

氏名（本籍）	CAI Mengying		
学位の種類	博 士（ 農 学 ）		
学位記番号	博 甲 第 9856 号		
学位授与年月日	令和 3 年 3 月 25 日		
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当		
審査研究科	生命環境科学研究科		
学位論文題目	Genetic Diversity and Population Structure of Chinese <i>Cryptomeria</i> (<i>Cryptomeria japonica</i> var. <i>sinensis</i>) for Conservation Strategies (中国のスギ（柳杉）の保全戦略のための遺伝的多様性と集団構造)		
主査	筑波大学教授	農学博士	津村 義彦
副査	筑波大学教授	博士（理学）	石田 健一郎
副査	筑波大学教授	博士（農学）	上條 隆志
副査	筑波大学准教授	博士（農学）	津田 吉晃

論 文 の 要 旨

審査対象論文は中国のスギの変種である柳杉（りゅうさん）（*Cryptomeria japonica* var. *sinensis*）を研究対象として、遺存的な老齢木集団の遺伝的多様性及び遺伝構造を明らかにし、日本のスギ天然林との遺伝的な違いについて評価した。これら老齢木集団と大規模に植栽されている人工林との遺伝的な関連も調査している。またこれらの結果を用いて中国における将来のスギ老齢木集団の保全やスギ林業の方向性について議論を行った。

第1章で著者は、中国に現存しているスギの変種である柳杉の植物学的、生態学的特徴について述べ、中国におけるスギの林業上の重要性、老齢木集団の保全の危機的な状況について論じている。これらの背景から著者は、当該論文の研究目的として、これら老齢木集団の遺伝的多様性と遺伝構造の解明、日本の天然林との関連、中国の人工林との関連解明を提示した。

第2章で著者は、中国東南部（江西省1集団、安徽省1集団、福建省3集団、浙江省2集団）に分布するスギ老齢木7集団122個体（胸高直径1m以上）からDNA分析用の材料を収集した。またDNA分析手法としてddRAD-seq法を用いて、922SNPs（一塩基多型）を検出して、遺伝的多様性及び遺伝構造を調査した。その結果、江西省のLushan集団が最も高い遺伝的多様性を示し、他の6集団は比較的低い遺伝的多様性を示した（ $He=0.143$ ）。また遺伝構造は明瞭であり、遺伝子分化係数（ $F_{ST}=0.143$ ）は高い値を示したが、距離による隔離はなかった。また日本のスギ天然林6集団（ $He=0.245$, $F_{ST}=0.045$ ）と比較すると、遺伝的多様性はかなり低く遺伝構造はより明瞭であった。また遺伝的多様性が高かった中国のLushan集団は遺伝的多様性及び遺伝構造の結果から、古い時代に日本のスギを植栽したと結論づけられた。またその他6集団の過去からの集団動態をStairway Plotを用いて解析したところ、中国のスギ集団の有効集団サイズは減少の一途であることを明らかにした。これらの結果は中国のスギ老齢林集団が強い人為的な影響を受けていることを示唆していたと述べている。

第3章で著者は、中国中南部（福建省3集団、湖南省1集団、浙江省3集団、四川省3集団）に植栽されているスギ人工林10集団の248個体と2箇所のスギ採種園（福建省、四川省）からそれぞれ144個体、24個体からDNA分析用の材料を収集した。DNA分析手法としては、第二章と同じddRAD-seq法を用いている。得られた1288

SNPsを用いて、遺伝的多様性と遺伝構造を調査した。その結果、湖南省のHengshan集団と福建省のXiapu採種園で遺伝的多様性が高い値を示した。また遺伝構造は明瞭で、同じ省内の人工林は似た遺伝構造を保有していた。また四川省のHongya採種園は遺伝的多様性が低く、文献記録どおりにLinyan集団由来であることが明らかとなった。福建省のXiapu採種園は様々なスギを集めて造成されているため、遺伝的多様性が高く、遺伝構造も混合状態を示した。湖南省のHengshan集団は植栽記録と遺伝解析結果から日本のスギの植栽であると考えられた。その他の現在の人工林は基本的には省内の遺伝材料を使って造成されていることが分かった。

第4章で著者は、2章及び3章のDNAデータを統合して、中国の老齢林と人工林の遺伝的な関連を調査している。統合されたデータでは702SNPsが検出され、日本由来だと考えられる老齢林Lushan集団と人工林Hengshan集団を除いて集団遺伝構造の解析を行った。その結果、老齢林集団と人工林集団の遺伝的組成は非常に似ており、同じ省内ならば老齢林も人工林も同じ遺伝構造を保持していた。また老齢林集団には見られないユニークな遺伝的特徴を持つ集団が四川省の人工林で見つかり、著者は新たな遺伝資源として活用が期待されると述べている。現在では四川省にはスギの老齢林は見られないが、化石情報から3200万年前にはスギが分布していたことが明らかになっているため、これらは過去のスギの生き残りである可能性も考えられると論じている。

第5章で著者は、スギ老齢木の保全としてゾーニングを提唱し、厳密な保全を行う保護地域 (Protection Zone)、その周辺の緩衝地域 (Buffer Zone)、緩衝地域の外側の木材生産地域 (Production Zone)に分けて、今回見つかった老齢木集団を厳密に管理することを提案した。また現在の人工林が老齢木集団と似た遺伝構造を保持していたため、地域ごとに採種園を構築して、現在の遺伝的構造を攪乱しない植林方法を提唱した。

審 査 の 要 旨

中国の森林は過去の強度の伐採により多くの天然林が伐採され、その後に国策として大規模な緑化が行われた。そのため中国の森林の蓄積量は近年、急激に増加している。このように中国の森林は人為的な攪乱が大きく、日本のように多くの天然林は存在していないのが現状である。そのため遺存的な天然林の評価及びその保全は重要な課題である。中国東南部には日本のスギの変種である柳杉 (りゅうさん) (*Cryptomeria japonica* var. *sinensis*) が存在しており、これらの遺伝的多様性や遺伝構造、日本のスギとの遺伝的関連などは分類学、系統地理学上での重要な研究課題であった。本論文では中国東南部に存在するスギ老齢林を広く探査して7集団を見出して次世代シークエンサーを用いたddRAD-seq法を用いて解析した。その結果、遺伝的多様性は日本のスギ天然林と比べ低く、集団間の遺伝的分化は大きく遺伝構造は明瞭であった。この結果は歴史的な大きな人為が影響していることを示していた。老齢林と人工林の比較の結果、同じ省内では老齢林、人工林の別に関わらず似た遺伝構造が保持されており、また老齢林に見られないユニークな遺伝的特徴を持った人工林が見出されたことから、今後の遺伝資源としての活用が期待される。またスギ老齢木の保全施策や今後の人工林の造成について、現状の遺伝構造の保全を念頭に置いた提案は中国の林業にとって有益な情報となることが期待される。

以上のように本審査対象論文は、森林保全や林業の分野における優れた研究成果として高く評価できる。

令和3年1月26日、学位論文審査委員会において、審査委員全員出席のもとに論文の審査及び最終試験を行い、本論文について著者に説明を求め、関連事項について質疑応答を行った。その結果、審査委員全員によって合格と判定された。

よって、著者は博士 (農学) の学位を受けるのに十分な資格を有するものとして認める。