</i>	0.100	0.045	0.044	0.043	0.000	0.000	0.000	0.026	0.042	0.033
Mean	0.192	0.195	0.184	0.206	0.177	0.181	0.202	0.180	0.182	0.189
S. E.	0.054	0.061	0.055	0.062	0.057	0.064	0.069	0.059	0.059	

(Unbiased expected heterozygosity)

Locus	王滝1 Otaki -1	王滝2 Otaki -2	坂下1 Saka- shita-1	坂下2 Saka- shita-2	野尻1 Nojiri -1	野尻2 Nojiri -2	野尻3 Nojiri -3	上松 Age- matsu	木曾福島 Kiso- fukushima	平均 Average
<i>6pg-1</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.040	0.000	0.000	0.007	0.000	0.005
<i>6Pg-2</i>	0.514	0.451	0.443	0.438	0.432	0.460	0.493	0.388	0.462	0.453
<i>G6p</i>	0.297	0.386	0.245	0.404	0.432	0.403	0.482	0.331	0.339	0.369
<i>Gdh</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Pod</i>	0.182	0.282	0.276	0.139	0.114	0.198	0.164	0.152	0.295	0.200
<i>Got-1</i>	0.468	0.447	0.410	0.494	0.389	0.451	0.425	0.490	0.409	0.442
<i>Got-2</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Gk</i>	0.232	0.119	0.204	0.243	0.098	0.096	0.126	0.125	0.137	0.153
<i>Pgm</i>	0.190	0.222	0.228	0.292	0.347	0.231	0.257	0.284	0.198	0.250
<i>Lap</i>	0.097	0.045	0.043	0.042	0.000	0.078	0.044	0.039	0.041	0.048
Mean	0.198	0.195	0.185	0.205	0.185	0.192	0.199	0.181	0.188	0.192
S. E.	0.059	0.059	0.053	0.062	0.060	0.059	0.064	0.057	0.057	

表5-5. 木曾のヒノキ天然林9林分における遺伝的変異及び固定指数

Table 5-5. Genetic variation and fixation index for 9 natural stands of *C. obtusa* in Kiso

Stand	Sample size	Proportion of polymorphic loci ¹⁾	Effective no. of allele per locus	Heterozygosity		Fixation index ²⁾
				Obs.	Exp.	
王滝 1(Otaki 1)	40	0.7	1.32	0.192	0.198	-0.004
王滝 2(Otaki 2)	86	0.6	1.31	0.195	0.195	0.035
坂下 1(Sakashita 1)	46	0.6	1.27	0.185	0.185	-0.001
坂下 2(Sakashita 2)	47	0.6	1.33	0.206	0.205	-0.001
野尻 1(Nojiri 1)	50	0.6	1.29	0.177	0.185	0.010
野尻 2(Nojiri 2)	50	0.6	1.30	0.181	0.192	0.086
野尻 3(Nojiri 3)	45	0.6	1.33	0.202	0.199	-0.055
上松(Agematsu)	151	0.6	1.28	0.180	0.181	0.025
木曾福島(Kiso-fukushima)	48	0.6	1.29	0.183	0.188	0.082
平均	62.6	0.611	1.30	0.189	0.192	

1) The frequency of the most common allele is < 0.95 .

2) The mean of the F_{IS} for polymorphic loci.

表5-6. 木曾のヒノキ天然林9林分のF-統計量と遺伝的多様性
 Table 5-6. F statistics (F_{IS}) and gene diversity within and
 between 9 natural stands of *C. obtusa* in Kiso

Locus	F_{IS}	H_T	H_S	G_{ST}
<i>Gpg-1</i>	0.000	0.0052	0.0051	0.0151
<i>GPg-2</i>	-0.041	0.4532	0.4491	0.0092
<i>G6p</i>	-0.024	0.3725	0.3653	0.0195
<i>Gdh</i>	0.000	0.0000	0.0000	0.0000
<i>Pod</i>	-0.025	0.2018	0.1983	0.0172
<i>Got-1</i>	0.041	0.4449	0.4384	0.0146
<i>Got-2</i>	0.000	0.0000	0.0000	0.0000
<i>Gk</i>	0.105	0.1537	0.1516	0.0139
<i>Pgm</i>	-0.003	0.2492	0.2475	0.0069
<i>Lap</i>	-0.042	0.0478	0.0473	0.0108
Mean		0.1928	0.1903	0.0107
S. E.		0.0576	0.0569	0.0015

あることが判った。Hamrick et al.(1992)の裸子植物121種の全集団の遺伝子多様度 (H_T) は平均値0.281、集団内の遺伝子多様度 (H_S) は0.255で、 G_{ST} は0.073であるので、これと木曽のデータを比較すると集団、集団内、 G_{ST} とも低い値であった。樹種毎の G_{ST} の比較でも、モミ属の0.063・トウヒ属の0.055・マツ属の0.065・*Pseudotsuga* 属の0.074より低い値である。

聖・青蘆の集団と比較すると、木曽の集団は林分間の地理的距離が離れているにもかかわらず、変異量が少なく比較的同質の林分から成り立っている事が判った。

3. ヒノキ天然林集団のアイソザイム遺伝変異

全国のヒノキのアイソザイム遺伝的変異を調べるために、ヒノキの天然生育北限であるいわき市の赤井岳(福島県)から南へ、今市(栃木県)・秩父の東京大学秩父演習林(埼玉県)・聖岳(静岡県)・筑波大学井川演習林(静岡県)・木曽(長野県)・魚梁瀬(高知県)・白髪山(高知県)の8集団の遺伝的変異について調べた。日本でのヒノキの天然分布の南限は屋久島(鹿児島県)である。現在、九州にはヒノキの天然林はない。

筑波大学井川演習林のデータは、前述の東無岳林分(27個体)とわさび沢林分(23個体)が距離的に近いこと、個体数がそれぞれに少ないことから一つの集団として扱った。

秩父についても距離的に離れていないことから2林分を一つ集団として扱った。

木曽については、林分間の遺伝的変異量が1%程度あることから、これらの林分について各遺伝子座毎の遺伝子頻度について対立遺伝子頻度の不均一性の X^2 検定(Workmann and Niswander 1970)を行った。やはり、*G6p*・*Pod*・*Got-1*の各遺伝子座で5%水準で有意であり、*Pgm*の遺伝子座では1%水準で有意であった。しかし、木曽の各林分は比較的に均一な遺伝的構成であることから、9林分を

集計し、一つの集団として統計処理を行った。

ヒノキ天然林の8集団におけるアイソザイム10遺伝子座の遺伝子型頻度を付表4に、同遺伝子頻度を付表5に示した。

1) ヒノキ天然林の遺伝変異

ヒノキ天然林8集団における遺伝変異は、多型的遺伝子座の割合(95%基準)は40~60%であり、平均53.8%であった。この多型的遺伝子座の割合の中で、いわきの集団の*Pod* 遺伝子座が多型ではなく単型であった。他の7集団が0.434~0.789の範囲で多型であるのに対し、いわきのそれは0.970であった。このことはShiraishi et al.(1987)が報告したように対立遺伝子頻度が*Pod*^{*}で1.00ではなかったが、今回の分析でも*Pod*^{*}が0.985であり急激な遺伝子型頻度の単型化が見られた。

1遺伝子座当たりの対立遺伝子の有効数(N_e)は1.21~1.50で平均1.33であった(表5-7)。白髪山、魚梁瀬の集団では*Pod*と*Pgm*の遺伝子座での対立遺伝子の有効数は他集団より多い。

ヘテロ接合体率の期待値は0.127~0.260の範囲であり、平均0.193であった。ヘテロ接合体率は南の白髪山が一番高く、北のいわきが一番低くなる傾向を示した。さらに詳しく遺伝子座でみると、*Pod*・*Got-1*・*Pgm*の遺伝子座で東日本の集団でヘテロ接合体率の期待値が低くなる傾向にある(表5-7、-8)。

これらの値をHamrick et al.(1992)の集計と比較してみると、裸子植物102種の平均で、多型的遺伝子座の割合は53.4%で、1遺伝子座値の対立遺伝子の有効数は1.20、ヘテロ接合体率の期待値は0.151である。本研究における天然ヒノキはそれぞれ、53.8%・1.33・0.193であるので対立遺伝子の有効数、ヘテロ接合体率の割合がやや高い傾向にある。

遺伝子座毎の対立遺伝子頻度から、*Pod*・*Got-1*・*Pgm*の各遺伝子座で遺伝的

表5-7. ヒノキ天然林8集団における遺伝的変異および固定指数

Table 5-7. Genetic variation and fixation index of 8 natural populations of *C. obtusa*

Stands	Sample size	Proportion of polymorphic loci ¹⁾		Effective no. of alleles per locus	Heterozygosity		Fixation index ²⁾
					Obs.	Exp.	
いわき(Iwaki)	67	.50	.40	1.21	0.125	0.127	0.126
今市(Imaichi)	68	.60	.50	1.34	0.214	0.201	-0.059
秩父(Chichibu)	92	.60	.60	1.29	0.178	0.177	-0.015
聖(Hijiri)	108	.70	.60	1.31	0.172	0.190	0.130
井川(Ikawa)	50	.70	.50	1.31	0.189	0.186	0.016
木曾(Kiso)	563	.70	.60	1.30	0.187	0.191	0.026
魚梁瀬(Yanase)	52	.70	.50	1.35	0.209	0.214	-0.006
白髪山(Shiragayama)	54	.60	.60	1.50	0.236	0.260	0.140
平均	132	0.637	0.537	1.326	0.189	0.193	

¹⁾ The frequency of the most common allele is < 0.99 (left) and < 0.95 (right).

²⁾ The mean of the F_{IS} for polymorphic loci.

表5-8-1. ヒノキ天然林8集団におけるヘテロ接合体率(観察値)表

Table 5-8-1. Observed heterozygosity and their means of that for 10 isozyme loci of 8 natural populations of *C. obtusa* in Japan

(Observed heterozygosity)

Locus	いわき Iwaki	今市 Imaichi	秩父 Chichibu	聖 Hijiri	井川 Ikawa	木曾 Kiso	魚梁瀬 Yanase	白髪山 Shiragayama	平均 Average
<i>6Pg-1</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.005	0.000	0.000	0.001
<i>6Pg-2</i>	0.478	0.600	0.565	0.426	0.600	0.450	0.377	0.556	0.507
<i>6Gp</i>	0.522	0.522	0.446	0.426	0.520	0.373	0.396	0.444	0.456
<i>Gdh</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Pod</i>	0.030	0.302	0.191	0.259	0.225	0.199	0.235	0.358	0.225
<i>Got-1</i>	0.149	0.275	0.207	0.361	0.260	0.437	0.358	0.481	0.316
<i>Got-2</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Gk</i>	0.015	0.086	0.163	0.028	0.040	0.123	0.057	0.019	0.066
<i>Pgm</i>	0.045	0.357	0.198	0.185	0.200	0.251	0.604	0.444	0.286
<i>Lap</i>	0.015	0.000	0.011	0.037	0.040	0.032	0.058	0.056	0.031
Mean	0.125	0.214	0.178	0.172	0.189	0.187	0.209	0.236	0.189
S. E.	0.064	0.073	0.062	0.058	0.070	0.058	0.068	0.075	

表5-8-2. ヒノキ天然林8集団におけるヘテロ接合体率(不偏期待値)表

Table 5-8-2. Unbiased expected heterozygosity and their means of that for 10 isozyme loci of 8 natural populations of *C. obtusa* in Japan

(Unbiased expected heterozygosity)

Locus	いわき Iwaki	今市 Imaichi	秩父 Chichibu	聖 Hijiri	井川 Ikawa	木曾 Kiso	魚梁瀬 Yanase	白髪山 Shiragayama	平均 Average
<i>6Pg-1</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.005	0.000	0.000	0.001
<i>6Pg-2</i>	0.495	0.502	0.497	0.502	0.485	0.442	0.453	0.504	0.485
<i>6Gp</i>	0.421	0.500	0.497	0.469	0.502	0.367	0.364	0.435	0.444
<i>Gdh</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Pod</i>	0.030	0.321	0.209	0.254	0.240	0.199	0.342	0.479	0.259
<i>Got-1</i>	0.164	0.280	0.220	0.342	0.311	0.455	0.321	0.494	0.323
<i>Got-2</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Gk</i>	0.015	0.083	0.151	0.028	0.040	0.143	0.091	0.019	0.071
<i>Pgm</i>	0.128	0.328	0.182	0.169	0.243	0.255	0.481	0.548	0.292
<i>Lap</i>	0.015	0.000	0.011	0.141	0.040	0.045	0.093	0.122	0.058
Mean	0.127	0.201	0.177	0.190	0.186	0.191	0.214	0.260	0.193
S. E.	0.058	0.066	0.061	0.061	0.063	0.058	0.062	0.079	

勾配 (cline) が認められた。このうち *Got-1* の遺伝子座での遺伝的勾配は Shiraishi et al. (1987) が報告しているものと同じ結果である。 *Pod* と *Pgm* の遺伝子座での遺伝的勾配は今回初めて見いだされたものである。このように3つの遺伝子座で遺伝的勾配が見られることは、これらの遺伝子頻度は最終氷河期以降のヒノキの伝播、また気象的な環境等の要因による選択と関連している可能性がある。

しかし、今回の調査した集団数は、木曾から東日本側の天然林の集団が多く、木曾から西日本側について天然林の集団のデータが少ないので補完していく必要もある。

固定指数については、いわき・聖・白髪山の3集団が0.126~0.140と他集団より高い数値を示した(表5-7)。聖・白髪山の集団では *Lap* の遺伝子座の影響を受け、いわきは *Pgm* の遺伝子座の影響を受けて高い値になっている。*Lap* の遺伝子座はヌルの対立遺伝子を持つことによるものと思われる。*Pgm* の遺伝子座については不明である。

これら8集団間の遺伝的な差異を調べるために遺伝子多様度分析 (Nei 1973) を行った(表5-9)。全集団の遺伝子多様度 (H_T) の平均値は0.201で、集団間の変異によるものの割合の平均はその内の3%であり、残りの大部分、97%は集団内にあることが判った。この G_{ST} については遺伝子座によって割合が異なり、*Pod*・*Got-1*・*Pgm* の遺伝子座では6~7%の割合であり、これらの遺伝子座が集団間で変異が多いことを示している。このことは前述のこれら遺伝子座におけるヘテロ接合体率(期待値)の東日本への低下、遺伝的勾配 (cline) の結果と一致した。

遺伝的変異について比較的狭い区域、やや広い区域、広い区域でのデータで比較できたが、集団内の変異が大きく、集団間の変異が1.1~3.0%程度の変化を示したに過ぎない。多くの針葉樹はこの傾向をもつことが判明している。すなわち、広い生育範囲と、高い生産性をもち、風媒・他殖性で、かつ、寿命が長く、植生

表5-9. ヒノキ天然林8集団のF統計量と遺伝的多様性
 Table 5-9. F statistics (F_{IS}) and gene diversity within
 and between 8 natural populations of *C. obtusa* in Japan

Locus	F_{IS}	H_T	H_S	G_{ST}
<i>6pg-1</i>	0.000	0.0007	0.0007	0.0024
<i>6Pg-2</i>	-0.052	0.4883	0.4815	0.0140
<i>GGp</i>	-0.034	0.4570	0.4413	0.0345
<i>Gdh</i>	0.000	0.0000	0.0000	0.0000
<i>Pod</i>	-0.127	0.2774	0.2571	0.0734
<i>Got-1</i>	0.016	0.3436	0.3212	0.0652
<i>Got-2</i>	0.000	0.0000	0.0000	0.0000
<i>Gk</i>	0.024	0.0722	0.0706	0.0216
<i>Pgm</i>	0.013	0.3097	0.2895	0.0653
<i>Lap</i>	0.647	0.0594	0.0581	0.0223
Mean		0.2008	0.1920	0.0299
S. E.		0.0618	0.0596	0.0071

遷移の後期に出現する樹種は遺伝的変異量が多いのが普通であり、針葉樹はそれに該当している (Hamrick et al. 1981)。

上記の数値を他の木本植物と比較をしてみると、オオシラビソでは多型遺伝子座 (95%基準) の割合0.153、1遺伝子座当たりの対立遺伝子の有効数1.08、ヘテロ接合体率 (期待値) は0.054、全集団の遺伝的多様性 (H_T) は0.0625と少なく、集団内の遺伝的多様性 (H_S) は0.0535と非常に低いことを報告している (陶山 1991)。

西日本のスギ天然林では H_T が0.1736・ H_S が0.1704・ G_{ST} が0.0156 (Tsumura and Ohba 1992)、東日本のブナ天然林では H_T ・ H_S ・ G_{ST} がそれぞれ0.195・0.192・0.014であった (高橋 1992)。これら2樹種と比較するとヒノキの方が遺伝的変異がやや高い。裸子植物121種の平均で全遺伝的多様性 (H_T) は0.281、集団内の遺伝的多様性 (H_S) は0.255、集団間の変異 (G_{ST}) は0.073となっている (Hamrick et al. 1992)。これとヒノキの数値と比較するとヒノキの H_T (0.201)、 H_S (0.192) とともに小さく、集団間遺伝的差異 (G_{ST}) も0.030と小さいことが判った。

これらの集団間の遺伝的な組成から遺伝的同一度 (gene identity) と遺伝距離 (genetic distance) (Nei 1972) を調べた (表5-10)。遺伝的同一度は0.964~1.000の範囲にある。白髪山が他の集団より遺伝的差異が大きいことが明瞭に判別できるが、他の林分間での関係については標準誤差が大きくはっきりしない。遺伝距離についても0.001~0.039の範囲であるが、同様であった (図5-1)。

これらの遺伝子座のうち変異のなかった *Gdh* の遺伝子座を除いた残りの9遺伝子座でコモンの対立遺伝子頻度を使って主成分分析を行った (図5-2)。

X軸上の第1主成分で分別される集団をみると、右側 (+) からいわき・秩父・井川・聖・今市・木曾・魚梁瀬・白髪山の順となっており、今市を除いて地理的

表5-10. ヒノキ天然林8集団の遺伝的同一度(右上)および遺伝距離(左下)
 Table 5-10. Genetic identities (above diagonal) and genetic distances
 (below diagonal) between 8 natural populations of *C. obtusa*

Stand	いわき Iwaki	今市 Imaichi	秩父 Chichibu	聖 Hijiri	井川 Ikawa	木曾 Kiso	魚梁瀬 Yanase	白髪山 Shiragayama
いわき(Iwaki)	-----	0.992	0.997	0.996	0.994	0.989	0.988	0.964
今市 (Imaichi)	0.008	-----	0.999	0.998	1.000	0.987	0.991	0.983
秩父 (Chichibu)	0.003	0.001	-----	0.998	1.000	0.988	0.988	0.972
聖 (Hijiri)	0.004	0.002	0.002	-----	0.999	0.992	0.990	0.981
井川 (Ikawa)	0.006	0.000	0.000	0.001	-----	0.990	0.991	0.979
木曾 (Kiso)	0.011	0.013	0.012	0.008	0.010	-----	0.992	0.981
魚梁瀬(Yanase)	0.012	0.009	0.012	0.010	0.009	0.008	-----	0.988
白髪山(Shiragayama)	0.037	0.017	0.029	0.019	0.021	0.019	0.012	-----

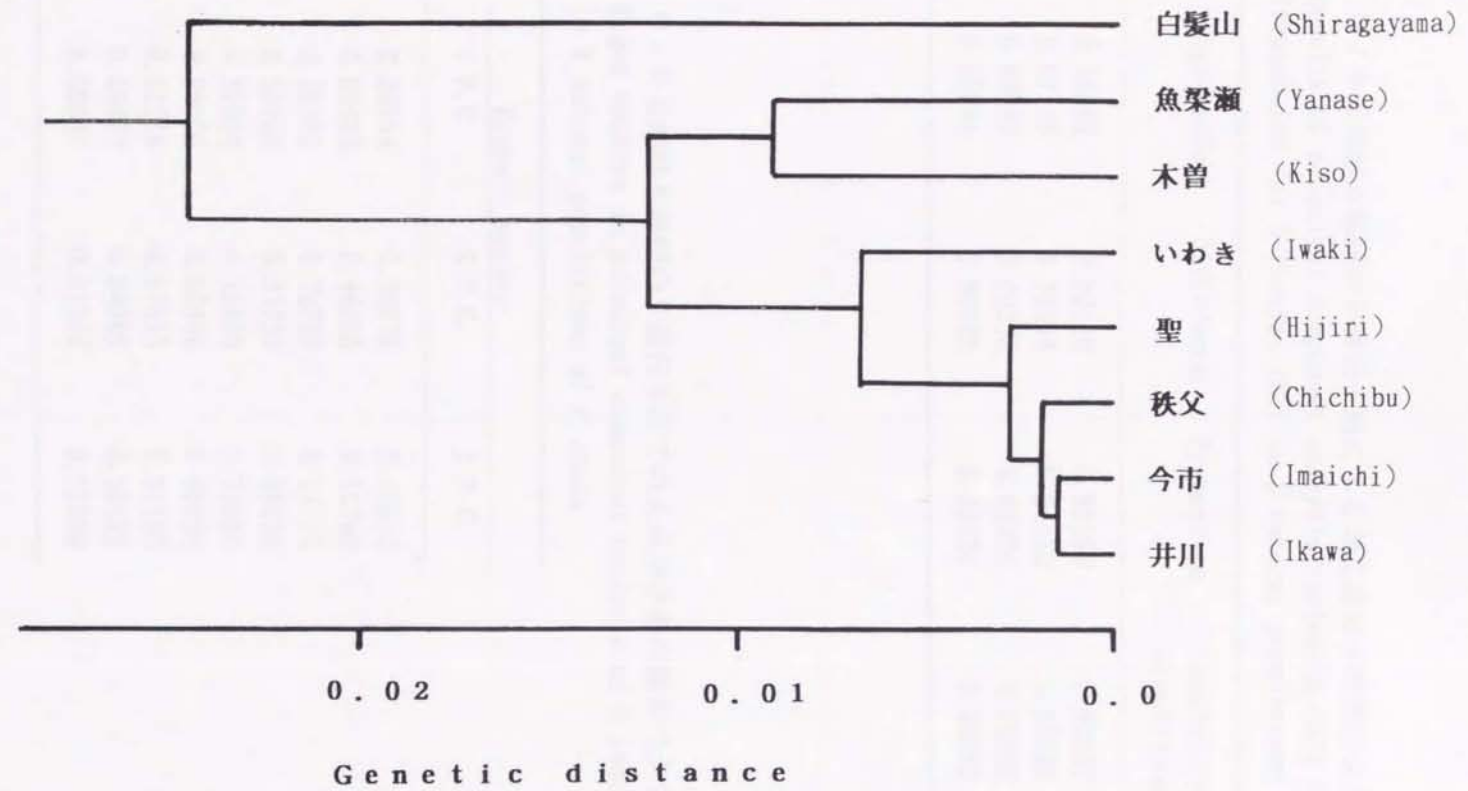


図5-1. ヒノキ天然林8集団の遺伝距離によるクラスター分析の樹状図

Fig. 5-1. Dendrogram from cluster analysis based on Nei's genetic distance for 8 natural populations of *C. obtusa*.

表5-11. ヒノキ天然林8集団の9遺伝子座による対立遺伝子頻度による主成分分析
 Table 5-11. Results of principal component analysis including data of common allele frequencies for 9 isozyme loci in 8 natural populations of *C. obtusa*

Component	Eigen value	Difference	Proportion	Cumulative proportion
1. P. C.	0.03302	0.02186	0.62557	0.62557
2. P. C.	0.01115	0.00593	0.21132	0.83688
3. P. C.	0.00522	0.00278	0.09894	0.93583
4. P. C.	0.00244	0.00186	0.04624	0.98583

表5-12. ヒノキ天然林8集団の9遺伝子座での主成分分析の固有ベクトル
 Table 5-12. Eigen vectors in principal component analysis of 9 isozyme loci in 8 natural populations of *C. obtusa*

Locus	Eigen vector		
	1 P. C.	2 P. C.	3 P. C.
1. <i>6Pg-1</i>	0.00044	-0.00678	0.00810
2. <i>6Pg-2</i>	-0.00933	0.46596	0.13746
3. <i>G6p</i>	-0.18369	0.78202	0.14119
4. <i>Pod</i>	0.55136	0.37237	-0.06506
5. <i>Got-1</i>	0.52969	-0.15808	0.78060
6. <i>Got-2</i>	0.00000	0.00000	0.00000
7. <i>Gk</i>	-0.02268	-0.07513	0.01193
8. <i>Pgm</i>	0.60977	0.04265	-0.58523
9. <i>Lap</i>	0.09631	-0.01332	0.06999

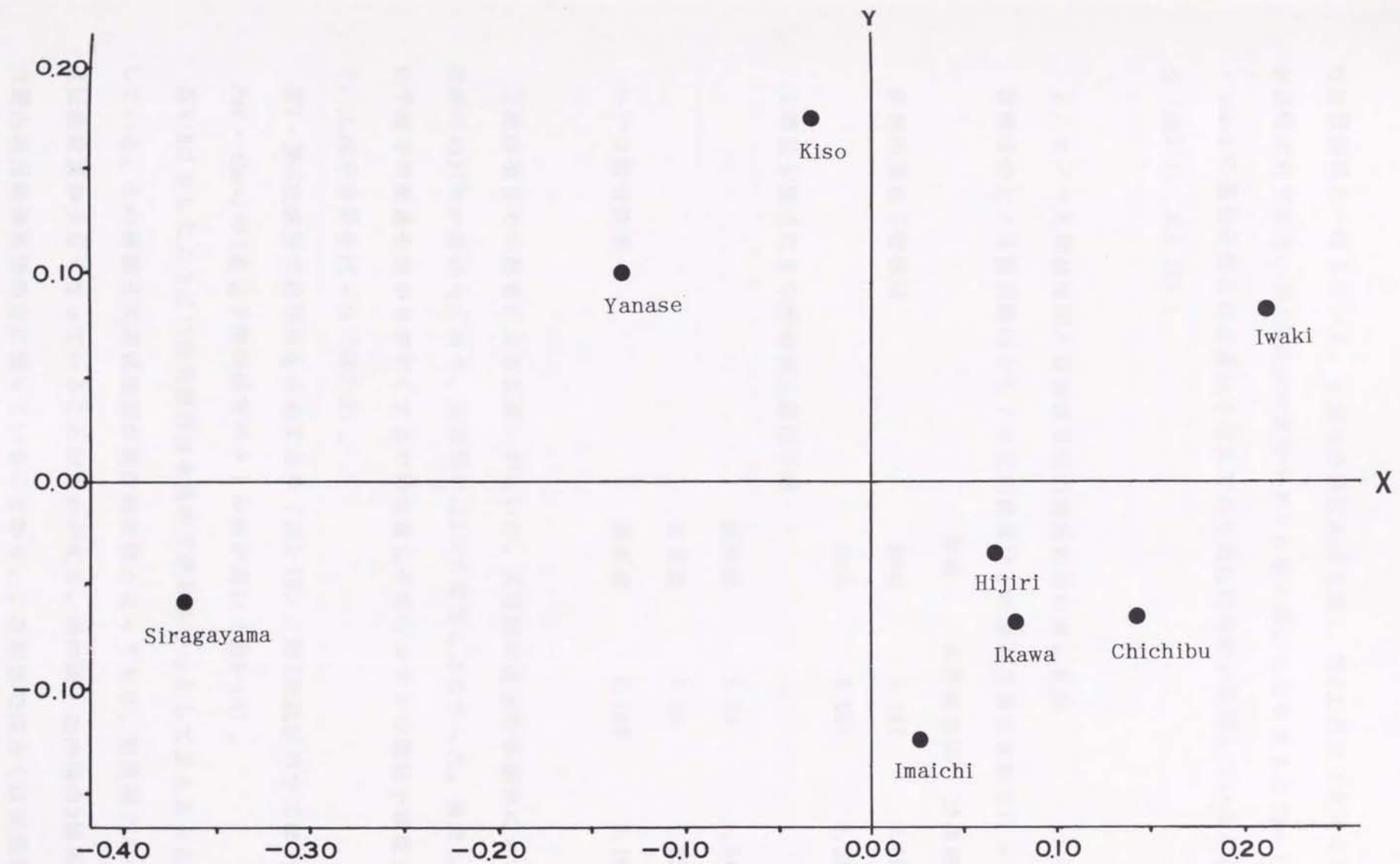


図5-2. ヒノキ天然林8集団の9遺伝子座9遺伝子頻度による主成分分析の散布図

Fig.5-2. Scatter diagram of 8 natural populations of *C. obtusa*,
based on 9 allele frequency at 9 isozyme loci.

The "X" and "Y" axes are first and second principal components, respectively.

な位置関係と一致している。主成分分析における第1、第2主成分で全体の約84%が説明されており、第1主成分の固有ベクトル値の高いものを見ると *Pgm*・*Pod*・*Got-1* の遺伝子座の対立遺伝子頻度であり遺伝的勾配が影響していることが判る（表5-11、表5-12）。

2) ヒノキ天然林集団と育種区単位の精英樹群の遺伝変異

育種区のヒノキ精英樹群とヒノキ天然林集団との遺伝変異の比較を行った。

	基準	天然林集団	精英樹群
多型的遺伝子座数は	99%	0.637	0.692
	95%	0.537	0.567

1 遺伝子座当たりの平均対立遺伝子数

	観察値	天然林集団	精英樹群
	観察値	1.94	1.84
	有効数	1.33	1.32
ヘテロ接合体率	観察値	0.189	0.187

上記の項目での数値に大きな違いがないが、天然林の遺伝的多様性において全変異の約97%が集団内にあり、集団間には3%の変異しかなかった。調査した10遺伝子座での相違を分かりやすくするため各遺伝子座のコモンの遺伝子頻度を使って、主成分分析を行った（図5-3）。

第1・第2主成分で約70%を占めており（表5-13）、第1主成分の中では *Pgm*・*Pod*・*Got-1* の3遺伝子座の固有ベクトル値が高い（表5-14）。

図5-3に示したように12精英樹群は木曾の天然林を中心としてまとまった分布をしている。その周囲を天然林集団が囲む散布図となっており、精英樹グループの遺伝的変異が少なくなっていることがうかがえる。南四国・北四国の2精英樹群が白髪山の天然林集団の方に偏っていることから、この地区では古くは天然林から

表5-13. ヒノキ天然林8集団と12精英樹群の主成分分析

Table 5-13. Results of principal component analysis including data of common allele frequencies for 9 isozyme loci in 8 natural populations and 12 plus-tree groups of *C. obtusa*

Component	Eigen value	Difference	Proportion	Cumulative Proportion
1. P.C.	0.0153	0.0071	0.4507	0.4507
2. P.C.	0.0082	0.0044	0.2412	0.6919
3. P.C.	0.0038	0.0004	0.1131	0.8050
4. P.C.	0.0034	0.0009	0.1000	0.9050

表5-14. ヒノキ天然林8集団との12精英樹群の主成分分析の固有ベクトル

Table 5-14. Eigen vectors in principal component analysis of common allele frequency for 9 isozyme loci in 8 natural populations and 12 plus-tree groups of *C. obtusa*

Locus	allele	Eigen vector		
		1. P. C.	2. P. C.	3. P. C.
<i>6Pg-1</i>	<i>a</i>	-0.0006	-0.0004	-0.0054
<i>6Pg-2</i>	<i>a</i>	-0.0338	0.4612	0.2325
<i>G6p</i>	<i>b</i>	-0.4445	0.5937	0.4526
<i>Pod</i>	<i>a</i>	0.5432	0.4600	-0.3279
<i>Got-1</i>	<i>b</i>	0.3339	0.4126	-0.2244
<i>Got-2</i>	<i>a</i>	0.0140	-0.0286	0.0307
<i>Gk</i>	<i>a</i>	0.0031	-0.0836	-0.1454
<i>Pgm</i>	<i>a</i>	0.6254	-0.1822	0.7456
<i>Lap</i>	<i>a</i>	0.0583	0.1096	-0.0724

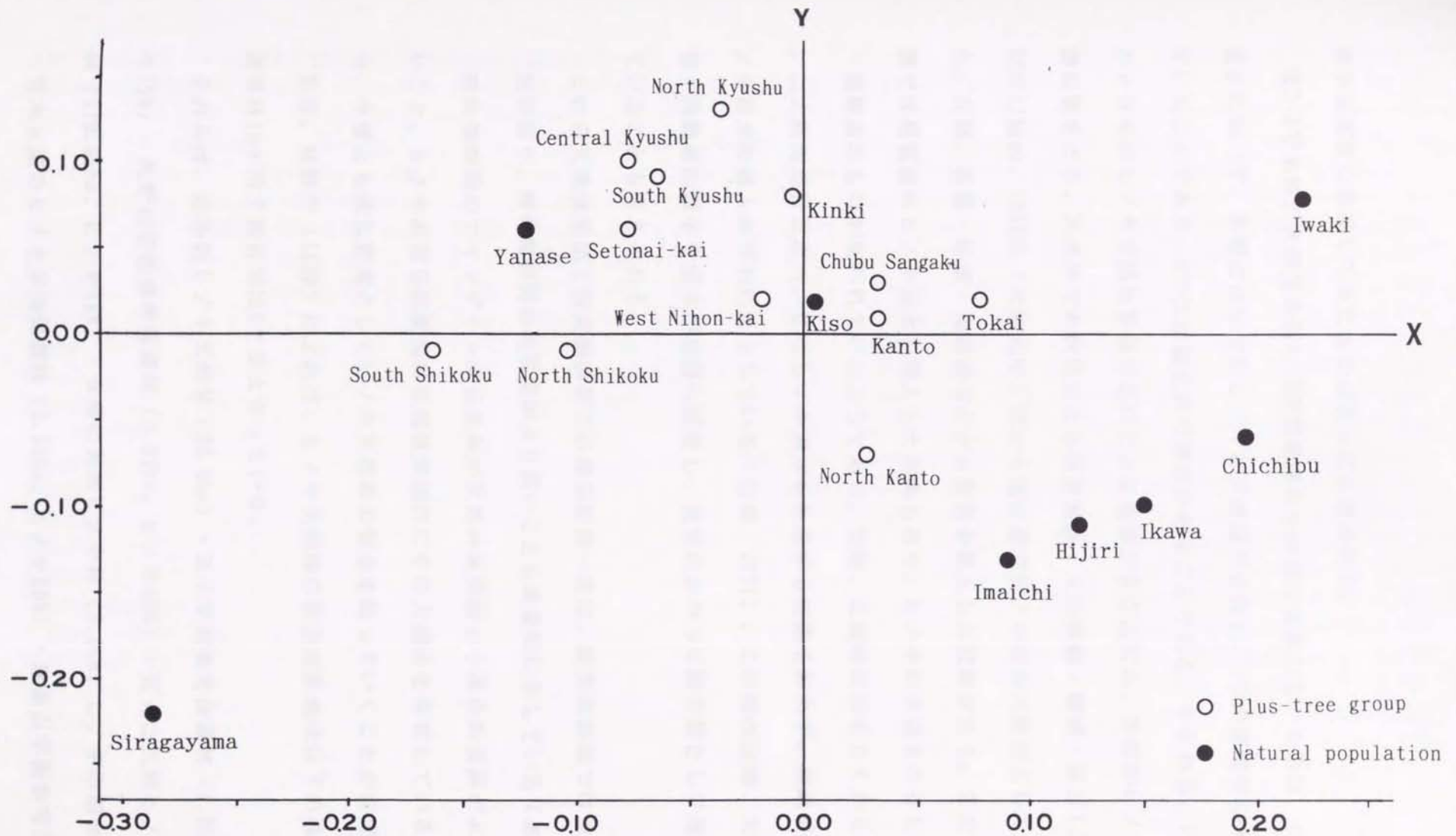


図5-3. 9遺伝子座9遺伝子頻度によるヒノキ天然林8集団と12精英樹群の主成分分析の散布図

Fig. 5-3. Scatter diagram of 8 natural populations and 12 plus-tree groups of *C. obtusa*, based on 9 allele frequencies at 9 isozyme loci.

The "X" and "Y" axes are first and second principal components, respectively.

