

異なる繁殖方法により造成されたヒノキ人工林分の 遺伝的多様性*、†

湯 定 欽**・池田裕行***・渡邊良弘***
村瀬一隆***・井出雄二****

Genetic Diversity in Artificial Stands of *Chamaecyparis obtusa* