

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 30 年 6 月 6 日現在

機関番号：82105

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2014～2017

課題番号：26450220

研究課題名(和文) 残存するスギ天然林の成立過程の解明とシミュレーションによる将来予測

研究課題名(英文) Estimate of the establishment process and prediction of genetic diversity by simulation in old-growth natural population of *Cryptomeria japonica*.

研究代表者

木村 恵 (Kimura, Megumi)

国立研究開発法人森林研究・整備機構・森林総合研究所林木育種センター・主任研究員 等

研究者番号：20436520

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,900,000円

研究成果の概要(和文)：スギは日本の固有種であり、重要な林業樹種である。選択的な伐採が行われてきた高知県魚梁瀬地方のスギ天然林において選択的な伐採がスギの林分構造と遺伝的特徴に与える影響を間伐前後の比較とシミュレーションにより評価した。今回の間伐による遺伝的多様性の減少はシミュレーションによる予測と同程度であり、残存木の遺伝的多様性には大きく影響しないと考えられた。一方、残存木は高い成長量を維持していたものの、間伐後5年経過しても更新木は稀であった。一般的にスギの天然下種更新には地かきなどの補助作業が必要とされているため、現在のような林分構造と遺伝特性を維持するためには積極的な更新補助作業が必要と考えられた。

研究成果の概要(英文)：*Cryptomeria japonica* is endemic to Japan and very important for Japanese forestry. In this study, the impact of selective logging on genetic diversity of *C. japonica* in Kochi Prefecture was examined using both of direct comparison and simulation methods. Direct comparison of logged and remaining individuals showed a reduction of the number of private alleles, but neither of heterozygosity and of allelic richness calculated from genotypes at eight SSR makers. In addition, the result of simulation test also showed similar level of genetic erosion in this site. The investigated stand also showed high growth rate and limited natural regenerations. In order to maintain current stand structure and genetic diversity, the regeneration promotion treatments are needed.

研究分野：森林生態学

キーワード：マイクロサテライトマーカー SSR SNP 遺伝構造

1. 研究開始当初の背景

(1) スギ天然林は古くから高級木材として利用されてきた貴重な天然資源のひとつである。しかし天然林の資源量は年々減少しており、天然スギの産地で有名な秋田においては資源の枯渇を懸念し、伐採禁止の措置がとられるようになった。貴重なスギ天然林を持続的に利用し管理していくには、それらの林分の成立要因を理解することが不可欠である。しかし、現存するスギ天然林がどのような更新イベントを経て成立したのかについては未だ不明な点が多い。また、古くから人間によって利用されてきた樹種であるため、天然林といえども現在の林分構造には人為が少なからず影響していると考えられ、その影響を検証する必要がある。もし、択伐や他樹種の除伐がスギの更新を促進させてきたとしたら、人為を排除して保全するだけでは持続的な森林管理は難しいと考えられる。そのため、現存するスギ天然林について人間活動の影響を含めた成立過程と成長要因の情報が求められている。

(2) 全国に残存する天然林は遺伝資源としても注目され、林分が保持する形質や遺伝的多様性の情報は育種母材として活用するうえでも重要である。様々な生育環境に適応して生育していると考えられる天然林の遺伝資源としての価値を評価するには、それらの林分がどれだけの遺伝的多様性と有用形質を保持しているのかを示す必要がある。従来の遺伝的多様性の評価は、マイクロサテライト(SSR)マーカーなどの中立マーカーを用いた研究が多く、遺伝情報と表現形質は基本的には関連していない。近年、膨大な数の塩基多型(SNP)マーカーを利用した研究により、ようやく形質や環境要因と関連する候補遺伝子が見つかりはじめている。これらの候補遺伝子を利用することで、表現形質と関連した遺伝子の多様性を評価することができる。また、天然林の持続的な利用を目指して、群状択伐による更新が試みられており、これらの施業による遺伝的多様性の損失が懸念されている。天然林の持続的な管理と利用を目指すには、遺伝資源としての情報の蓄積と、シミュレーションによる将来予測を含めた管理方法の確立が求められている。

2. 研究の目的

貴重な天然資源であるスギ天然林の持続的な管理を目指すには、その成立要因を明らかにする必要がある。その際、スギは古くから利用されてきた樹種であるため、利用履歴の影響を考慮する必要がある。本研究では現在も選択的な伐採が行われている高知県魚梁瀬地方のスギ天然林を対象に、(1) 遺伝情報と林分構造からスギ林の更新過程と成立要因について推察する。さらに(2) 中立マーカー及び表現形質と関連する遺伝マーカーを用いて遺伝資源としての価値を再評価し、(3) 伐採後の遺伝的多様性と林分構造の

変化についてシミュレーションを用いて予測することで天然林の持続的な管理手法の確立を目指す。

3. 研究の方法

調査地は高知県馬路村に位置する安芸森林管理署大戸山国有林(面積 12.1 ha)である。この林分では2012年12月に間伐目的で胸高直径(DBH)90 cm以上のスギ大径木の27%の本数に相当する68本が伐採された。この林分において間伐の影響を調べるため、以下の調査を行った。

(1) 成立要因の推定

2014年に1.4haの調査区を設置し、高さ130cm以上の全立木の樹種、DBH及び位置を記録し、林分構造を調べた。また、このうち全てのスギ(間伐された個体も含む)から針葉もしくは内樹皮を採取し、DNAを抽出した。これらのスギについて、SSRマーカー8遺伝子座を用いて遺伝子型を特定し、血縁度と遺伝構造を調べた。同様の遺伝解析を植栽履歴の明らかな高齢スギ人工林(静岡県天竜地区の115年生の人工林)に生育する89個体のスギでも行い、遺伝的特徴を比較することで、大戸山国有林の成り立ちについて考察した。

(2) 遺伝的な多様性の評価

スギの遺伝的多様性が伐採後にどのように変化するのかを調べるため、大戸山国有林の林分全体から伐採木を含む372個体についてSSR8遺伝子座を用いて遺伝子型を調べ、遺伝的多様性(ヘテロ接合度の観察値、期待値、アレリックリッチネス)を計算した。また形質や適応に関わると考えられるSNP125座を用いてこれらの個体の遺伝子型を特定し、間伐対象サイズ(DBH90cm以上)とそれ以下のサイズで遺伝子頻度を比較した。

(3) 将来の遺伝的多様性の変動と林分構造の変化

大戸山国有林の固定試験地(1.4ha)内に生育する立木について、3成長期経過後の2017年11月に再度測定し、伐採後の残存木の成長量を調べた。また伐採現場から梢端部分を3本探しだし、頂端から1mの部位の年輪を読み直近の樹高成長量を計算した。また、2012年に伐採された68本のうち、中心部分が判読可能な60本の伐根について年輪を数え、年間の成長量から過去の成長履歴を推測した。さらに、大戸山国有林全体の遺伝情報からシミュレーションにより伐採数に伴う遺伝的多様性の減少量を計算した。

4. 研究成果

(1) 成立要因の推定

1.4haの調査区内には239本のスギが生育しており、スギの直径階分布は胸高直径0~20 cmと70~80 cmにモードを持つふた山分布だった(図1)。当林分は昭和12年にスギ

を補植した記録が残っており、サイズが小さい方のモードはこのときに植栽されたスギが含まれる可能性が高い。スギは試験地の斜面上部で密度がやや多く、尾根部では大径木の密度が高かった(図2)。

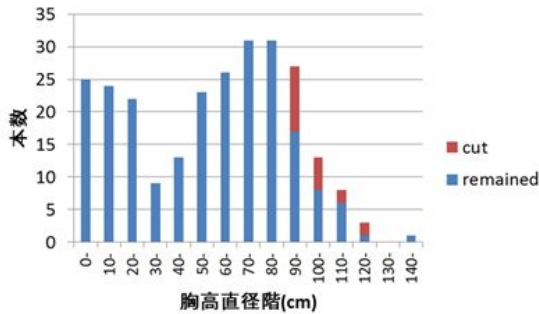


図1. 固定試験地(1.4 ha)のスギの直径階分布. Cutは間伐によって取り除かれたスギの本数を示す

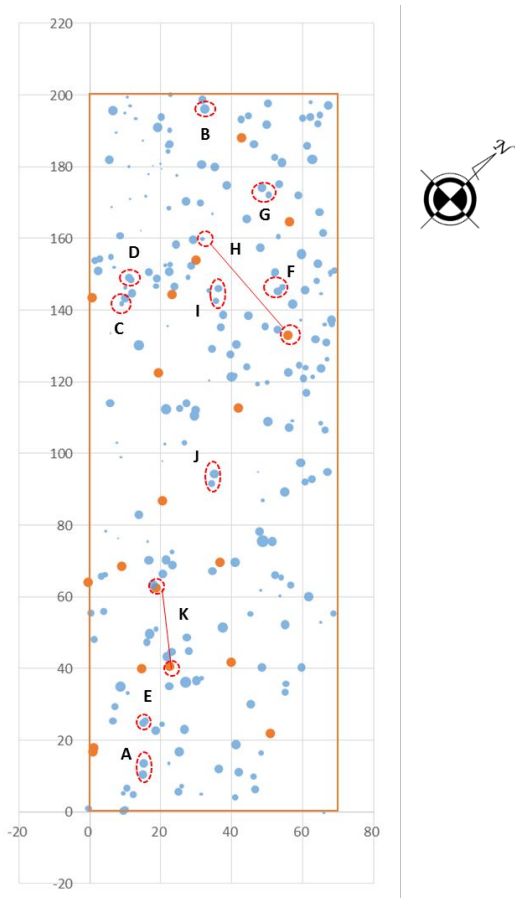


図2. 試験地におけるスギの立木位置図. 青色はスギ生立木を、オレンジ色はスギの伐根(2012年間伐時)を示す. 円の大きさは胸高直径の大きさに比例している. アルファベットは同じクローンの組み合わせを示す.

遺伝子解析の結果から、10組21個体で全兄弟の関係が、のべ507組で半兄弟の関係がみられた。また空間遺伝構造解析から、30m

以内の近距離クラスで有意な正の相関がみられたことから、遺伝的に類似した個体が集中して分布していることがわかった。

比較として静岡県天竜地区の115年生の人工林89個体について対立遺伝子の空間遺伝構造を調べたところ、近距離(<20m)でのみ有意な正の相関が認められ、40mでは逆に有意な負の相関に転じた。大戸山国有林で同様の解析を行ったところ、補植の疑いのある個体を含む胸高直径40cm未満の68個体では天竜の人工林と同様に近距離でのみ(<10m)で有意な自己相関を示した。一方で天然生と考えられる大径木173個体では、他種でも報告されているような天然更新時の種子や花粉の散布制限に起因すると考えられる長距離(>60m)までの緩やかな自己相関が認められた。択伐のような小規模の攪乱によって生じた定着サイトは近隣の母樹の実生が優占すると考えられることから、空間遺伝構造解析の結果は兄弟のような近縁個体の集中した分布を反映しているのかもしれない。また、解析したスギの11組24本は同じ遺伝子型を示したことから、これらは同一クローン(ジェネット)であると考えられた(図2)。これらの多くは隣接した幹であり、挿し木苗が卓説した造林の可能性は低いと考えられた。多雪地帯においては伏条による旺盛な更新が見られるものの、調査地においてクローンの頻度も少なく、シュートの繋がりが確認できるような現在進行中の伏条更新はみられなかった。

(2) 形質や環境と関連するSNPによる評価

2012年に伐採された伐採木68本と残存木からランダムに採取した306本について遺伝子型を特定した。遺伝的多様性として算出したヘテロ接合度の観察値、期待値、アレリックリッチネスには残存木と伐採木それぞれに大きな違いはみられなかったが、遺伝子組成が異なる座も観察された(表1)。また、伐採木に固有な対立遺伝子が3つみられた。

表現形質と関連するSNP125座について伐採対象サイズ(DBH 90cm以上)と非対象サイズ(DBH 90cm未満)で遺伝子頻度を比較したところ、遺伝子頻度が大きく異なる遺伝子座も存在した。

表1. SSR8 遺伝子座を用いたスギの遺伝的多様性.

	解析数 N	対立遺伝子数 N_A	ヘテロ接合度		アレリックリッチネス $A_{r(68)}$	固有の対立遺伝子数 PA/N
			観測値 H_O	期待値 H_E		
残存木	305	21.1	0.762	0.821	16.1	0.14
伐採木	69	16.0	0.783	0.806	16.0	0.04
合計	373	8.6	0.773	0.814	16.2	0.13
20cm ≤ DBH < 90cm	270	20.5	0.761	0.822	17.7	0.13
90cm ≤ DBH	103	17.3	0.779	0.810	17.3	0.08

(3) 将来の遺伝的多様性の変動と林分構造の変化

2014年の毎木調査では37樹種749本ha⁻¹の立木が確認され、スギの立木密度は153本ha⁻¹だった。スギの胸高断面積合計(BA)は、

間伐直後は $56.0 \text{ m}^2 \text{ ha}^{-1}$ で、全ての樹種の BA の 73% を占めていた。間伐後 3 年間で 8 ha^{-1} のスギが枯死したが、BA は 56.0 から $56.9 \text{ m}^2 \text{ ha}^{-1}$ に増加し、BA の年平均成長率は 0.5% だった。頂端部分の年輪解析から、スギ大径木の樹高成長速度は $4.7 \sim 7.7 \text{ cm yr}^{-1}$ と推定された。樹高成長速度を 4 cm yr^{-1} とし、間伐直後と 3 年後の材積を計算したところ、 $640.6 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1}$ および $650.9 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1}$ と推定された。さらに、切株の年輪の成長解析から、当林分では過去 30 年でスギの材積が 28% 増加したと推定された。

この林分に成育するスギが保持する遺伝的多様性は高く、またランダムに個体数が減少した場合と今回の伐採による生残木では、対立遺伝子数、ヘテロ接合度の観察値、期待値に大きな差はみられなかった。一方で稀な対立遺伝子や表現型質と関連した SNP の遺伝子頻度には伐採対象サイズが否かで違いがみられたことから、大径木の伐採により遺伝子の組成に影響を及ぼす可能性は否定できなかった。

(4) まとめ

これらの成果から、当スギ林は高齢林分にも関わらず高い成長量を維持していると考えられた。また伐採数が変化した場合の遺伝的多様性の損失をシミュレーションで推定した結果、今回行われた規模の伐採密度であれば、遺伝的多様性には大きく影響しないと考えられた。一方で間伐後 5 年経過してもスギの稚樹は更新していなかった。また、林分内の小径木は過去の植栽によるものと考えられた。一般的にスギの天然下種更新には地かきなどの補助作業が必要とされているため、現在のような林分構造と大径木が保持する遺伝特性を維持するためには積極的な更新補助作業が必要と考えられる。また持続的な遺伝資源管理のためには、伐採後に更新する世代の遺伝的多様性についても今後評価していく必要があるだろう。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 1 件)

酒井敦、大谷達也、宮本和樹、河原孝行、木村恵、内山憲太郎、魚梁瀬天然生スギ林の年齢構成と履歴、森林総合研究所四国支所年報、査読無、57、2016、34 - 36
http://www.ffpri-skk.affrc.go.jp/sn/sn28/sn_h28.pdf

[学会発表](計 5 件)

木村恵、内山憲太郎、岩崎隼、齊藤陽子、井出雄二、袴田哲司、酒井敦、大谷達也、岩泉正和、磯田圭哉、遺伝的多様性と遺伝構造から探るスギ高齢林の更新様式、第 129 回日本森林学会、2018 年

酒井敦、大谷達也、米田令仁、内山憲太郎、木村恵、魚梁瀬「天然」スギ林の間伐後の成長、第 129 回日本森林学会、2018 年

KIMURA K. Megumi、UCHIYAMA Kentaro、SAKAI Atsushi、OTANI Tatsuya、KAWAHARA Takayuki、TSUMURA Yoshihiko、Impact of selective logging in genetic diversity of *Cryptomeria japonica* in old natural forest、Kochi Japan、IUFRO 125th Anniversary Congress、2017 年

木村恵、内山憲太郎、酒井敦、大谷達也、岩泉正和、高知県魚梁瀬地域におけるスギ高齢林の遺伝的特徴と遺伝構造、第 64 回日本生態学会大会 2017 年

木村恵、内山憲太郎、酒井敦、大谷達也、河原孝行、津村義彦、択伐施業が天然性スギ林の遺伝的多様性に与える影響、第 126 回日本森林学会、2015 年

[図書](計 0 件)

[産業財産権]

出願状況(計 0 件)

取得状況(計 0 件)

6. 研究組織

(1) 研究代表者

木村 恵 (KIMURA, Megumi)
国立研究開発法人森林研究・整備機構・森林総合研究所林木育種センター・主任研究員等
研究者番号: 20436520

(2) 研究分担者

内山 憲太郎 (UCHIYAMA Kentaro)
国立研究開発法人森林研究・整備機構・森林総合研究所・主任研究員等
研究者番号: 40501937

酒井 敦 (SAKAI Atsushi)
国立研究開発法人森林研究・整備機構・森林総合研究所・主任研究員等
研究者番号: 70353696

(3) 連携研究者

岩泉 正和 (IWAIZUMI Masakazu)
国立研究開発法人森林研究・整備機構・森林総合研究所林木育種センター・主任研究員等

研究者番号: 50391701

大谷 達也 (OTANI Tatsuya)
国立研究開発法人森林研究・整備機構・森
林総合研究所・主任研究員等
研究者番号: 80353613

(4)研究協力者

磯田 圭哉 (ISODA Keiya)
国立研究開発法人森林研究・整備機構・森
林総合研究所林木育種センター・主任研究
員等
研究者番号: 60391702

河合 貴之 (KAWAI Takayuki)
国立研究開発法人森林研究・整備機構・森
林総合研究所林木育種センター・係長