種子を採取し造林してきたものがあったと思われる。

図5-3で木曾の天然林集団が12精英樹群の中央部に位置しているのは、1つには過去において、木曾には広大なヒノキの天然林が分布し、1つの繁殖中心を形成していたことであり、2つには歴史的な背景があることである。すなわち、17世紀頃から日本のヒノキ天然林資源は乱伐による荒廃が目立はじめ、各藩がヒノキの保護政策をとり、天然林での択伐による保育更新・人工植栽・播種・直ざしなどを試行し始め、1688年（元禄元年）頃から徳山藩でヒノキ苗を大阪苗として購入した。以降、萩藩・津藩・福岡藩などが大阪苗を購入した記録がある。また、福島藩では尾張産のヒノキ苗木を購入した記録もあり、ヒノキの本場ものとして木曾・飛騨産のものが使われていたようである。当時、造園の技術を古くから持っていた大阪池田付近以外、まだヒノキ苗木を生産する技術を持たず、他地域ではヒノキ苗木の購入が行われたとしている（佐藤 1971）。この時代以降、大阪・木曾・飛騨産の種子や苗木が全国へ拡散し、幾世代かのちに精英樹として選抜されていることも考えられる。

これら天然林集団と精英樹群間での遺伝的同一度は、精英樹群間では遺伝的同一度が高く、精英樹群間の均質度がより高いことを数量的に示している（表5-15）。

精英樹群間のアイソザイム遺伝変異が天然林集団間より遺伝的変異がより少ないこと、ヒノキの遺伝的変異は天然林集団内にその大部分を保有していることから、今後とも遺伝資源としてヒノキ天然林の保全を図っていくことが重要である。

現在、林野庁（1986）によれば、ヒノキ天然林の保全対象地は以下の通りで、国有林14ヶ所で民有林は3ヶ所となっている。

それらは、赤井岳ヒノキ天然林（23.0ha）・玉生学術参考保護林（1.6ha、ヒノキ75%）・矢野口学術参考保護林（8.89ha、ヒノキ62%）・天丸山天然ヒノキ保護林（119.35ha、ヒノキ19%）・女形の天然ヒノキ林（5.0ha、ヒノキの割合不明）
・青木ヶ原のヒノキ学術保護林（0.96ha、ヒノキ80%）・鹿島山学術参考保護林

表5-15. ヒノキ天然林8集団と12精英樹群の遺伝的同一度

Table 5-15. Genetic identities between 8 natural populations and 12 plus-tree groups of *C. obtusa*

	Imaichi Iwaki	Hijiri Chichibu	Ikawa	Kiso Yanase	Shiragayama N. Kanto	Kanto C. Sangaku	Tokai	Setonai-kai Kinki	N. Shikoku W. Nihon-kai	S. Shikoku	N. Kyushu C. Kyushu	S. Kyushu								
Iwaki	-----	0.992	0.997	0.996	0.994	0.989	0.988	0.964	0.995	0.996	0.996	0.996	0.994	0.991	0.993	0.990	0.982	0.993	0.990	0.991
Imaichi	-----	0.999	0.998	1.000	0.987	0.991	0.983	1.000	0.997	0.996	0.998	0.994	0.991	0.993	0.993	0.987	0.990	0.990	0.992	
Chichibu	-----	0.998	1.000	0.988	0.988	0.972	0.997	0.997	0.997	0.996	0.998	0.993	0.990	0.992	0.990	0.983	0.990	0.987	0.990	
Hijiri	-----	0.999	0.992	0.990	0.981	0.999	0.997	0.997	0.997	0.997	0.994	0.992	0.994	0.994	0.987	0.990	0.989	0.991		
Ikawa	-----	0.990	0.991	0.979	0.998	0.998	0.998	1.000	0.995	0.992	0.992	0.991	0.983	0.992	0.989	0.993				
Kiso	-----	0.992	0.981	0.992	0.996	0.996	0.994	0.994	0.994	0.992	0.994	0.985	0.995	0.988	0.992					
Yanase	-----	0.988	0.995	0.998	0.999	0.997	1.000	1.000	0.997	0.999	0.996	1.000	1.000	1.000						
Shiragayama	-----	0.987	0.984	0.983	0.979	0.981	0.986	0.983	0.991	0.989	0.979	0.982	0.984							
N. Kanto	-----	0.999	0.999	0.999	0.997	0.995	0.999	0.997	0.990	0.994	0.997	0.996								
Kanto	-----	1.000	1.000	1.000	0.999	0.998	0.998	0.992	0.999	0.997	0.999									
C. Sangaku	-----	1.000	1.000	0.999	0.999	0.998	0.991	1.000	0.998	0.999										
Tokai	-----	1.000	0.997	0.997	0.996	0.998	0.999	0.996	0.998											
Kinki	-----	1.000	0.997	0.999	0.994	1.000	0.998	1.000												
Setonai-kai	-----	0.997	1.000	0.997	1.000	0.998	1.000													
W. Nihon-kai	-----	0.998	0.991	0.997	1.000	0.998														
N. Shikoku	-----	1.000	0.998	0.997	0.997															
S. Shikoku	-----	0.993	0.991	0.992																
N. Kyusyu	-----	0.999	1.000																	
C. Kyusyu	-----	1.000																		
S. Kyusyu	-----																			

(41.96ha、ヒノキ80%)・木曾ヒノキ保護林(83.81ha、ヒノキ平均60%)・御前岳(406.79ha、ヒノキの割合不明)・大杉谷学術参考保護林(16.96ha、ヒノキの割合不明)・摩耶山学術参考保護林(33.55ha、ヒノキ3ha)・音水学術参考保護林(48.28ha、ヒノキ3.4ha)・高野山学術参考保護林(29.95ha、ヒノキ4.79ha)・別子ヒノキ天然林(4.47ha、ヒノキ4.47ha)・魚梁瀬特別母樹林(194.07ha、ヒノキ平均1.8%)・白髪山ヒノキを主とする保護林(22.89ha、ヒノキ22.89ha)・屋久島第1保護林(1,143ha、ヒノキ1%)、などである。しかし、学術参考保護林は必ずしも天然林を指すものではないことも留意する必要がある。

第6章 総合考察

ヒノキは古くからわが国の重要な造林樹種である。現在、ヒノキの人工林面積は240万haに達し、スギの約440万haについて第2位をしめている。1957年度から全国規模で開始された精英樹選抜育種事業においても重要な育種対象樹種となった。しかし、その遺伝育種に関する研究の蓄積はスギに比べ非常に少ないのが現状である。

ヒノキの樹高・胸高直径・枝張りなどの成長形質の遺伝率については、明石・戸田(1967)・明石ら(1970)・八幡ら(1971)の報告が早期のものである。井出(1982)はヒノキの種子産地別の19系統の成長比較を行い、系統間に差はあるものの苗畑と林地での10年時の成長とは相関がないことを報告している。また、ヒノキの選抜育種の効果については、井出(1984)・Kurino and Shingai(1987)ほか報告している。

ヒノキの花芽誘導については、環状剥皮が効果的である。ジベレリンはスギの場合より効果は少ないが、枝を剥皮して埋め込むことも効果がある(金川・勝田1983)。育種を意図したヒノキとサワラの種間交雑は、野原(1943a、1943b、1944a、1944b、1984)が1932~1933に実施したものが最初で、その両親の自殖および F_1 の約50年生樹の計10個体が、現在、森林総合研究所多摩森林科学園(旧浅川実験林)で保存されている。山本・福原(1980)はヒノキとサワラの自然、自家、種内他家および種間受粉における球果とタネのでき方を調査し、両樹種の自殖による種子生産への相対的生産力は、30%を越える値が多く、近親交配による種子生産へのマイナス効果は少ないと報告している。大庭ら(1973)はスギ精英樹約100個体の自殖種子の発芽率は個体間の差は大きい、多くの場合、5%以下に低下し、スギ精英樹の他家受粉種子の平均値は17%であったことを報告している。

前田(1982)はヒノキとサワラの種間交雑におけるガンマー線照射に関する研究において、非還元の花粉や卵細胞に由来した3倍体が生じたことを報告した。

大黒・岡村(1987)はヒノキ属の種間雑種(ヒノキ×サワラおよびローソンヒノキ)について形態および細胞学的研究を行い、サワラ×ヒノキ以外の雑種苗について針葉形態、体細胞染色体から2倍体、3倍体の存在を認め、相同、非相同染色体について調査している。橋詰ら(1983)は中国山地のヒノキ天然林の産地間および林分間について、針葉のパーオキシダーゼアイソザイムのバンド数、各バンドの出現頻度などを用いて、集団間と林分間に遺伝的差異を認めている。また、バンドの不一致指数によって家系の広がりを見出し、ある個体を中心にして半径20m以内に親子兄妹など遺伝的な近縁個体が多く存在すると報告している。過去にはこのような解析手法が用いられたが、アイソザイムの発現が試料採取の時期、実験条件などによって安定しない場合があるため、最近では、遺伝解析を行って遺伝子座レベルでの研究が主体となっている。

ヒノキでは大庭(1972)が白葉、糸屋・前田(1982)が白子・黄子・淡緑色苗、大庭・山手(1974、1975)が白子・黄子・淡緑色苗の主働遺伝子の存在を推定している。これらの遺伝子の対立性の検定はまだ実施されていない。これらの遺伝子はその存在頻度が低いため、一般的には集団遺伝の研究には不適である。

1. ヒノキの遺伝子分析

アイソザイムの遺伝子については、その分析技術が急速に進歩し、樹木の葉・内皮・種子などの組織を用い分析ができるようになった。とくに針葉樹の雌性配偶体(胚乳)は母親由来の半数体(n)であるため比較的大粒の種子を生ずるマツ類・トウヒ類では自然受粉種子によって個体の遺伝子型の推定が可能である。

胚乳あるいは交雑実生で遺伝子分析がなされた樹種では天然林・人工林の個体別針葉アイソザイム分析によって、各個体の遺伝子型、ひいてはその集団の遺伝子型頻度が推定できる。

以上のような背景によって、本研究ではまず、ヒノキのアイソザイムの遺伝子分析を行った。

ヒノキの遺伝子分析では、以下の11酵素種、14遺伝子座が明らかにされた。

酵素名	省略形	遺伝子座
シキミ酸脱水素酵素 (ShDH)	Sdh	<i>Shd-1</i> 、 <i>Shd-2</i>
6-ホスホグルコン酸脱水素酵素 (6PGD)	6Pg	<i>6Pg-1</i> 、 <i>6Pg-2</i>
グルコース-6-リン酸脱水素酵素 (G6PD)	G6p	<i>G6p</i>
グルタミン酸脱水素酵素 (GDH)	Gdh	<i>Gdh</i>
ジアホラーゼ (DIA)	Dia	<i>Dia-1</i> 、 <i>Dia-2</i>
パーオキシダーゼ (POD)	Pod	<i>Pod</i>
アスパラギン酸脱水素酵素 (GOT)	Got	<i>Got-1</i>
グルコキナーゼ (GK)	Gk	<i>Gk</i>
ホスホグルコムターゼ (PGM)	Pgm	<i>Pgm</i>
エステラーゼ (EST)	Est	<i>Est</i>
ロイシンアミノペプチダーゼ (LAP)	Lap	<i>Lap</i>
計	11 酵素	14 遺伝子座

この他に *Got-2* 遺伝子座の存在も明らかになり、計15遺伝子座となった。この他、清藤 (1992a) がアイソザイム分析によりメナジオン還元酵素・グルタチオン還元酵素・アミラーゼ・グルコースリン酸イソメラーゼ・リンゴ酸酵素の5遺伝子座とジアホラーゼ・ロイシンアミノペプチダーゼ・ホスホグルコムターゼ・シキミ酸脱水素酵素でそれぞれ1遺伝子座の計9遺伝子座を推定している。

本研究以前のヒノキに関するアイソザイムの分析は、パーオキシダーゼ・アスパラギン酸アミノ転移酵素の両酵素だけで行われていたので、今回の遺伝子分析で遺伝子型での個体識別が格段によくなった。しかし、ヒノキの遺伝・育種をさらに推進していく上で、上記の酵素種やこのほかの酵素種での標識遺伝子について引き続き注意を払い確認していく必要がある。

2. 南郷檜のクローン分析

スギでは九州地方・北陸地方・千葉県山武などにさし木在来品種が多く存在している。約200以上の品種が古くからあり、品種間の識別のはっきりしないもの、あるいは混同されているものがある。最近、アイソザイムによるスギの在来品種のクローン分析が行われ、今までの形態上の分類分けからアイソザイム遺伝子型による系統分類をする研究がなされ、成果をあげている（奥泉 1990）。

ヒノキでは、さし木の在来品種は南郷檜しかない。熊本県の阿蘇周辺ではまだ多くの南郷檜の人工林が存在していると思われる。また、他の社寺にも南郷檜と思われるヒノキがあり（例えば、幣立神社）、遺伝子型を調べることや生立木の樹齢測定により江戸時代以降のヒノキの育林技術および造林用苗木の伝播などの情報が得られる可能性を持っている。しかし、調査した社寺林以外は神聖なものとして針葉の採取さえ難しい状況にある。

南郷檜についてはさし木発根性が良いクローンであることから、発見されてから各種試験に使われ報告されている。橋詰・若宮（1986a, b）、橋詰・小林（1986）はヒノキの耐やせ地性育種等に関する基礎的研究において南郷檜とヒノキ在来品種を使って肥沃地とやせ地の水ポテンシャルなどの比較を行っている。諫本（1989）は、とっくり病の発生の多い条件について調査あるいは試験を行い、さし木ヒノキがとっくり病に強いことも報告している。これらに使われた南郷檜がどの遺伝子型のものなのか無論不明である。

南郷檜の老齢樹を43本、成熟林で5林分の268本、実生の1林分63本、3人の生産業者による苗木216本のアイソザイム遺伝子型を分析調査した。その結果、Nos. 1～32の遺伝子型を検出した（Uchida et al. 1993a）。

南郷檜には、社寺林では72%、成熟林では68%、さし木苗では48%を占める遺伝子型No. 14の主要なクローンがあること。つぎに存在比の大きな遺伝子型No. 18とNo. 8の2つのクローンがあり成熟林分やさし木苗に見られること。また樹齢の異な

るグループで、少数のマイナーなクローンがあることを見いだした。遺伝子型No. 14のクローンは古くから南郷檜と云われるものと考えられること。No. 18のクローンは南郷谷の篤林家馬原広雄氏の所有の林地（表3-6. Mature stand 3）で50%と多くを占めていた。この林地は2つの林齢の樹林から構成されていることが判別でき、高樹齢のものは明らかにNo. 14のクローンであり、No. 18は樹齢60-70年と揃っていることや他の林分ではこの遺伝子型のクローンがほとんど出てこないことから、このクローンの導入は篤林家馬原広雄氏による可能性が高い。

南郷檜には、主要な3クローンのほかに樹齢の異なるグループで少数のマイナーなクローンがあることを見い出している。今後、これらのクローンの材質を含めた特性を明らかにしておくことが南郷檜というクローンを保全し、増殖していく過程で必要となる。

逆に、唯一のヒノキ在来品種である南郷檜のクローン系統を保全し、育成していくことを考えるならば、今回調査したさし木苗の中のマイナーな遺伝子型をもったものは、採穂をしている母樹の樹齢が若く、老齢樹や成熟林分にはこの遺伝子型の個体がないことからさし木在来品種の南郷檜であるかどうかの疑念がもたれる。遺伝子型がNos. 28~32の採穂母樹については、成熟個体を見だし、南郷檜の特徴を確認するまで採穂を中止するか、あるいは南郷檜の特徴をもち成熟林が存在するNos. 1~27の遺伝子型の個体から採穂母樹を育成していくよう指導すべきと考える。

また、実生林分において、南郷檜と同じ遺伝子型を持つものが8個体あった。この林分は直径の太いもの、細いものが混在していることや南郷檜の伐採施業は林分単位ではなく1本1本の単木施業を行っていることなどから、南郷檜の大部分を伐採した後に実生の苗木を植えたことも考えられる。少なくとも、自然交雑によって偶然に南郷檜と同じ遺伝子型の個体が生じたとは考えにくい。詳しくは樹齢の測定に待つほかない。

このほかに、この地方には古くからヒノキについてホンピとサクラヒの区別がある。これはヒノキの京都系、高野系といわれるものと類似するものである。成長、材質などに差があることが云われているが、まだ意見の一致が見られていない。この識別は篤林家でないとできない面が多々あることからアイソザイムの遺伝子型との対応も非常に興味がある事象である。

今回の南郷檜のアイソザイムによるクローン分析において、さし木増殖であることから同一遺伝子型の個体は同じグループに属すると推定した。この手法で、現在の南郷檜林分の遺伝的特性の調査を一層深く進めることが可能になった。

すなわち、調査対象林分において個体別にアイソザイム遺伝子型を調べることにより、南郷檜の植栽林を各クローンの不均等数構成の単木混交植栽の試験地として利用できる。このことにより、新たにさし木苗を用いて試験地を造成する経費・時間・多くの作業、特に成林に要する長い年数を省くことができる。

3. ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝変異

現在、精英樹の採種園から供給されるヒノキの種苗は、育種種苗として国有林では100%使用されており、民間をあわせても51%が使用されている。このことは普通母樹からの種子の割合が少なくなっていることを意味しており、精英樹の遺伝変異がそのまま日本のヒノキの今後の遺伝変異を規制していくことになると考えてよい。

本論文の一部である研究結果はアイソザイム11遺伝子座に限りて云えば精英樹群は大きな遺伝変異を持っているとは考えにくい状況にある (Uchida et al. 1993b)。Shiraishi et al. (1987) は、全国11箇所 (大分・愛媛・高知・山口・岡山・和歌山・京都・静岡・茨城・宮城・岩手) の樹齢66-82年生の人工林について調べ、*Pod* と *Got* の遺伝子座ではほとんど差異がなく、これらの種子源が限られた地域であることを示唆していた。

今回の精英樹の11遺伝子座での研究結果でも遺伝変異が少なく、Shiraishi et

al. (1987) の報告と非常に似た結果といえる。天然林を含めた主成分分析の結果から木曾の天然林が種子源となっている可能性も高い。同様に、天然林と各育種区の精英樹群の主成分分析の散布図を見る限り、これらのアイソザイム遺伝子座では、ほとんどの精英樹群は遺伝的に大きな違いが見られず、各育種区を越え、隣接した精英樹間の交雑利用ができる可能性を持っている。しかし、主成分分析の散布図において南・北両四国育種区の精英樹群と北関東・西日本海の両育種区の精英樹群が他の8群と幾分離れて分布したことは、四国のヒノキ精英樹群には遺伝的独自性があること、また、ヒノキの分布北限近くでの遺伝子の自然選択の影響などが推測される。

