

審査の結果の要旨

氏名 齊藤 陽子

本研究は、日本におけるコナラ属クヌギ節樹木2種（クヌギおよびアベマキ）の遺伝構造とその形成要因について議論したものである。両種は古くから農工具や薪炭材として利用されており、里山の主要な構成種である。クヌギは近年シイタケ原木としての需要も高い。このように、両種は日本人の生活と密着した樹種であるが、遺伝的多様性に関する研究は行われていない。また、両種間の浸透交雑が指摘されているが、それを遺伝的に示した研究もない。本研究では、両種の日本における遺伝的多様性と遺伝構造を包括的に解明し、その形成に浸透交雫や人間活動が与えた影響について考察した。

第一章では、両種の特徴と本研究の目的を記述、第二章では、樹木の遺伝構造に関する既往研究をレビューした。

第三章では、クヌギについて、日本の天然更新集団（以下天然集団）と植栽集団、対照として韓国与中国東北部の集団（以下大陸集団）を用い、葉緑体および核の遺伝解析により遺伝的多様性と遺伝構造を把握した。その結果、葉緑体ハプロタイプ多様度は大陸集団では高かったが、日本ではほとんどの集団がひとつのハプロタイプに固定しており、クヌギが限られた地域の集団から急速に分布拡大したことが示唆された。また、天然集団の核の遺伝的多様性に、地理的クライインは見られず、ボトルネックもほとんど見られなかった。これから、過去の分布変遷において極端な個体数減少はなかったと考えられた。さらに、中部地方を境界に東西に分かれる遺伝構造が検出され、対立遺伝子多様度は西日本の方が有意に高く、地域内での集団間分化は東日本の方が大きかったことから、氷期におけるクヌギのレフュージアが西日本に存在したことが示唆された。また、植栽集団も天然集団と同様の遺伝構造を示し、前者が後者由来の種苗によって造成されたか、あるいは後者が前者からの逸出により成立したかのどちらかであると考えた。

第四章では、人工林を含むアベマキ集団について解析した。葉緑体DNAではアベマキの全個体が1つのハプロタイプに固定されており、過去のボトルネックと近年の急速な分布拡大が示唆された。アベマキの核DNAの遺伝的多様性は

高く、ある程度の集団間分化もみられた。一方、日本の多くの樹種とは異なり、地理的クライインや明確な空間的な遺伝構造は見られなかった。また、同所的にクヌギが生育する集団では、クヌギクラスターとの混合が見られ、クヌギとの交雑がアベマキの遺伝構造に影響した可能性が示された。

第五章では、同所的にクヌギとアベマキが生育し交雫が起こっているとされる地域のクヌギ節樹木について、交雫の形態的指標とされる葉裏の星状毛密度の計測と遺伝解析により交雫の実態を明らかにし、両種の浸透交雫を実証した。

第六章では、植栽年代の異なるクヌギ人工林の遺伝的多様性を比較した。核DNAでは植栽年代による遺伝的多様性の違いは大きくなかったが、葉緑体DNAでは高齢林より壮齡林で遺伝子多様度が高かった。また、葉緑体ハプロタイプ頻度に基づく集団系統樹は、大きく日本の人工林と大陸集団に分かれたが、一部壮齡人工林は二つのクレードの中間に位置した。これらから、近年のクヌギの造林に大陸産の種苗、特に韓国産が用いられたと考えられた。

第七章は総合考察である。まず、クヌギとアベマキの遺伝構造の形成プロセスについて論じた。葉緑体DNAから、浸透交雫が両種の遺伝構造大きな影響を与えていたことが示されたが、核DNAからは、部分的には交雫の影響はあるものの、両種は遺伝的に明確に分けられた。両種とも列島内に葉緑体DNAの遺伝構造を持たなかつたことから、小さなレフュージアにおいてハプロタイプを共有した後、急速に列島全体に広がったものと考えられた。特にクヌギは、核DNAの結果から、西日本にレフュージアが存在し、一定の個体数を保持したまま東北地方まで急速に分布拡大したと考えられた。また、アベマキの核DNAにも明確なクライインや遺伝構造は見られず、クヌギと類似していた。こうした両種の遺伝構造の特徴は人為影響を否定しなかつた。さらに、クヌギ人工林に在来集団とは遺伝的に異なる韓国産種苗の導入可能性が示された。クヌギとアベマキの浸透交雫の例から、クヌギ外来種苗の利用は在来のクヌギだけでなくアベマキにも遺伝子汚染のリスクがあるとした。

以上、本論文は日本の里山の代表的樹種であるクヌギ節樹木について、その遺伝構造を、クヌギ、アベマキ間の遺伝的浸透の事実とともに明らかにし、これまでの人為影響についてもはじめて実証的に示したものであり、森林の管理および遺伝的多様性保全に資するものである。これらの結果は学術上、応用上寄与するところが少なくない。よって、審査委員一同は本論文が博士（農学）の学位論文として価値あるものと認めた。