Na'iem et al. (1991) は、わが国の精英樹選抜育種事業において天然林から選抜されたアカマツ精英樹を育種区別に群分けし、雌性配偶体を用いてアイソザイムの10酵素種の計16遺伝子座の遺伝子分析を行った。各育種区間の遺伝的変異に大きな差異は見られなかった。しかし、各精英樹の遺伝子型で正準判別分析をした結果、関東地域の高標高地方（長野県・群馬県・栃木県）で選抜された精英樹群が他群と幾分離れた分布を示したことを見だし、それは正準判別変量が負値の $Adh^c \cdot Shd-2^e \cdot 6Pg-1^a \cdot 6Pg-2^{a,d} \cdot Dia-1^a \cdot Pgm^b$ によるものであり、何らかの選抜要因が関与したものと推測している。これはヒノキと同じく結果的にはアイソザイム遺伝子が、自然選択に全く無縁ではないことを示している。

戸丸 (1991) は秋田県から奈良県にわたる6地域のスギ人工林44林分および4育種基本区の15育種区で選抜された精英樹1,941個体のアイソザイム分析を行い遺伝変異を解析した。スギ人工林のアイソザイム変異は、スギ天然林についての既往の報告のものと同程度か、やや大きいと述べている。林分間の遺伝距離の平均値は0.008と僅少であったが、秋田の阿仁と奈良の吉野の林分間の遺伝距離は0.019と幾分大きめの値であった。また、 $6Pg-1^b$ と $Dia-3^a$ の対立遺伝子頻度に左右された正準判別変量の絶対値が大きく、かつ符号がそれぞれ正と負と逆の結果で

あった。正準判別の散布図において他の林分は、この両者の間に分布し、地域的な変異が見られた。人工林から選抜された精英樹群で推定された遺伝変異量は先述の人工林と同程度かあるいは幾分小さかった。一方、6Pg-1^bの対立遺伝子頻度が東北地方で低く、九州地方で高いという分布傾向があった。さらに主成分分析では九州の精英樹と東北の精英樹間に遺伝的な差異が大きいことを認めている。

これらの結果は、本研究におけるヒノキとほぼ類似した傾向を持っているものと考えられる。

4. ヒノキ天然林のアイソザイム遺伝変異

ヘテロ接合体率が北日本へ行くに従い低下していくこと、本研究の遺伝距離によるクラスター分析の樹状図およびShiraishi et al. (1987)の報告から、ヒノキは最終氷河期に四国の白髪山・屋久島などに隔離され、その後に北方へ伝播して行ったものと思われる。木曾地方はヒノキの生育に適したことから大面積の分布となり、江戸時代の乱伐とそれからの保護政策などでその面積を保持してきているものでヘテロ接合体率・遺伝距離等からは木曾がヒノキ本来の中心郷土であったとは考えにくい。

オオシラビソについては飛騨地方が中心郷土と推測されている(陶山 1991)。ヒノキについては耐寒性がオオシラビソほどないことから、もっと南下した地点が過去の中心郷土になったものと思われる。戦後、九州においてヒノキの天然林分布が皆無となり九州における天然林の調査は不能であるが、屋久島を始め、残りの天然林の遺伝変異を早急に収集する必要がある。

アイソザイム11遺伝子座による天然林の分析結果は3つの遺伝子座で遺伝的勾配が見られたことから他の樹種より遺伝変異が大きく現れている。遺伝子頻度の主成分分析によれば精英樹群と天然林は同一とは見られず、精英樹群は天然林より遺伝変異は小さい。今後、天然林の保全を図りながら精英樹群に天然林のより幅広い遺伝子を取り込むことが必要である。

これらの研究は今後のヒノキの遺伝育種を考える上で広い利用が考えられる。精英樹群と天然林の主成分分析の結果は、人工林、天然林を問わず、任意の林分についてその林分のアイソザイム分析データを用いることにより、その林分の遺伝的な位置付けができることにある。今までに、先人により各地にヒノキの試験地などが設けられているが、古い試験地ほど種苗の出所など基本的情報がないことが多い。その場合、種子の産地などのおおよそをアイソザイム分析、主成分分析で推測することができる。また、その生育成績などを利用することができる可能性もある。

例えば、著者らは波佐見ヒノキについて調査し口頭報告した（平成5年第104回日本林学会大会）。これは長崎県東彼杵郡波佐見町一帯にある樹冠幅が極端に狭いヒノキがクローンであるのか否か、また種子の出所など不明とされているものである。これらの林分が植栽された当時、長崎県には採種園がなく、他県から種子が導入されたことが判明している。普通の樹冠幅を示す2林分と樹冠幅の狭い4林分について針葉のアイソザイム分析を行った結果は、いずれの林分も実生であることは一目瞭然であって、狭い樹冠幅の発生原因は土壌条件によると判断した。しかし、種子の産地入手先については不明であった。今回の精英樹群と天然林の主成分分析から、①これら6林分の種子産地が全部異なること、②人工林からの採取された種子と思われ、③波佐見3・4区の種子産地が近畿育種区に近いこと、④その他の区の種子は木曾より東日本で採取されている可能性が強く、⑤普通ヒノキの2区は関東育種区の種子と波佐見1区は東海育種区と類似していることなどが判明する（図6-1）。

林木育種においては、林木の1世代が早くても40数年から100年程度かかることから、農作物の育種のように10数代の交雑世代を経過して優良個体群を選抜することは不可能である。このため林木育種は現存集団からの集団選抜を基本にしている。しかも、植栽した地域での自然環境は人為的に制御することがで

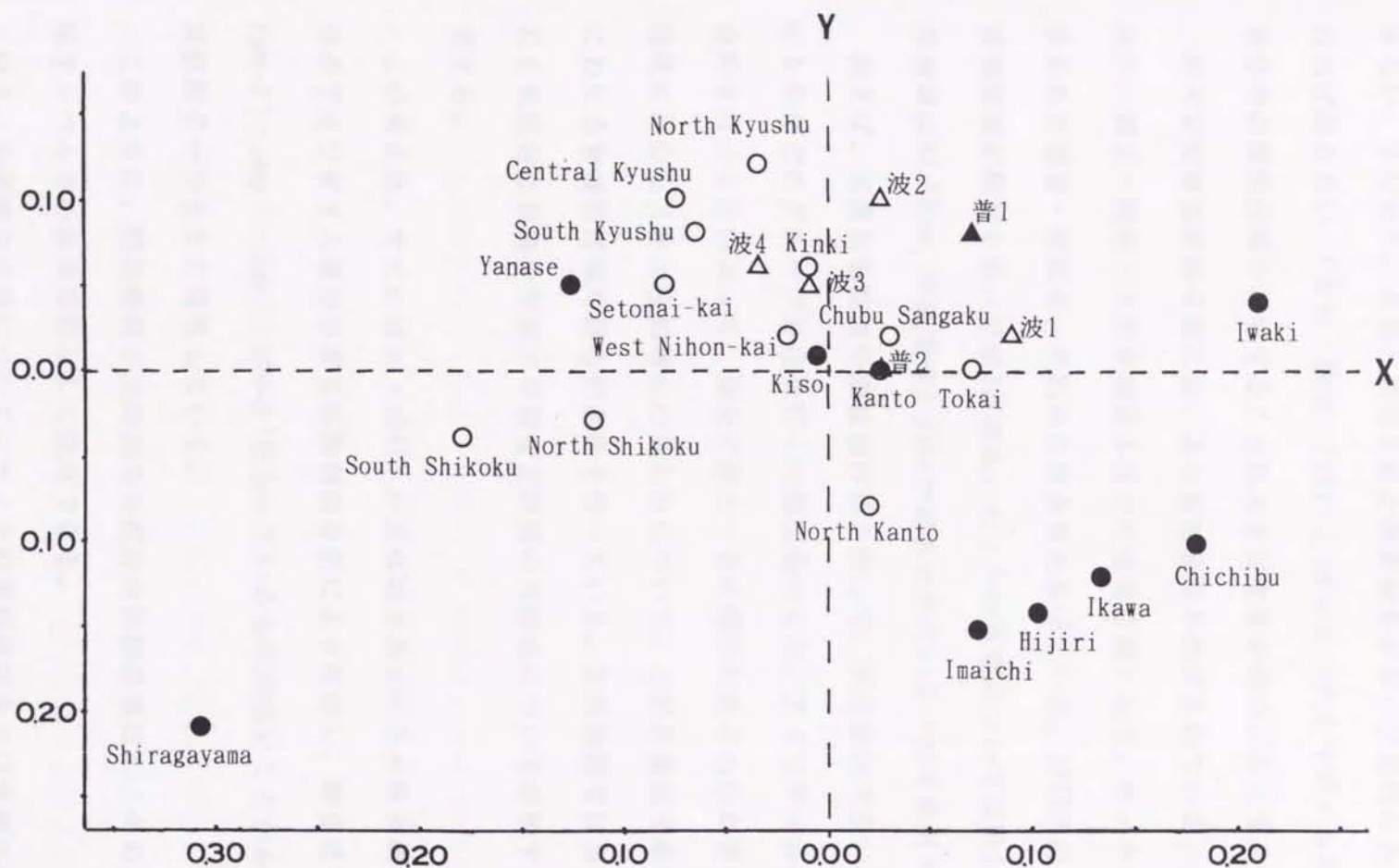


図6-1. 主成分分析によるヒノキ天然林、ヒノキ精英樹群と波佐見ヒノキと普通ヒノキの散布図

Fig. 6-1. Scatter diagram of 8 natural stands, 12 hinoki plus-tree groups, 4 Hasami stands and 2 normal stands of hinoki, resulting from principal component analysis based on 9 allele frequencies at 9 isozyme loci. Axis X and axis Y are first and second principal components, respectively.

● natural population, ○ Plus-tree group, △ Hasami hinoki stand, ▲ normal hinoki stand

きない特徴がある。そのため、林業の場合は育種と林業経営を切り離すことができない。すなわち、育種と種苗生産と林業経営が同一の系列に入って運営されなければならない（大庭・勝田 1991）。従って、アイソザイムの分析により成熟林分等の種苗産地が判明することは大きな意味を持つことになる。

林木育種事業運営要綱には、主な育種目標が掲げられている。一般共通目標のほか、関東・関西・九州育種基本区での地域目標として、ヒノキには気象害抵抗性をあげ凍害・寒風害・それらの複合害をあげている。1970年から気象害抵抗性育種事業が開始され、平成3年現在、ヒノキの寒害については約1,200本選抜され、採種園は34.88ha、採穂園は0.05haが造成されている（林木育種センター 1993）。

例えば、気象害抵抗性の選抜個体群を使って、抵抗性の大きいもの、あまりないものなどのグループ分けを行った集団をつくり、アイソザイム分析をし主成分分析を行うことによって、遺伝子座と一定の傾向があるものか否か、また、地域環境に適合してきた天然林との関わりについて、上記の遺伝子座群との間で多岐にわたる育種的情報を得る可能性を持っている。自然状態では長年月を要するこれら抵抗性の有無の判別で早期検定評価の可能性について示唆するものがあると考える。

この考えは、すでに倉本（1991）が東北地方選出のスギ精英樹および耐雪性個体のアイソザイム遺伝子型を正準判別分析により解析し、耐雪性個体には $Pgm-2^*$ ・ Aap^* ・ Lap^* ・ $Got-2^*$ をもっているものが多いことから成木の早期検定技術の一つとして報告している。

このように、精英樹群と天然林の主成分分析結果等はヒノキのアイソザイム遺伝子レベルでの基準尺度として使用できる。

以上、本研究の成果について、ヒノキの遺伝研究および育種への利用についてみるならば、アイソザイムの遺伝子分析により14遺伝子座25の対立遺伝子を標識遺伝子として使うことにより遺伝子レベルでの個体の分別を飛躍的に高めた。こ

れを用いた南郷檜のクローン分析は南郷檜における混合クローンを明らかにし、また実生林分の遺伝子型が多様なことも示した。今後、南郷檜の材質・形質などの調査研究についてアイソザイム分析により個体識別されたクローンによる不均等数の単木試験を可能にした。南郷檜は混合クローンであり、遺伝的に同一のものをグループ分けできることから、南郷檜について幼齢林から成熟林まで各樹齢、各種立地条件の林分で同様にクローン分析をし個体識別を行い、各種調査を行うことにより、クローンレベルでの成長、形質などの特性およびこれらに関連する立地条件との関係が試験地を造成することなく、また、その成長を待つまでもなく短期間に飛躍的に明らかにでき、育種への対応も考えられる。

人工林から選抜された精英樹の88%、878個体についてアイソザイム遺伝子型を明らかにし（付表1-1～1-14）、今後の交雑をはじめとするクローン管理の基礎資料とした。精英樹群間の主成分分析により精英樹群間での違いがあまりないことを明らかにし、精英樹群間を越えた交雑の可能性を示した。

また、1970年の林業種苗法による「ヒノキ種苗の配布区域」（図6-2）では、①東北・北陸、②関東・東海・中部・近畿・中国・四国、③九州に3区分し、九州地区は独立した配布区としている。しかし、九州地区には天然林がなく主成分分析においても他の精英樹群と大きな違いが認められないことから九州地区のみを区分する意味を失ってきていると思われる。

天然林あるいは精英樹群と天然林の主成分分析の結果は、今後のヒノキ育種を考える上での基準尺度となるもので、最も有効性が高いと考えている。この研究における第1主成分上での日本列島の南北にわたる *Pgm*・*Pod*・*Got-1* の遺伝子座における遺伝的勾配と第2主成分上の *G6p*・*6Pg-2* などのアイソザイム遺伝子座の遺伝子頻度は、何らかの基準を基に分別分けされたヒノキグループについて、アイソザイム分析を行い主成分分析を行うことにより各種の遺伝育種情報を得ることが考えられ、ヒノキの育種の母材検定の効率化、時間短縮をもたらすことが



図 6 - 2. ヒノキ種苗の配布区域

Fig.6-2. The seed and seedling transfer zone of hinoki in Japan.

期待される。

ヒノキの地史時代の分布の中心は四国・屋久島地域にあったものと考えられ、屋久島は国立公園の特別保護地区に指定されているので人為的な攪乱の恐れはない。四国のヒノキ天然林の保存については今後とも特別な配慮が必要である。

一方、分布北限地域のヒノキは気候的要因による選択を受け、適応性を増した集団と想定されることからそれらの保存にも留意すべきある。

特に天然林の保全は面積的、本数的に消滅に類した危険な状態にあり、早急に現地外保存を図る必要がある。

摘要

ヒノキはスギと並んで日本における重要な樹種であり、平成2年度には樹林地面積の23%にあたる240万haの人工林面積をもっており、人工林植栽面積はスギよりも多く、約27,400haとなっている。このような重要な樹種であるにも係わらず、スギと比べ、その遺伝的特性等の研究成果の蓄積は非常に少ない状況にある。

そこで、本研究において、次の4項目の課題について研究した。1) ヒノキのアイソザイム標識遺伝子の検出、2) アイソザイム標識遺伝子によるヒノキのさし木在来品種・南郷檜のクローン分析、3) ヒノキ精英樹群のアイソザイム遺伝変異、さらに、4) ヒノキの天然林のアイソザイム遺伝変異

1) ヒノキのアイソザイム標識遺伝子の検出

標識遺伝子を検出するためヒノキ精英樹間の交雑家系、11家系を用いて12酵素種のアイソザイムを調べた。アイソザイムによる遺伝子分析は、針葉組織について平板ポリアクリルアミドゲル垂直電気泳動法を用いて行った。その結果、10酵素種(①シキミ酸脱水素酵素・②6-ホスホグルコン酸脱水素酵素・③グルコース-6-リン酸脱水素酵素・④ジアホラーゼ・⑤パーオキシダーゼ・⑥アスパラギン酸アミノ転移酵素・⑦グルコキナーゼ・⑧ホスホグルコムターゼ・⑨エステラーゼ・⑩ロイシンアミノペプチダーゼ)で遺伝変異が見られた。そして、これらは少なくとも14の遺伝子座に支配されていることが明らかになった。このうち12遺伝子座は本研究によって明らかにされたものであり、2遺伝子座(*Pod*・*Got-1*)は田島ら(1977)、白石・上中(1983)、白石ら(1986)の報告のものと同一であった。

2) アイソザイム遺伝子によるヒノキのさし木在来品種、南郷檜のクローン分析

南郷檜とは、九州、熊本の阿蘇周辺で200~300年前から直さしあるいはさし木苗で造林されてきたわが国では唯一のヒノキのさし木在来品種である。この南郷

檜の樹齡の異なる3グループの個体群についてアイソザイムの遺伝子型を分析調査した。すなわち、社寺10個所の南郷檜の採穂母樹との言い伝えがある樹齡100年以上の社寺林の老齡木43個体、樹齡50~100年の成熟林6林分の331個体および個別の採穂園を所有している3人の苗木生産者から入手したさし木苗216本を供試した。

南郷檜は200~300年にわたりさし木繁殖直さしで造林され、混合クローンとみなされてきたことから、調査したアイソザイム11遺伝子座について同じ遺伝子型と判定された個体は同一クローン（以下クローン）とみなして分別した。その結果、社寺の老齡樹は10クローンに分別でき、その内の1つのクローンが72.1%を占めていた。成熟林分では22のクローンに分別でき、主要な2つのクローンがそれぞれ67.9%と11.9%を占めていた。3人の苗木生産者の採穂園の苗木では14のクローンに分別でき、主要な3クローンがそれぞれ、47.7%・18.1%・16.3%を占めていた。3つのグループで最も高い割合を占めていた遺伝子型は3樹齡群を通じて共通であった。南郷檜はその遺伝子型の混合割合から非常に純度の高いものであった。成熟林分と採穂園での主要な2つのクローンもそれぞれ共通の遺伝子型であり、この3クローンがいわゆる南郷檜の主体をなしていることが判明した。

南郷檜全体では27の異なった遺伝子型を持っていることが判り、さし木苗ではそれ以外に5つの遺伝子型が検出された。南郷檜が老齡樹、成熟林、苗木と樹齡が若くなるに従いその構成する樹木の遺伝子型の異なったクローン数が多くなることから、幼齡のヒノキ実生林分からの採穂の添加によって南郷檜のクローンが変化し、多様化しつつあることが推測された。

アイソザイムの遺伝子型によるクローン識別技術を用いることにより、南郷檜の植栽林を各クローンの不均等数構成の単木混交植栽の試験地として利用できる。このことにより、新たにさし木苗を用いて試験地を造成する経費、時間、多くの作業、特に成林に要する長い年数を省くことができる。

3) ヒノキ精英樹群のアイソザイム遺伝変異

1957年から開始された精英樹選抜事業により、成長が良く、幹の通直性、狭い枝張りなど形質の優れた精英樹 (plus-tree) が選抜された。それらのクローンで採種園を造成し、事業用種苗が生産され、平成3年度には全国の山行苗の51%を占めている。

ヒノキ精英樹は現在の育種種苗の母本であると同時に、また将来の育種母材となる重要なものである。現在、わが国の林木育種事業においては、地域環境区分 (育種区) を設け、各種の育種事業が実地されており、ヒノキの精英樹は12育種区で選抜されている。各育種区の精英樹群間の変異についてアイソザイム遺伝子頻度を指標として調査した。

ヒノキ精英樹は平成3年度で1,034本登録されており、人工林から995本、天然林から39本が選抜されている。本州・四国・九州の12育種区の人工林からの選抜木995本の遺伝的な差異を調べるため、878個体 (88%) についてアイソザイム分析を行い、それらの遺伝変異を調査した。

多型遺伝子座の割合 (95%基準)、1遺伝子座当たりの対立遺伝子数、平均ヘテロ接合体率は、それぞれ56.7・1.84・0.187であった。

育種区毎にまとめた精英樹群間の遺伝的同一度 (対立遺伝子頻度の類似度) は0.988以上で、精英樹群間の遺伝的差異が少ないことが判明した。しかし、対立遺伝子頻度を用いた主成分分析によって北四国・南四国・瀬戸内海の3精英樹群が他の北九州・中九州・南九州・近畿・関東・東海・中部山岳・西日本海・北関東の各群と第1主成分上で分かれ、さらに西日本海・北関東の2群が第2主成分上でやや分かれていることが判明した。これは主としてクラスター間の $6Pg-2 \cdot G6p \cdot Pod$ の対立遺伝子頻度の違いによるものであった。

4) ヒノキ天然林のアイソザイム遺伝変異

ヒノキ天然林ではどの程度のアイソザイム遺伝変異をもっているのかを調べた。

調査した集団は、いわき（福島県、赤井岳）・今市（栃木県）・秩父（埼玉県、東京大学秩父演習林内、2林分）・聖（静岡県、聖岳）・井川（静岡県、筑波大学井川演習林内、2林分）・木曾（長野県、9林分）・魚梁瀬（高知県）・白髪山（高知県）の8集団である。小地域の遺伝的変異を聖、井川の2林分でしらべ、さらに広い地域の木曾の9林分について調べた。遺伝的多様性は聖・井川地域で $H_T \cdot H_S \cdot G_{ST}$ がそれぞれ $0.315 \cdot 0.310 \cdot 0.016$ であり、木曾の9林分では、同じく、 $0.1928 \cdot 0.1903 \cdot 0.0107$ であった。木曾の9林分は面積的には広い地域に分布しているが遺伝変異が少なく、均一な集団であることが判った。

全国的な広がりでのヒノキ天然林の8集団では $H_T \cdot H_S \cdot G_{ST}$ は、それぞれ $0.2008 \cdot 0.1920 \cdot 0.0299$ であった。これらの数値はオオシラビソ（陶山 1991）、スギ（Tsumura and Ohba 1992）、ブナ（高橋 1992）より大きく、全変異量、集団内と集団間の変異がともに多いことを示していた。しかし、他の裸子植物との平均値（Hamrick et al. 1992）よりは低かった。

また、ヘテロ接合体率（ H_e ）が東日本へ行くに従い減少傾向にあることが判った。

Shiraishi et al. (1987) により *Got-1* の遺伝子座で南から北へ低下する遺伝的勾配が見いだされていたが、本研究においても *Got-1* のほか、*Pod*・*Pgm* の遺伝子座でも同様な遺伝的勾配がみられた。これらが遺伝的変異を大きくしているものと考えられた。この遺伝的勾配（クライン）はヒノキの地史的な伝播、繁殖中心の有様、すなわち過去の繁殖中心は日本の南西部にあったことによって生じたものと推測された。

天然林集団と精英樹群との主成分分析の結果では、木曾の天然林9林分の遺伝変異と精英樹群の遺伝変異との違いが少なかった。また、南四国・北四国の精英樹群が中央集団より離れ、やや白髪山の集団の方へ近寄った散布図となっていることから、これらの両育種区の精英樹のなかには、昔、これら天然林からの採種に

よる後代に由来する経緯があるのかも知れない。そのほかの天然林の集団は精英樹群より幅広い遺伝子変異を保有していることが主成分分析の散布図から判明したが、遺伝的同一度については明瞭ではなかった。

ヒノキに限らず天然林は遺伝的変異の大部分を集団内に持っており、集団間のアイソザイム遺伝変異はわずか数%に過ぎないが四国地方で選抜された精英樹は白髪山の集団と類似した遺伝組成を持っていることが判明した。近時、木曾地方のヒノキ美林が有名であったが地史的には四国、屋久島が繁殖中心であった。さらに、伝播の過程で地域適応性について選択が働いたものと推測されることから各地域でのヒノキ天然林の保全が強く望まれる。

引用文献

- Adams, W. T. and R. J. Joly 1980. Genetics of allozyme variation in loblolly pine. *J. Hered.* 71 :33-40.
- 明石孝輝・戸田忠雄 1967. ヒノキ精英樹ツギキクローン別の列状植栽地における遺伝力の推定例. *日林九支論* 21:52-53.
- ・———・西村慶二 1970. ヒノキの遺伝力. *日林誌* 52:89-91.
- Alden, J. and C. Loopstra 1987. Genetic diversity and population structure of *Picea glauca* on an altitude gradient in interior Alaska. *Can. J. For. Res.* 17:1519-1526.
- Cheliak, W. M. and J. A. Pitel 1984. Genetic control of allozyme variants in mature tissues of white spruce trees. *J. Hered.* 75 :34-40.
- Conkle, M. T., P. D. Hodgskiss, L. B. Nunally, and S. C. Hunter 1982. Starch gel electrophoresis of conifer seeds :a laboratory manual. Gen. Technical Report RSW-64, USDA Forest Service 18pp.
- Davis, B. J. 1964. Disc electrophoresis II : method and application to human serum protein. *Ann. NY. Acad. Sci.* 121:404-427.
- Diebel, K. E. and P. P. Feret 1991. Isozyme variation within the Fraser fir (*Abies fraseri*(Pursh) Poir.) population on Mount Rogers, Virginia :Lack of microgeographic differentiation. *Silvae Genet.* 40:79-85.
- El-Kassaby, F. C. Yeh, and O. Sziklai 1982. Inheritance of allozyme variants in coastal Douglas-fir(*Pseudotsuga menziesii* var. *menziesii*). *Can. J. Genet. Cytol.* 24:325-335.
- Furnier, G. R., P. Knowles, M. A. Aleksuk, and B. P. Dancik 1986. Inheritance and linkage of allozyme in seed tissue of whitebark pine. *Can. J. Genet. Cytol.* 28:601-604.

- Guries, R.P. and F.T. Ledig 1987. Inheritance of some polymorphic isozymes in Pitch Pine (*Pinus rigida* Mill.). *Heredity* 40:27-32.
- Hamrick, J. L., J. B. Mitton, and Y. B. Linhart 1981. Level of genetic variation in trees : Influence of life history characteristics. In *Proceedings of symposium on isozymes of North American forest trees and insects.* (M. T. Conkle ed.) USDA Gen. Tech. Rep. PSW-48: 35-41.
- , J. L., Mary Jo W. Godt and Susan L. Sherman-Broyles 1992. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. *Population Genetics of Forest Trees.* Kluwer Academic Publishers. 95-124.
- Harry, D. E. 1986. Inheritance and linkage of isozyme variants in incense-cedar. *J. Hered.* 77:261-266.
- 長谷川孝三・野原勇太 1931. 種苗より観たるヒノキの樹相問題 (予報). *日林誌* 13:359-373.
- 橋詰隼人・若宮和泉 1986a. ヒノキの耐やせ地性育種に関する基礎的研究 I. 精英樹及び天然ヒノキの実生苗のやせ地における生育及び肥料に対する反応の違い. *鳥取大学農学部研究報告* 39:58-66.
- ・——— 1986b. ヒノキの耐やせ地性育種に関する基礎的研究 II. 肥沃地とやせ地に生息する造林木の水ストレスと葉の形態の比較. *鳥取大学農学部研究報告* 39:67-75.
- ・小林徹 1986. 多雪地帯におけるヒノキの人工造林に関する研究 (II) 昭和59年の豪雪及び異常低温によるヒノキ造林地の雪害及び寒風害の被害状況と多雪地帯におけるヒノキ造林の再検討. *鳥取大学農学部演習林報告* 16:1-27.

- ・渡辺陽・大北誠 1983. 中国山地の天然ヒノキに関する遺伝・育種学
研究(1) パーオキシダーゼ・アイソザイムから見た天然ヒノキの変異
性と繁殖様式. 鳥取大学農学部研究報告 35:24-33.
- 林 彌栄 1951. 日本産重要樹種の天然分布 針葉樹 第一報. 林業試験場研究報
告 48:179-207.
- Hiebert, R. D. and J. L. Hamrick 1983. Patterns and levels of genetic
variation in Great Basin bristlecone pine, *Pinus longaeva*.
Evolution 37:302-310.
- 堀田 満 1991. *Chamaecyparis* Spach ヒノキ属. 世界有用植物事典、堀田満
代表編、平凡社、p245-246.
- 井出雄二 1982. 産地別ヒノキの導入試験(1) - 試験地設定後10年目までの成績
- 静岡県林業試験場研究報告 11:1-18.
- 1984. ヒノキ次代検定林の生長 - 設定後10年目までの結果 - 日林中
支講 32:179-182.
- 諫本信義 1989. ヒノキとっくり病に関する研究. 大分林試研報 11:1-124.
- 糸屋吉彦・前田武彦 1982. ヒノキ精英樹の自然受粉家系と自家受粉家系との比較
- 発芽率、異常苗の出現率、苗高など - 昭和57年度関東林木育種場年
報 16:138-148.
- 金川侃・勝田柁 1983. GA_3 , $GA_4/7$ によるヒノキの着花促進効果. 94回日林論
299-300.
- Kimura, M. and J. F. Crow 1964. The number of alleles that can be main-
-tained in a finite population. Genetics 49: 725-738.
- 倉本哲嗣 1991. 東北地方選出ののスギ精英樹およびスギ耐雪性個体のアイソサイ
ム遺伝変異. 林業技術 594:26-27.
- Kurinobu, S and Y. Shingai 1987. Stand-volume prediction of improved trees

- based on the realized gain in progeny tests of Hinoki (*Chamaecyparis obtusa* Endl.). *Silvae Genetica* 36:159-164.
- Lundkvist, K. 1974. Inheritance of leucine aminopeptidase isozyme in *Picea abies* K. *Hereditas* 76:91-96.
- 前田武彦 1982. ヒノキとサワラの種間交雑におけるガンマー線照射の影響に関する研究. 放射線育種場研究報告 5:1-87.
- Markert, C. L. and F. Møller 1959. Multiple forms of enzymes : tissue, ontogenetic, and species specific patterns. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 45:753-763.
- Marty, T. L., D. M. O'Malley and R. P. Guries 1984. A manual for starch gel electrophoresis: new microwave edition. Staff Paper Series No. 20. Dept. of For., Univ. of Wisconsin, Madison, 24pp.
- 宮島 寛 1962. ヒノキ栄養系の育成に関する基礎研究. 九州大学演習林報告 34:1-164.
- 1989. 九州のスギとヒノキ. 九州大学出版会、275pp.
- 宮田増男・生方正俊 1993. シラベおよびウラジロモミのアイソザイムの遺伝. 日林誌 75:356-360.
- Miyata M. and M. Ubukata 1993. Genetic variations of allozymes in natural stands of Japanese black pine in Tohoku and East Kanto regions. *J. Jpn. For. Soc.* 75:361-366.
- Miyazaki, Y. and K-I, Sakai 1969. Use of zymography for identification of a clone in *Cryptomeria japonica* D. Don. *J. Jpn. For. Soc.* 51:235-239.
- and H. Miyajima 1981. Identification of clone varieties in *Cryptomeria japonica* in Kyushu using peroxidase isozyme pattern. X VII IUFRO World Congress Proceedings Div. 2:219-223.

Na'iem, Mohammad, Y. Tsumura, K. Uchida, T. Nakamura and K. Ohba 1989. Inheritance of isozyme variants of megagametophyte of Japanese red pine plus tree clones in eastern Japan. Bull. Tsukuba Univ. For. 5:49-140.

———, Y. Tsumura, K. Uchida, T. Nakamura, and K. Ohba 1991. Allozyme variation in Japanese red pine plus-trees selected from natural forests. J. Jpn. For. Soc. 73:448-452.

Neal, D. B. and W. T. Adams 1981. Inheritance of isozyme variations in needle tissues of balsam fir. (*Abies balsamea*). Can. J. Bot. 59: 1285-1291.

———, J. C. Weber and W. T. Adams 1984. Inheritance of needle tissue isozyme in Douglas-fir. Can. J. Genet. Cytol. 26:459-468.

Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. Amer. Nat. 106:283-292.

——— 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proc. Nat. Acad. Sci. USA 70:3321-3323.

野原勇太 1943a. 林木の一の遺伝試験に就いて (予報) (三). 御料林 185:2-10.

——— 1943b. 林木の一の遺伝試験に就いて 予報 (四). 御料林 186:35-42.

——— 1944a. 林木の一の遺伝試験に就いて 予報 (五). 御料林 187:9-20.

——— 1944b. 林木の一の遺伝試験について 予報 (六). 御料林 188:27-34.

——— 1984. 50年経ってやっと立証できたサワラ、ヒノキの人工交配の思い出. 林木の育種 132:29-32.

- 大庭喜八郎 1972. ヒノキの葉緑素変異個体の遺伝. 日林誌 54:56-58.
- ・山手広太 1974. 九州における主要樹種の遺伝に関する研究. 精英樹および在来種における主動遺伝子の検出. 林野庁九州林木育種場年報 3:138-145.
- ・—— 1975. 九州における主要樹種の遺伝に関する研究. 九州林木育種場年報 4:108-115.
- ・勝田柁編 1991. 現代の林学5 林木育種学. 文永堂出版, 159-224.
- ・百瀬行男・前田武彦 1973. スギ精英樹からの異常苗の分離. 林業試験場研究報告 250:53-76.
- 大黒正・岡村政則 1987. ヒノキ属の種間雑種(ヒノキ×サワラおよびローソンヒノキ)の形態および細胞学的研究. 林木育種場研究報告 5:59-87.
- 奥泉久人 1990. アイソザイムによるスギさし木在来品種の系統分類. 筑波大学博士論文 206pp.
- ・大庭喜八郎 1990. アイソザイムの4遺伝子座の遺伝子型による集植されたオビスギ系14品種、ヤブクグリおよびメアサのさし木品種内クローン数の推定. 日林誌 72:501-507.
- O'Malley, D.M., F.W. Allendorf and G.M. Blake 1979. Inheritance of isozyme variation and heterozygosity in *Pinus ponderosa*. Biochem. Genet. 17:233-250.
- Ornstein, L. 1964. Disc electrophoresis I: background and theory. Ann. NY Acad. Sci. 121:321-349.
- Pitel, J.A., W.M. Cheliak and J. Barret 1987. Inheritance of allozyme in a black spruce diallel cross. Silvae Genet. 36:149-153.
- 林木育種センター 1993. 林木育種事業統計(平成3年度). 152pp.
- 林野庁 1986. 昭和60年度遺伝子保全林に関する調査報告書(全国). 237pp.

- Rudin, D. 1977. Leucine-amino-peptidases (Lap) from needles and megagametophytes of *Pinus sylvestris* L. Inheritance of allozymes. *Hereditas* 85:219-226.
- SAS Institute, Inc. 1985 : SAS user's guide : statistics, version 5 edition. 956pp, SAS Institute, Inc., Cary, NC.
- 佐藤敬二 1971. 日本のひのき. 上巻 全国林業改良普及協会、275pp.
- ・宮島寛 1956. ひのきの栽培種“南郷檜”について. 暖帯林 6:4-8.
- 清藤城宏 1990. アイソザイム遺伝子をマーカーにしたヒノキ天然林の繁殖構造の解析. 日林誌 72:431-434.
- 1992a. ヒノキ針葉におけるアイソザイムの遺伝および富士山天然林アイソザイム変異. 山梨県林業技術センター報告 18:10-22.
- 1992b. シラベの雌性配偶体の遺伝子分析. 山梨県林業技術センター報告 18:1-9.
- ・鈴木賢一・白石進 1987. 富士山麓青木ヶ原における天然林のアイソザイム変異. 日林誌 69:359-361.
- Shea, K.L. 1988. Segregation of allozyme loci in megagametophytes of Engelmann spruce and subalpine fir. *Genome* 30:103-107.
- 白石 進 1987a. アイソザイムの分析法—その実際と林木遺伝育種研究への利用—(1). 林木の育種 142:23-25.
- 1987b. アイソザイムの分析法—その実際と林木遺伝育種研究への利用—. 林木の育種 143:34-38.
- 1987c. アイソザイムの分析法—その実際と林木遺伝育種研究への利用—(3). 林木の育種 145:29-32.
- 1987d. アイソザイムの分析法—その実際と林木遺伝育種研究への利用—(4). 林木の育種 146:21-23.

- 1988. アイソザイムの分析法—その実際と林木遺伝育種研究への
利用—(5). 林木の育種 147:23-26.
- ・上中久子 1983. ヒノキ針葉パーオキシダーゼ・アイソザイムの遺伝.
94回日林論:287-288.
- ・ —— ・西村慶二 1986. ヒノキ針葉および花粉のアスパラギン酸ア
ミノ転移酵素アイソザイムの遺伝. 日林誌 68:499-504.
- Shiraishi, S. 1988. Inheritance of isozyme variations in Japanese black
pine, *Pinus Thunbergii* Paul. *Silvae Genet.* 37:93-100.
- ・ H. Kaminaka and N. Ohyama 1987. Genetic variation and
differentiation recognized at two allozyme loci in hinoki
(*Chamaecyparis obtusa*). *J. Jpn. For. Soc.* 69:88-93.
- 陶山佳久 1991. アロザイムによるオオシラビソ天然林の集団遺伝学的研究.
筑波大学博士論文 116pp.
- 平 英彰 1979. 富山県のスギさし木品種—パーオキシダーゼ・アイソザイム
及び針葉形質によるスギさし木品種の分類と同定について—, 富山県
林業試験場研究報告 5:1-66.
- 田島正吾・宮崎安貞 1973. アイソザイム分析によるナンゴウヒの遺伝変異.
日林九支論 26:127-128.
- ・宮島寛・宮崎安貞 1977. ヒノキパーオキシダーゼ・アイソザイムの
遺伝子分析. 日林誌 59:173-177.
- 高橋 誠 1992. アイソザイムによる東北日本ブナ天然林の集団遺伝学的研究.
筑波大学修士(農学)論文 87pp.
- 寺崎 渡 1930. Photo-structural forestry の断片. みやま 2(6):2-34.
- 帝室林野局 1937. ひのき分布考. 298pp.
- 戸丸信弘 1991. アイソザイムによるスギの人工林および精英樹の遺伝的変異に関

する研究. 筑波大学博士論文 175pp.

——・津村義彦・大庭喜八郎 1990. チョウセンゴヨウのアイソザイムの遺
伝. 日林誌 72:194-200.

Tsumura, Y. and K. Ohba. 1992. Allozyme variation of five natural popula-
-tion of *Cryptomeria japonica* in western Japan. Jpn. J. Genet. 299-308.

——, H. Tsuburaya and K. Ohba 1987. Inheritance of isozyme variation
of megagametophytes in *Ginkgo biloba*. J. Jpn. For. Soc. 69:386-390.

——, K. Uchida and K. Ohba 1989. Genetic control of isozyme variation
in needle tissues of *Cryptomeria japonica*. J. Hered. 80:291-297.

津村義彦・戸丸信弘・陶山佳久・モハマド=ナイム・大庭喜八郎 1990. アイソザ
イム実験法. 筑大演報 6:63-95.

上原敬二 1988. スギ・ヒノキの博物学. 大日本山林会、878pp.

Uchida, K., Y. Tsumura and K. Ohba 1991. Inheritance of isozyme variants in
leaf tissues of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*, and allozyme
diversity of two natural forests. Japan. J. Breed. 41:11-24.

——, H. Yamashita, Y. Tsumura, C. Takahashi and K. Ohba 1993a. Analysis of
Nango-hi, a vegetatively propagated cultivar of *Chamaecyparis
obtusa* Endl. based on isozyme genotypes. Japan. J. Breed. 43:219-230.

——, N. Tomaru, Y. Tsumura, T. Takahashi and K. Ohba 1993b. Allozyme
variation in plus-tree of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*, selected
from artificial stands. Japan. J. Breed. 43:485-494.

Workman, P. L. and J. D. Niswander 1970. Population studies on south
western Indian tribes. II. Local genetic differentiation on the
Paapgo. Am. J. Hum. Genet. 22, 24-49.

八幡久・宮島寛・野上寛五郎 1971. ヒノキの遺伝的変動について(1). 日林九

支論 25:68-69.

矢原徹一 1988. 酵素多型を用いた高等植物の進化学的研究—最近の進歩. 種生
物学研究 12:26-55.

山本千秋・福原楯勝 1980. ヒノキとサワラの自然、自家、種内他家および種間受
粉における球果とたねのできかた. 林業試験場研究報告 311:65-92.

Yeh, F. C. and C. Layton 1979. The organization of genetic variability in
central and marginal populations of lodgepole pine *Pinus*
contorta spp. *latifolia*. Can. J. Genet. Cytol. 21:487-503.

———, and D. O' Malley 1980. Enzyme variation in natural populations
of Douglas-fir, *Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco, from
British Columbia. 1. Genetic variation patterns in coastal
populations. Silvae Genet. 29:83-92.

謝 辞

本研究を遂行するに際し、筑波大学農林学系大庭喜八郎教授から終始懇切丁寧なるご指導とご助言をいただいた。ここに改めて心から厚くお礼を申し上げます。

本論文の取りまとめに際し、筑波大学農林学系高柳謙治教授、生物科学系猪川倫好教授、農林学系生井兵治教授および荒木真之助教授には、ご校閲、ご教示をいただいた。

ヒノキの遺伝子分析、アイソザイム分析等について農林水産省林野庁森林総合研究所研究員津村義彦博士に終始親切なるご指導をいただいた。筑波大学農林学系育林学研究室の戸丸信弘博士、戸丸智恵美氏（旧姓、高橋）、院生には、調査のための援助、アイソザイムの分析等について全面的に支援していただいた。

以上の各位に対し心から感謝の意を申し上げます。

また、ヒノキの試料、特に遺伝子分析のためのヒノキ種苗、精英樹のクローンをご提供くださった農林水産省林野庁林木育種センターおよび同各育種場の各位、南郷檜の共同調査をして頂いた熊本県林業指導所の各位、天然林の針葉採取に便宜を図っていただいた各営林署各位に厚く御礼申し上げます。

付 属 資 料

付表 1. ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覧 ----- 129

付表 2. 木曾のヒノキ天然林 9 林分におけるアイソ

ザイム 10 遺伝子座の遺伝子型頻度 ----- 143

付表 3. 木曾のヒノキ天然林 9 林分におけるアイソ

ザイム 10 遺伝子座の対立遺伝子頻度 ----- 145

付表 4. ヒノキ天然林 8 集団におけるアイソ

ザイム 10 遺伝子座の遺伝子型頻度 ----- 146

付表 5. ヒノキ天然林 8 集団におけるアイソ

ザイム 10 遺伝子座の対立遺伝子頻度 ----- 148

付表 1-1.

ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覧

Appendix 1-1. Isozyme genotype of plus-trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*

育種 基本区	育種区	選抜県	精英樹	遺伝子座										
				6pg-1	6pg-2	G6p	Gdh	Pod	Got-1	Got-2	Gk	Pgm	Est	Lap
関東	北関東	群馬	高崎 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	群馬	沼田 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	群馬	沼田 2	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	群馬	沼田 3	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	群馬	多野 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	群馬	多野 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	群馬	多野 3	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
関東	北関東	群馬	大間々 1	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	北関東	群馬	大間々 2	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	北関東	栃木	宇都宮 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	北関東	栃木	宇都宮 2	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	北関東	栃木	塩谷 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
関東	北関東	栃木	塩谷 4	-	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
関東	北関東	栃木	河内 2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	栃木	河内 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	北関東	栃木	大田原 1	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a
関東	北関東	栃木	大田原 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
関東	北関東	福島	東白川 1	a/a	a/b	c/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/c	a/-	a/a
関東	北関東	福島	東白川 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	北関東	福島	東白川 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	福島	東白川 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	c/c	a/-	a/a
関東	北関東	福島	東白川 5	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	c/c	a/-	a/a
関東	北関東	福島	西白河 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a
関東	北関東	福島	西白河 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	北関東	福島	西白河 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	北関東	福島	平 1	a/a	b/b	-	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	北関東	福島	平 2	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	北関東	福島	いわき 1	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	北関東	福島	いわき 2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/c	a/-	a/a
関東	北関東	福島	いわき 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	福島	いわき 4	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	北関東	福島	いわき 5	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	北関東	福島	いわき 6	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	福島	いわき 7	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	北関東	福島	いわき 8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	福島	安達 1	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	北関東	福島	伊達 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	北関東	福島	郡山 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	福島	原町 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	福島	原町 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	福島	原町 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	北関東	福島	相馬 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	北関東	福島	相馬 2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	北関東	福島	相馬 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	北関東	福島	田村 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	福島	田村 2	a/a	a/b	b/b	a/a	-	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	福島	富岡 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	北関東	福島	富岡 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	北関東	福島	福島県 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	茨城	久慈 1	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	茨城	久慈 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	c/a
関東	関東	茨城	久慈 3	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	茨城	久慈 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	茨城	久慈 5	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	茨城	久慈 6	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	茨城	久慈 7	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	茨城	高萩 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	茨城	高萩 3	a/a	a/a	-	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	c/c	o/o	a/a
関東	関東	茨城	高萩 4	a/a	a/a	-	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/c	o/o	a/a
関東	関東	茨城	多賀 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	c/a
関東	関東	茨城	水戸 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	茨城	水戸 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
関東	関東	茨城	大子 1 0	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	茨城	大子 1 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	茨城	大子 1 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	茨城	大子 1 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	茨城	大子 1 4	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a

付表 1-2.

ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覧

Appendix 1-2. Isozyme genotype of plus-trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*

育種 基本区	育種区	選抜県	精英樹	遺伝子座											
				6pg-1	6pg-2	G6p	Gdh	Pod	Got-1	Got-2	Gk	Pgm	Est	Lap	
関東	関東	埼玉	児玉 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	児玉 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	児玉 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	児玉 4	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	児玉 5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	西川 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	西川 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	西川 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	西川 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	西川 5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	西川 6	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	西川 7	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	西川 10	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	西川 11	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	西川 12	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	西川 13	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	西川 14	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/b	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	西川 15	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/b	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	西川 16	a/a	a/b	a/b	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	西川 17	a/a	a/a	-	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	西川 18	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父県 1	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父 2	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父 3	a/a	a/b	a/b	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父 4	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父県 5	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父県 6	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父 8	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父 9	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父県 10	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父県 11	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父県 12	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父県 13	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父 14	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父県 15	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父県 16	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父県 17	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 1	a/a	b/b	b/b	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	-	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 101	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 102	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 103	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 104	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 105	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 106	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 107	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 108	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 111	-	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 112	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/c	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 113	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 114	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	埼玉	秩父署 115	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	-	a/-	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	足柄上 1	a/a	a/b	a/b	a/a		a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	神奈川	久野 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	神奈川	久野 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	久野 3	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	三保 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	三保 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	三保 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	三保 4	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	三保 5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	神奈川	三保 6	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	神奈川	三保 7	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o		a/a
関東	関東	神奈川	丹沢 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
関東	関東	神奈川	丹沢 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	神奈川	丹沢 5	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	丹沢 6	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	

付表 1-3.

ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覧

Appendix 1-3. Isozyme genotype of plus-trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*

育種 基本区	育種区	選抜県	精英樹	遺伝子座										
				6pg-1	6pg-2	G6p	Gdh	Pod	Got-1	Got-2	Gk	Pgm	Est	Lap
関東	関東	神奈川	丹沢 7	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	神奈川	丹沢 8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	中 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	中 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a
関東	関東	神奈川	中 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	神奈川	中 4	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	中 5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	中 6	a/a	a/a		a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	中 7	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	中 8	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	中 9	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	中 1 0	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	c/a
関東	関東	神奈川	中 1 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	中 1 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	神奈川	箱根 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	-	a/a
関東	関東	神奈川	箱根 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	箱根 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	箱根 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	箱根 5	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	神奈川	箱根 6	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	神奈川	平塚 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	平塚 3	a/a	a/a		a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	平塚 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	神奈川	平塚 5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	片浦 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	片浦 2	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	片浦 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	片浦 4	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	神奈川	片浦 5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	神奈川	片浦 6	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	千葉	鬼沼 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	千葉	鬼沼 5	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	千葉	鬼沼 6	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a
関東	関東	千葉	鬼沼 7	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a
関東	関東	千葉	札郷 2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	千葉	札郷 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	千葉	札郷 4	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	千葉	酒々井 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	千葉	秋元 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/c	a/-	a/a
関東	関東	千葉	千葉 2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/c	o/o	a/a
関東	関東	千葉	千葉 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	千葉	千葉 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	千葉	千葉 5	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	千葉	千葉 6	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	千葉	千葉 7	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	千葉	千葉 8	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	関東	東京	西多摩 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	東京	西多摩 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	東京	西多摩 4	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	東京	西多摩 5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	東京	西多摩 6	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	東京	東京 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	東京	東京 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	関東	東京	東京 4	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	関東	東京	東京 5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	東京	南多摩 1	a/a	a/b	a/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	東京	南多摩 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/c	a/-	a/a
関東	関東	東京	南多摩 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	東京	南多摩 4	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	関東	東京	南多摩 5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	益田 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	益田 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	益田 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	益田 5	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	益田 6	a/a	a/a	-	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	益田 7	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	益田 9	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a

付表 1-4.

ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覧

Appendix 1-4. Isozyme genotype of plus-trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*

育種 基本区	育種区	選抜県	精英樹	遺伝子座											
				6pg-1	6pg-2	G6p	Gdh	Pod	Got-1	Got-2	Gk	Pgm	Est	Lap	
関東	中部山岳	岐阜	益田 1 0	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	益田 1 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	加茂 1	-	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	加茂 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	郡上 1	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	郡上 2	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	恵那 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	恵那 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	恵那 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	高山 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	高山 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	小坂 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	小坂 2	-	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	小坂 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	小坂 4	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	付知 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	付知 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	武儀 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	武儀 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	武儀 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	武儀 4	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	武儀 5	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	揖斐 1	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	揖斐 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	中部山岳	岐阜	揖斐 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	岐阜	揖斐 4	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	o/o	a/a	
関東	中部山岳	岐阜	揖斐 5	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/b	o/o	c/a	
関東	中部山岳	山梨	鯨沢 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	山梨	鯨沢 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	山梨	鯨沢 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	山梨	鯨沢 4	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	山梨	鯨沢 6	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	山梨	鯨沢 7	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	山梨	鯨沢 8	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	山梨	甲府 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a	
関東	中部山岳	山梨	大月 2	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	山梨	大月 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	山梨	大月 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
関東	中部山岳	長野	王滝 1 0 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	c/a
関東	中部山岳	長野	王滝 1 0 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	c/a
関東	中部山岳	長野	王滝 1 0 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	下伊那 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/c	o/o	a/a	
関東	中部山岳	長野	下伊那 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	中部山岳	長野	下伊那 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/c	a/-	a/a
関東	中部山岳	長野	下伊那 5	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	-	o/o	a/a	
関東	中部山岳	長野	妻籠 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	妻籠 2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	妻籠 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	長野	妻籠 5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	中部山岳	長野	坂下 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	坂下 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	坂下 3	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	坂下 5	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	長野	坂下 6	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	坂下 7	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	坂下 8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	松筑 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	長野	松筑 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	松筑 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	上伊那 2	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	長野	上松 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	上松 2	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	上松 3	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	-	a/a	
関東	中部山岳	長野	上松 4	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	c/a
関東	中部山岳	長野	上松 5	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	上松 6	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	上松 7	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a	

付表 1-5.

ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覧

Appendix 1-5. Isozyme genotype of plus-trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*

育種 基本区	育種区	選抜県	精英樹	遺伝子座										
				6pg-1	6pg-2	G6p	Gdh	Pod	Got-1	Got-2	Gk	Pgm	Est	Lap
関東	中部山岳	長野	上松 8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	長野	上松 9	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	上松 10	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	上松 10 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	長野	西筑摩 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	b/b	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	南安雲 1	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	中部山岳	長野	野尻 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	中部山岳	長野	野尻 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	中部山岳	長野	野尻 5	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	中部山岳	長野	野尻 7	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
関東	東海	愛知	岡崎 1	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関東	東海	愛知	岡崎 2	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関東	東海	愛知	岡崎 3	a/a	a/a	-	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	愛知	岡崎 4	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	愛知	額田 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	東海	愛知	額田 3	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	東海	愛知	額田 4	a/a	a/a	-	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	愛知	額田 5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	東海	愛知	額田 7	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	a/b	o/o	a/a
関東	東海	愛知	額田 8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	愛知	額田 9	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	愛知	額田 10	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	愛知	新城 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	愛知	新城 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	愛知	新城 4	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	愛知	新城 5	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	東海	愛知	西加茂 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	c/c	o/o	a/a
関東	東海	愛知	東加茂 1	a/a	a/b	-	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/c	a/-	a/a
関東	東海	愛知	南設楽 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	東海	愛知	南設楽 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
関東	東海	愛知	南設楽 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	愛知	南設楽 4	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	愛知	北設楽 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	愛知	北設楽 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	-	a/a
関東	東海	愛知	北設楽 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	愛知	北設楽 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	東海	愛知	北設楽 5	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	東海	愛知	北設楽 6	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	東海	愛知	北設楽 7	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関東	東海	静岡	安倍 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	c/c	o/o	a/a
関東	東海	静岡	安倍 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	静岡	伊豆 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	伊豆 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	東海	静岡	伊豆 4	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	静岡	伊豆 5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	伊豆 6	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	東海	静岡	掛川 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	気田 10 1	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/c	a/-	a/a
関東	東海	静岡	沼津 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	沼津 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	沼津 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	東海	静岡	沼津 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	東海	静岡	沼津 5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	静岡	沼津 6	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	東海	静岡	沼津 7	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関東	東海	静岡	沼津 8	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	沼津 10 1	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	沼津 10 2	-	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	沼津 10 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	-	o/o	a/a
関東	東海	静岡	水窪 1	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	静岡	水窪 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	静岡	水窪 10 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	水窪 10 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	静岡	水窪 10 4	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	水窪 10 7	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	水窪 10 8	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/b	a/-	a/a
関東	東海	静岡	静岡 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a

付表 1-6.

ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覧

Appendix 1-6. Isozyme genotype of plus-trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*

育種 基本区	育種区	選抜県	精英樹	遺伝子座											
				6pg-1	6pg-2	G6p	Gdh	Pod	Got-1	Got-2	Gk	Pgm	Est	Lap	
関東	東海	静岡	静岡2	a/a	a/b	a/c	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	千頭1	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	千頭3	a/a	a/a	a/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	千頭4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	千頭5	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	大井2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	c/a	
関東	東海	静岡	大井3	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	-	o/o	a/a	
関東	東海	静岡	大井6	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	o/o	a/b
関東	東海	静岡	天城1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	天城2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	天竜2	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a	
関東	東海	静岡	浜松1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a	
関東	東海	静岡	富士1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	静岡	富士2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	-		
関東	東海	静岡	富士4	-	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	静岡	富士5	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関東	東海	静岡	富士6	-	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関東	東海	静岡	富士7	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	京都	京都1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	近畿	京都	京都2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	京都	木津1	a/a	a/b	c/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	阿山1	a/a	a/a	a/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	三重	一志1	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	一志2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	三重	一志3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	一志5	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/-	c/a
関西	近畿	三重	一志7	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	一志8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	o/o	-
関西	近畿	三重	一志9	a/a	a/a	-	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	員弁1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	近畿	三重	員弁2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	亀山1	a/a	a/b	c/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	亀山署1	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	三重	亀山署2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	熊野2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	熊野3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	三重	熊野4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	三重	熊野5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	三重	熊野6	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	三重2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a	
関西	近畿	三重	志摩1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	松阪1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	新宮署1	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	新宮署2	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	新宮署3	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/c	a/-	a/a	
関西	近畿	三重	多気3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
関西	近畿	三重	度合3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a	
関西	近畿	三重	度合4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a	
関西	近畿	三重	飯南3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/c	a/-	a/a	
関西	近畿	三重	尾鷲1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	三重	尾鷲10	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	尾鷲11	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	尾鷲12	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	尾鷲13	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	尾鷲14	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	尾鷲15	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	尾鷲16	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	尾鷲2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	尾鷲3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	尾鷲4	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	尾鷲5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	尾鷲6	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	尾鷲7	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	-	o/o	a/a	
関西	近畿	三重	尾鷲8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
関西	近畿	三重	尾鷲9	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
関西	近畿	三重	北牟婁1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	-	
関西	近畿	三重	北牟婁10	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	

付表 1-7.

ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覽

Appendix 1-7. Isozyme genotype of plus-trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*

育種 基本区	育種区	選抜県	精英樹	遺伝子座										
				6pg-1	6pg-2	G6p	Gdh	Pod	Got-1	Got-2	Gk	Pgm	Est	Lap
関西	近畿	三重	北牟婁 1 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	北牟婁 1 2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	三重	北牟婁 1 4	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
関西	近畿	三重	北牟婁 1 5	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	近畿	三重	北牟婁 1 7	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	近畿	三重	北牟婁 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	近畿	三重	北牟婁 7	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	北牟婁 8	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	-	o/o	a/a
関西	近畿	三重	北牟婁 9	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	名賀 1	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	-	a/-	a/a
関西	近畿	三重	名賀 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	名賀 3	a/a	b/b	-	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	三重	鈴鹿 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	滋賀	甲賀 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	-	o/o	a/a
関西	近畿	滋賀	甲賀 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	滋賀	甲賀 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	近畿	滋賀	甲賀 5	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	近畿	滋賀	甲賀 6	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	c/c	a/-	a/a
関西	近畿	滋賀	甲賀 7	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	滋賀	甲賀 8	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	滋賀	甲賀 9	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	c/a
関西	近畿	滋賀	甲賀 1 0	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	滋賀	甲賀 1 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	近畿	滋賀	甲賀 1 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	滋賀	甲賀 1 4	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	滋賀	甲賀 1 5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	奈良	宇陀 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
関西	近畿	奈良	宇陀 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	奈良	宇陀 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	近畿	奈良	宇陀 6	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	奈良	吉野 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	奈良	吉野 5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	奈良	吉野 8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	奈良	吉野 1 0	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	奈良	吉野 1 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	奈良	吉野 1 5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	奈良	吉野 1 8	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	奈良	山辺 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	近畿	奈良	山辺 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	奈良	山辺 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	和歌山	海草 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	和歌山	海草 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
関西	近畿	和歌山	海草 4	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/c	a/-	a/a
関西	近畿	和歌山	海草 6	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	和歌山	海草 7	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	近畿	和歌山	高野署 1	a/a	b/b	c/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	-	o/o	a/a
関西	近畿	和歌山	西牟婁 1 5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/c	a/-	a/a
関西	近畿	和歌山	西牟婁 1 6	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	和歌山	田辺署 1	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	和歌山	東牟婁 1 9	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	近畿	和歌山	東牟婁 2 0	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	和歌山	日高 6	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	近畿	和歌山	日高 7	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	近畿	和歌山	日高 1 1	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
関西	近畿	和歌山	有田 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	穴粟 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	穴粟 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	飾磨 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	飾磨 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	多可 1	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	多可 2	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	多可 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	多可 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	多可 5	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	多可 6	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	-	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	多可 7	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	-	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	多可 8	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a

付表 1-8.

ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覧

Appendix 1-8. Isozyme genotype of plus-trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*

育種 基本区	育種区	選抜県	精英樹	遺伝子座										
				Gpg-1	Gpg-2	G6p	Gdh	Pod	Got-1	Got-2	Gk	Pgm	Est	Lap
関西	瀬戸内海	兵庫	氷上 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	氷上 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	氷上 3	a/a	a/b	a/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	氷上 5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	氷上 6	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	氷上 7	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	氷上 8	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	氷上 9	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	兵庫	宝塚 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	英田 1	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	英田 2	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	英田 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	英田 4	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	岡山署 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	岡山署 2	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	高梁 1	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	上房 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	新見 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	新見署 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	-
関西	瀬戸内海	岡山	新見署 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	c/a
関西	瀬戸内海	岡山	新見署 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	新見署 5	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	新見署 6	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	新見署 7	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	新見署 8	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	新見署 10	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	真庭 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	真庭 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	真庭 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	真庭 4	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	-	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	真庭 5	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	真庭 7	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	真庭 9	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	津山署 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	c/a
関西	瀬戸内海	岡山	津山署 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	津山署 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	苦田 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	苦田 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	苦田 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	苦田 4	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/c	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	苦田 5	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/c	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	苦田 6	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	苦田 7	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	岡山	苦田 8	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	広島	安佐 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	広島	賀茂 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	広島	賀茂 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	広島	三次署 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	広島	三次署 2	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	広島	三次署 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	広島	三次署 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	広島	三次署 5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	広島	世羅 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	広島	西条署 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	広島	比婆 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	広島	比婆 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	広島	福山署 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	-	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	広島	福山署 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	山口	阿武 1	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	阿武 2	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	阿武 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	阿武 5	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	岩園 1	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	山口	玖珂 1	a/a	a/a	-	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	山口	玖珂 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	玖珂 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	玖珂 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a

付表 1-9.

ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覧

Appendix 1-9. Isozyme genotype of plus-trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*

育種 基本区	育種区	選抜県	精英樹	遺伝子座										
				6pg-1	6pg-2	G6p	Gdh	Pod	Got-1	Got-2	Gk	Pgm	Est	Lap
関西	瀬戸内海	山口	玖珂 5	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	玖珂 6	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	山口	玖珂 7	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	山口	玖珂 8	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	佐波 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	佐波 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	山口	山口署 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	c/a
関西	瀬戸内海	山口	山口署 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	山口	山口署 3	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	山口署 4	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	大津 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	長門 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	都濃 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	都濃 4	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	山口	都濃 5	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	徳山 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	萩 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	美禰 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関西	瀬戸内海	山口	美禰 2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	豊浦 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	瀬戸内海	山口	柳井 2	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	日本東部	滋賀	坂田 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	日本東部	滋賀	坂田 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	日本東部	滋賀	坂田 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	c/a
関西	日本西部	京都	綾部 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	日本西部	京都	京北 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	日本西部	京都	舞鶴 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	日本西部	京都	峰山 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
関西	日本西部	京都	峰山 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	日本西部	鳥取	倉吉 1	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	日本西部	鳥取	鳥取署 1 0 1	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	日本西部	鳥取	鳥取署 1 0 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
関西	日本西部	鳥取	鳥取署 1 0 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/-	a/a
関西	日本西部	鳥取	東伯 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	日本西部	鳥取	日野 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	日本西部	鳥取	日野 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	日本西部	鳥取	日野 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	日本西部	鳥取	日野 4	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	日本西部	鳥取	日野 5	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	日本西部	鳥取	八頭 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	日本西部	鳥取	八頭 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	日本西部	島根	松江署 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	c/a
関西	日本西部	島根	仁多 1	a/a	a/a	c/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	日本西部	島根	仁多 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	日本西部	島根	仁多 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	日本西部	島根	仁多 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	日本西部	島根	川本署 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	日本西部	島根	川本署 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	日本西部	島根	川本署 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
関西	日本西部	島根	大原 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	日本西部	島根	那賀 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	日本西部	島根	那賀 2	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	日本西部	島根	日原署 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	日本西部	島根	飯石 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関西	日本西部	島根	邑智 1	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	日本西部	島根	邑智 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	日本西部	島根	邑智 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
関西	日本西部	島根	邑智 5	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	日本西部	島根	邑智 6	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	日本西部	兵庫	出石 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	日本西部	兵庫	出石 2	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	c/c
関西	日本西部	兵庫	城崎 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	日本西部	兵庫	城崎 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	日本西部	兵庫	朝来 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	日本西部	兵庫	朝来 2	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	日本西部	兵庫	朝来 3	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	日本西部	兵庫	朝来 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a

附表 1-10.

ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覧

Appendix 1-10. Isozyme genotype of plus-trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*

育種基本区	育種区	選抜県	精英樹	遺伝子座										
				Gpg-1	Gpg-2	G6p	Gdh	Pod	Got-1	Got-2	Gk	Pgm	Est	Lap
関西	日本西部	兵庫	美方1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	日本西部	兵庫	美方2	a/a	a/b	-	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/-	a/a
関西	日本西部	兵庫	豊岡2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	宇摩1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	宇摩2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	宇摩3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	宇和島1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	宇和島2	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	宇和島3	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	宇和島4	a/a	a/a	-	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	宇和島5	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	宇和島6	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	宇和島7	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関西	四国北部	愛媛	宇和島8	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	宇和島9	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	四国北部	愛媛	越智1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	喜多1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	喜多2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	四国北部	愛媛	宿毛3	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	上浮穴1	a/a	b/b	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	上浮穴3	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	上浮穴4	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	四国北部	愛媛	上浮穴5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	上浮穴6	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	上浮穴7	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	上浮穴8	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	新居1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	新居2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/c	a/-	a/a
関西	四国北部	愛媛	新居3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関西	四国北部	愛媛	新居4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関西	四国北部	愛媛	新居5	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	新居6	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	新居7	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	西条1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	東宇和1	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	東宇和2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	東宇和3	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	愛媛	東宇和4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国北部	香川	高松1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	c/a
関西	四国北部	香川	高松2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	四国南部	高知	安芸6	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	安芸(民)7	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	c/c	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	窪川1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	c/a
関西	四国南部	高知	窪川2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	窪川3	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	窪川4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	窪川5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	窪川6	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/c	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	窪川7	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	窪川8	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	窪川9	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	窪川10	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/ab	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	窪川11	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	窪川12	a/a	a/b	b/b	a/a	-	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	窪川13	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	四国南部	高知	吾川5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	高岡12	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	四国南部	高知	高岡13	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	四国南部	高知	宿毛1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	宿毛2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
関西	四国南部	高知	宿毛4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	c/a
関西	四国南部	高知	宿毛5	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	c/a
関西	四国南部	高知	宿毛7	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
関西	四国南部	高知	宿毛8	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
関西	四国南部	高知	宿毛9	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	宿毛10	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
関西	四国南部	高知	宿毛11	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a

付表 1-11.

ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覽

Appendix 1-11. Isozyme genotype of plus-trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*

育種 基本区	育種区	選抜県	精英樹	遺伝子座										Est	Lap
				Gpg-1	Gpg-2	G6p	Gdh	Pod	Got-1	Got-2	Gk	Pgm			
関西	四国南部	高知	宿毛 1 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	須崎 1	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a	
関西	四国南部	高知	須崎 2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	須崎 3	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	川崎 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	川崎 2	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a	
関西	四国南部	高知	川崎 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	c/a	
関西	四国南部	高知	川崎 4	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a	
関西	四国南部	高知	川崎 5	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	川崎 6	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	川崎 7	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a	
関西	四国南部	高知	川崎 8	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	川崎 9	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	大正 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	大正 2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	中村 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	中村 2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a	
関西	四国南部	高知	中村 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	中村 4	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	中村 5	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	中村 6	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	c/a	
関西	四国南部	高知	中村 7	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	馬路 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	馬路 3	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	馬路 4	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	馬路 5	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	馬路 6	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	馬路 7	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	馬路 8	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	馬路 9	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	幡多 1 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a	
関西	四国南部	高知	幡多 1 3	a/a	a/b	c/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	幡多 1 4	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	幡多 1 6	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	本山 1 0 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	高知	本山 1 0 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	徳島	海部 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	徳島	海部 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a	
関西	四国南部	徳島	海部 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a	
関西	四国南部	徳島	海部 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	徳島	海部 5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	徳島	海部 6	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	徳島	海部 7	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a	
関西	四国南部	徳島	海部 8	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	徳島	海部 9	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a	
関西	四国南部	徳島	海部 1 0	a/a	a/a	-	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	徳島	海部 1 1	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/c	o/o	a/a	
関西	四国南部	徳島	海部 1 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	徳島	海部 1 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	徳島	三好 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	徳島	那賀 1	a/a	b/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
関西	四国南部	徳島	那賀 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a	
関西	四国南部	徳島	那賀 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a	
関西	四国南部	徳島	那賀 5	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
九州	北九州	長崎	県諫早 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a	
九州	北九州	長崎	県諫早 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a	
九州	北九州	長崎	県諫早 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	c/c	o/o	a/a	
九州	北九州	長崎	県松浦 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/-	a/a	
九州	北九州	長崎	県松浦 2	a/a	a/a	a/b	a/a	-	-	-	a/a	a/a	o/o	a/a	
九州	北九州	長崎	県松浦 3	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a	
九州	北九州	長崎	県長崎 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a	
九州	北九州	長崎	県南高来 1 0	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a	
九州	北九州	長崎	県南高来 1 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	-	-	-	a/a	a/-	a/a	
九州	北九州	長崎	県南高来 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
九州	北九州	長崎	県南高来 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/c	a/-	a/a	
九州	北九州	長崎	県南高来 4	a/a	a/a	-	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a	
九州	北九州	長崎	県南高来 5	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/b	o/o	a/a	

ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覧

Appendix 1-12. Isozyme genotype of plus-trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*

育種 基本区	育種区	選抜県	精英樹	遺伝子座										
				Gpg-1	Gpg-2	G6p	Gdh	Pod	Got-1	Got-2	Gk	Pgm	Est	Lap
九州	北九州	長崎	県南高来 6	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	北九州	長崎	県南高来 7	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
九州	北九州	長崎	県南高来 8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	北九州	長崎	県南高来 9	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	北九州	長崎	長崎署 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	北九州	長崎	長崎署 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/b	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	北九州	福岡	県遠賀 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	北九州	福岡	県嘉穂 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	北九州	福岡	県嘉穂 5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	北九州	福岡	県嘉穂 6	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/a	a/-	a/a
九州	北九州	福岡	県甘木 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	北九州	福岡	県山田 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	北九州	福岡	県筑紫 5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	北九州	福岡	県浮羽 1 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	北九州	福岡	県浮羽 1 4	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	北九州	福岡	県豊前 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	北九州	佐賀	県佐賀 1	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	北九州	佐賀	県小城 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	-	-	a/b	a/a	a/-	a/a
九州	北九州	佐賀	県小城 2	a/a	a/b	b/b	a/a	-	-	-	a/b	a/a	a/-	a/a
九州	北九州	佐賀	県神崎 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	北九州	佐賀	県神崎 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a
九州	北九州	佐賀	県神崎 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	北九州	佐賀	県神崎 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	北九州	佐賀	県神崎 5	a/a	b/b	a/b	a/a	-	-	-	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	北九州	佐賀	県神崎 6	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	北九州	佐賀	県唐津 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	北九州	佐賀	県藤津 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	北九州	佐賀	県藤津 1 0	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	北九州	佐賀	県藤津 1 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
九州	北九州	佐賀	県藤津 1 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	北九州	佐賀	県藤津 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
九州	北九州	佐賀	県藤津 3	a/a	a/b	b/b	a/a	-	-	-	a/b	a/b	o/o	a/a
九州	北九州	佐賀	県藤津 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	-	-	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	北九州	佐賀	県藤津 5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	北九州	佐賀	県藤津 6	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	北九州	佐賀	県藤津 7	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	北九州	佐賀	県藤津 8	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	中九州	宮崎	県西臼杵 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	中九州	熊本	県阿蘇 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	o/o	a/a
九州	中九州	熊本	県阿蘇 1 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	中九州	熊本	県阿蘇 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	中九州	熊本	県阿蘇 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	中九州	熊本	県阿蘇 4	a/a	a/b	b/b	a/a	-	-	-	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	中九州	熊本	県阿蘇 6	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	-
九州	中九州	熊本	県阿蘇 7	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	-
九州	中九州	熊本	県菊池 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/b	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	中九州	大分	(県)四日市 14	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	中九州	大分	県玖珠 5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	中九州	大分	県玖珠 6	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	中九州	大分	県国東 1 8	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	中九州	大分	県国東 1 9	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	中九州	大分	県佐伯 1 7	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	c/c	o/o	a/a
九州	中九州	大分	県佐伯 5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	中九州	大分	県三重 5	a/a	a/b	a/b	a/a	-	-	-	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	中九州	大分	県三重 6	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
九州	中九州	大分	県大分 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	中九州	大分	県大分 5	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	中九州	大分	県大分 7	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	中九州	大分	県大分 8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
九州	中九州	大分	県竹田 7	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
九州	中九州	大分	県中津 1 0	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	中九州	大分	県中津 1 1	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	中九州	大分	県中津 9	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	中九州	大分	県日出 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	中九州	大分	県日出 6	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	中九州	大分	竹田署 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	中九州	大分	竹田署 2	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/a	o/o	a/a

附表 1-13.

ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覧

Appendix 1-13. Isozyme genotype of plus-trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*

育種 基本区	育種区	選抜県	精英樹	遺伝子座										
				6pg-1	6pg-2	G6p	Gdh	Pod	Got-1	Got-2	Gk	Pgm	Est	Lap
九州	中九州	大分	竹田署 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	宮崎	県東白杵 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a
九州	南九州	宮崎	県東白杵 2	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	宮崎	県東白杵 3	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	宮崎	県東白杵 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	宮崎	県北諸県 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	宮崎	県北諸県 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a
九州	南九州	宮崎	高崎署 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	宮崎	都城署 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	宮崎	低肥署 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	熊本	八代署 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 1	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	a/b	a/b	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 1 0	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 1 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 1 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 1 3	a/a	a/b	b/b	a/a	-	-	-	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 1 4	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	-	-	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 1 5	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 1 7	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 1 8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 1 9	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 2 0	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 2 1	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	-	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 2 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	-	-	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 2 4	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 2 5	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	o/o	c/c
九州	南九州	鹿児島	県始良 2 6	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/b	a/a	c/c	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 2 7	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 2 8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 2 9	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 3	a/a	a/a	b/b	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 3 0	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 3 1	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 3 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 3 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 3 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 3 5	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 3 6	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 3 7	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 3 8	a/a	a/b	b/b	a/a	-	-	-	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 3 9	a/a	a/a	a/b	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 4	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 4 0	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 4 1	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 4 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 4 3	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	-	-	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 4 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 4 5	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	-	-	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 4 6	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 4 7	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 4 8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 5	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 5 0	a/a	a/b	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 5 2	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 5 3	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	-	-	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 5 4	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 6	a/a	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 7	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県始良 9	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県伊佐 1	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県伊佐 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県伊佐 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県薩摩 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	-	-	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県薩摩 2	a/a	b/b	-	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県薩摩 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a

付表1-14.

ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝子型一覧

Appendix 1-14. Isozyme genotype of plus-trees of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*

育種 基本区	育種区	選抜県	精英樹	遺伝子座										
				6pg-1	6pg-2	G6p	Gdh	Pod	Got-1	Got-2	Gk	Pgm	Est	Lap
九州	南九州	鹿児島	県薩摩 4	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県薩摩 7	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県薩摩 8	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県薩摩 9	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県鹿児島 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県鹿児島 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県鹿児島 3	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県鹿児島 4	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	-	-	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県鹿児島 5	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 1	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 1 1	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 1 2	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 1 3	a/a	b/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 1 4	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 1 6	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 1 7	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 1 9	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	-	-	a/a	a/c	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 2	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	-	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 2 2	a/a	a/a	b/b	a/a	-	-	-	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 2 4	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	-	-	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 2 5	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	-	-	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 2 8	a/a	b/b	b/b	a/a	a/a	-	-	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 2 9	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	c/c	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 3 0	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	-	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 3 1	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 3 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 3 3	a/a	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 3 4	a/a	a/a	a/b	a/a	a/b	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県川辺 8	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	a/-	a/a
九州	南九州	鹿児島	県嚙嚙 1	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県嚙嚙 2	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	c/c	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県嚙嚙 3	a/a	a/a	a/b	a/a	-	-	-	a/a	b/b	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県嚙嚙 4	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県嚙嚙 5	a/a	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県嚙嚙 6	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/a	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県嚙嚙 7	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	-	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	県嚙嚙 8	a/a	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/c	o/o	a/a
九州	南九州	鹿児島	出水署 3	a/a	a/b	a/a	a/a	a/a	a/b	a/a	a/a	a/b	o/o	a/a

付表 2. 木曾のヒノキ天然林9林分におけるアイソザイム10遺伝子座の遺伝子型頻度
 Appendix 2. Genotype frequency for 10 isozyme loci of 9 natural stands of *C. obtusa* in Kiso

locus	王滝1	王滝2	坂下1	坂下2	野尻1	野尻2	野尻3	上松	木曾福島	average	s. d.
<i>6Pg-1</i>											
Sample size	40	86	46	47	50	50	45	151	48		
a/a	1.000	1.000	1.000	1.000	0.960	1.000	1.000	0.993	1.000	0.995	0.013
a/b					0.040			0.007		0.005	0.013
<i>6Pg-2</i>											
Sample size	40	87	46	47	50	50	45	151	48		
a/a	0.400	0.448	0.435	0.447	0.460	0.400	0.311	0.543	0.417	0.429	0.062
a/b	0.375	0.425	0.478	0.468	0.460	0.500	0.533	0.391	0.458	0.454	0.050
b/b	0.150	0.126	0.065	0.064	0.080	0.100	0.156	0.066	0.125	0.104	0.037
b/c	0.050									0.006	0.017
a/c			0.022	0.021						0.005	0.009
a/d	0.025									0.003	0.008
<i>6Gp</i>											
Sample size	40	85	46	47	50	50	43	149	47		
a/a		0.024	0.022	0.064	0.160	0.080	0.070	0.034	0.043	0.055	0.047
a/b	0.325	0.435	0.239	0.426	0.300	0.360	0.465	0.349	0.340	0.360	0.072
b/b	0.650	0.529	0.739	0.511	0.540	0.540	0.395	0.617	0.617	0.571	0.098
a/c							0.023			0.003	0.008
b/c	0.025					0.020	0.047			0.010	0.017
c/d		0.012								0.001	0.004
<i>Gdh</i>											
Sample size	40	87	46	47	50	50	45	151	48		
a/a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.000
<i>Pod</i>											
Sample size	40	86	46	47	50	50	45	151	48		
a/a	0.800	0.674	0.717	0.872	0.880	0.780	0.822	0.848	0.667	0.784	0.081
a/b	0.200	0.314	0.239	0.106	0.120	0.220	0.178	0.139	0.313	0.203	0.077
b/b		0.012	0.043	0.021				0.013	0.021	0.012	0.015
<i>Got-1</i>											
Sample size	40	87	46	47	50	49	45	151	48		
a/a	0.150	0.115	0.087	0.234	0.060	0.122	0.111	0.172	0.063	0.124	0.055
a/b	0.425	0.437	0.391	0.383	0.400	0.429	0.378	0.503	0.438	0.420	0.039
b/b	0.425	0.448	0.522	0.383	0.540	0.449	0.511	0.325	0.500	0.456	0.071
<i>Got-2</i>											
Sample size	40	87	46	47	50	50	45	151	48		
a/a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.000
<i>Gk</i>											
Sample size	38	87	44	43	49	50	45	150	48		
a/a	0.763	0.897	0.773	0.721	0.898	0.940	0.867	0.880	0.896	0.848	0.076
a/b	0.211	0.080	0.227	0.279	0.102	0.020	0.133	0.107	0.063	0.136	0.085
b/b	0.026	0.023				0.040		0.013	0.042	0.016	0.017
<i>Pgm</i>											
Sample size	39	86	44	45	49	50	45	149	47		
a/a	0.821	0.779	0.773	0.667	0.653	0.740	0.733	0.711	0.809	0.743	0.059
a/b	0.128	0.151	0.182	0.244	0.204	0.240	0.200	0.148	0.128	0.181	0.045
b/b		0.012						0.013		0.003	0.006
a/c	0.026	0.046	0.023	0.089	0.082	0.020	0.044	0.107	0.043	0.053	0.032

continued table

locus	王滝1	王滝2	坂下1	坂下2	野尻1	野尻2	野尻3	上松	木曾福島	average	s. d.
<u>b/c</u>	0.026				0.061		0.022	0.020		0.014	0.021
<u>c/c</u>		0.012	0.023						0.021	0.006	0.010
<i>Lap</i>											
Sample size	40	87	46	47	50	50	45	151	48		
<u>a/a</u>	0.900	0.954	0.957	0.957	1.000	0.960	0.978	0.967	0.958	0.959	0.026
<u>a/b</u>		0.011								0.001	0.004
<u>a/c</u>	0.075	0.034	0.022	0.043				0.026	0.042	0.027	0.025
<u>a/d</u>	0.025		0.022							0.006	0.010
<u>o/o</u>						0.040	0.022	0.006		0.008	0.014

付表 3. 木曾のヒノキ天然林 9 林分におけるアイソザイム 10 遺伝子座の対立遺伝子頻度
 Appendix 3. Allele frequency for 10 isozyme loci of 9 natural stands of *C. obtusa* in Kiso

locus	王滝1	王滝2	坂下1	坂下2	野尻1	野尻2	野尻3	上松	木曾福島	average	s. d.
<i>6Pg-1</i>											
Sample size	40	86	46	47	50	50	45	151	48		
<u>a</u>	1.000	1.000	1.000	1.000	0.980	1.000	1.000	0.997	1.000	0.997	0.007
<u>b</u>					0.020			0.003		0.003	0.007
<i>6Pg-2</i>											
Sample size	40	87	46	47	50	50	45	151	48		
<u>a</u>	0.600	0.661	0.685	0.691	0.690	0.650	0.578	0.738	0.646	0.660	0.049
<u>b</u>	0.363	0.339	0.304	0.298	0.310	0.350	0.422	0.262	0.354	0.334	0.046
<u>c</u>	0.025		0.011	0.001						0.004	0.009
<u>d</u>	0.013									0.001	0.004
<i>G6p</i>											
Sample size	40	85	46	47	50	50	43	149	48		
<u>a</u>	0.163	0.241	0.141	0.277	0.310	0.260	0.314	0.208	0.213	0.236	0.061
<u>b</u>	0.825	0.747	0.859	0.723	0.690	0.730	0.651	0.792	0.787	0.756	0.066
<u>c</u>	0.013	0.006				0.010	0.035			0.007	0.012
<u>d</u>		0.006								0.001	0.002
<i>Gdh</i>											
Sample size	40	87	46	47	50	50	45	151	48		
<u>a</u>	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.000
<i>Pod</i>											
Sample size	40	86	46	47	50	50	45	151	48		
<u>a</u>	0.900	0.831	0.837	0.926	0.940	0.890	0.911	0.917	0.823	0.886	0.044
<u>b</u>	0.100	0.169	0.163	0.074	0.060	0.110	0.089	0.083	0.177	0.114	0.044
<i>Got-1</i>											
Sample size	40	87	46	47	50	50	45	151	48		
<u>a</u>	0.363	0.333	0.283	0.426	0.260	0.337	0.300	0.424	0.281	0.334	0.061
<u>b</u>	0.638	0.667	0.717	0.574	0.740	0.663	0.700	0.576	0.719	0.666	0.061
<i>Got-2</i>											
Sample size	40	87	46	47	50	50	45	151	48		
<u>a</u>	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.000
<i>Gk</i>											
Sample size	38	87	44	43	49	50	45	150	48		
<u>a</u>	0.868	0.937	0.886	0.860	0.949	0.950	0.933	0.933	0.927	0.916	0.035
<u>b</u>	0.132	0.063	0.114	0.140	0.051	0.050	0.067	0.067	0.073	0.084	0.035
<i>Pgm</i>											
Sample size	39	86	44	45	49	50	45	149	47		
<u>a</u>	0.897	0.878	0.875	0.833	0.796	0.870	0.856	0.839	0.894	0.858	0.033
<u>b</u>	0.077	0.087	0.091	0.122	0.133	0.120	0.111	0.097	0.064	0.100	0.023
<u>c</u>	0.026	0.035	0.034	0.044	0.071	0.010	0.033	0.064	0.043	0.040	0.019
<i>Lap</i>											
Sample size	40	87	46	47	50	50	45	151	48		
<u>a</u>	0.950	0.977	0.978	0.979	1.000	0.960	0.978	0.980	0.979	0.976	0.014
<u>b</u>		0.006						0.013		0.002	0.002
<u>c</u>	0.038	0.017	0.011	0.021					0.021	0.012	0.013
<u>d</u>	0.013		0.011							0.003	0.005
<u>o</u>						0.040	0.022	0.007		0.008	0.014

付表 4. ヒノキ天然林 8 集団におけるアイソザイム 10 遺伝子座の遺伝子型頻度

Appendix 4. Genotype frequency for 10 isozyme loci of 8 natural populations of *C. obtusa*

locus	いわき	今市	秩父	聖	井川	木曾	魚梁瀬	白髪山	平均
<i>6Pg-1</i>									
Sample size	67	68	92	108	50	563	52	54	
<u>a/a</u>	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.995	1.000	1.000	0.999
<u>a/b</u>						0.005			0.001
<i>6Pg-2</i>									
Sample size	67	70	92	108	50	564	53	54	
<u>a/a</u>	0.328	0.229	0.272	0.306	0.300	0.452	0.472	0.241	0.325
<u>a/b</u>	0.478	0.600	0.565	0.426	0.600	0.441	0.377	0.556	0.505
<u>b/b</u>	0.194	0.171	0.163	0.269	0.100	0.098	0.151	0.204	0.169
<u>b/c</u>						0.004			0.000
<u>a/c</u>						0.004			0.000
<u>a/d</u>						0.002			0.000
<i>G6p</i>									
Sample size	67	67	92	108	50	557	53	54	
<u>a/a</u>	0.015	0.194	0.207	0.157	0.200	0.050	0.038	0.093	0.119
<u>a/b</u>	0.478	0.522	0.435	0.426	0.520	0.363	0.396	0.444	0.448
<u>b/b</u>	0.463	0.284	0.348	0.417	0.280	0.576	0.566	0.463	0.425
<u>a/c</u>	0.015					0.002			0.002
<u>b/c</u>	0.030		0.011			0.007			0.006
<u>c/d</u>						0.002			0.000
<i>Gdh</i>									
Sample size	67	70	92	108	50	564	53	54	
<u>a/a</u>	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Pod</i>									
Sample size	67	63	89	108	40	563	51	53	
<u>a/a</u>	0.970	0.651	0.787	0.722	0.750	0.789	0.667	0.434	0.721
<u>a/b</u>	0.030	0.302	0.191	0.259	0.225	0.199	0.235	0.358	0.225
<u>b/b</u>	0.000	0.048	0.022	0.019	0.025	0.012	0.098	0.208	0.054
<i>Got-1</i>									
Sample size	67	69	92	108	50	563	53	54	
<u>a/a</u>	0.015	0.029	0.022	0.037	0.060	0.131	0.019	0.185	0.062
<u>a/b</u>	0.149	0.275	0.207	0.361	0.260	0.437	0.358	0.481	0.316
<u>b/b</u>	0.836	0.696	0.772	0.602	0.680	0.432	0.623	0.333	0.622
<i>Got-2</i>									
Sample size	67	70	92	108	50	564	53	54	
<u>a/a</u>	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Gk</i>									
Sample size	66	70	92	108	50	554	53	54	
<u>a/a</u>	0.985	0.914	0.837	0.972	0.960	0.861	0.925	0.981	0.929
<u>a/b</u>	0.015	0.086	0.163	0.028	0.040	0.123	0.057	0.019	0.066
<u>b/b</u>						0.016	0.019		0.004
<i>Pgm</i>									
Sample size	66	70	91	108	50	554	53	54	
<u>a/a</u>	0.909	0.629	0.802	0.815	0.760	0.738	0.358	0.389	0.675
<u>a/b</u>	0.045	0.257	0.165	0.185	0.200	0.173	0.547	0.370	0.243
<u>b/b</u>	0.045	0.014	0.000	0.000	0.040	0.005	0.019	0.074	0.025

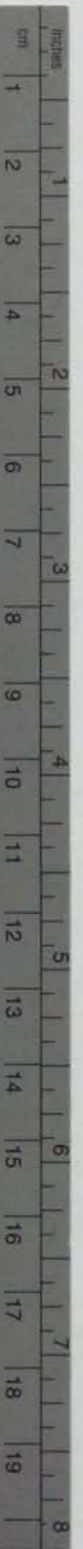
continued table

locus	いわき	今市	秩父	聖	井川	木曾	魚梁瀬	白髪山	平均
<u>a/c</u>	0.000	0.100	0.033	0.000	0.000	0.063	0.057	0.074	0.041
<u>b/c</u>						0.014			0.002
<u>c/c</u>						0.005	0.019	0.093	0.015
<i>Lap</i>									
Sample size	67	70	92	108	50	564	52	54	
<u>a/a</u>	0.985	1.000	0.989	0.907	0.960	0.961	0.923	0.907	0.954
<u>a/b</u>	0.000	0.000	0.000	0.037	0.020	0.002	0.019	0.000	0.010
<u>a/c</u>	0.015	0.000	0.011	0.000	0.000	0.027	0.038	0.056	0.018
<u>a/d</u>						0.004			0.000
<u>a/e</u>					0.020				0.000
<u>b/b</u>				0.019					0.002
<u>c/c</u>				0.019			0.019	0.037	0.009
<u>d/d</u>				0.009					0.001
<u>o/o</u>				0.009		0.007			0.002

付表 5. ヒノキ天然林 8 集団におけるアイソザイム 10 遺伝子座の対立遺伝子頻度
 Appendix 5. Allele frequency for 10 isozyme loci of 8 natural populations of *C. obtusa*

locus	いわき	今市	秩父	聖	井川	木曾	魚梁瀬	白髪山	平均
<i>6Pg-1</i>									
Sample size	67	68	92	108	50	563	52	54	
<u>a</u>	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.997	1.000	1.000	1.000
<u>b</u>						0.003			0.000
<i>6Pg-2</i>									
Sample size	67	70	92	108	50	564	53	54	
<u>a</u>	0.567	0.529	0.554	0.519	0.600	0.676	0.660	0.519	0.578
<u>b</u>	0.433	0.471	0.446	0.481	0.400	0.320	0.340	0.481	0.422
<u>c</u>						0.004			0.000
<u>d</u>						0.001			0.000
<i>G6p</i>									
Sample size	67	67	92	108	50	557	53	54	
<u>a</u>	0.261	0.455	0.424	0.370	0.460	0.232	0.236	0.315	0.344
<u>b</u>	0.716	0.545	0.571	0.630	0.540	0.761	0.764	0.685	0.652
<u>c</u>	0.022		0.005			0.005			0.004
<u>d</u>						0.001			0.000
<i>Gdh</i>									
Sample size	67	70	92	108	50	564	53	54	
<u>a</u>	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Pod</i>									
Sample size	67	63	89	108	40	563	51	53	
<u>a</u>	0.985	0.802	0.882	0.852	0.863	0.888	0.784	0.613	0.834
<u>b</u>	0.015	0.198	0.118	0.148	0.138	0.112	0.216	0.387	0.166
<i>Got-1</i>									
Sample size	67	69	92	108	50	563	53	54	
<u>a</u>	0.090	0.167	0.125	0.218	0.190	0.350	0.198	0.426	0.220
<u>b</u>	0.910	0.833	0.875	0.782	0.810	0.650	0.802	0.574	0.780
<i>Got-2</i>									
Sample size	67	70	92	108	50	564	53	54	
<u>a</u>	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Gk</i>									
Sample size	66	70	92	108	50	554	53	54	
<u>a</u>	0.992	0.957	0.918	0.986	0.980	0.922	0.953	0.991	0.963
<u>b</u>	0.008	0.043	0.082	0.014	0.020	0.078	0.047	0.009	0.037
<i>Pgm</i>									
Sample size	66	70	91	108	50	554	53	54	
<u>a</u>	0.932	0.807	0.901	0.907	0.860	0.856	0.660	0.611	0.817
<u>b</u>	0.068	0.143	0.082	0.093	0.140	0.099	0.292	0.259	0.147
<u>c</u>	0.000	0.050	0.016	0.000	0.000	0.044	0.047	0.130	0.036
<i>Lap</i>									
Sample size	67	70	92	108	50	564	52	54	
<u>a</u>	0.993	1.000	0.995	0.926	0.980	0.977	0.952	0.935	0.970
<u>b</u>	0.000	0.000	0.000	0.037	0.010	0.001	0.010	0.000	0.007
<u>c</u>	0.007	0.000	0.005	0.019	0.000	0.013	0.038	0.065	0.018
<u>d</u>	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.002	0.000	0.000	0.001
<u>e</u>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.001
<u>o</u>	0.000	0.000	0.000	0.009	0.000	0.007	0.000	0.000	0.002





Kodak Color Control Patches

© Kodak, 2007 TM: Kodak

Blue	Cyan	Green	Yellow	Red	Magenta	White	3/Color	Black

Kodak Gray Scale



© Kodak, 2007 TM: Kodak

A 1 2 3 4 5 6 **M** 8 9 10 11 12 13 14 15 **B** 17 18 19

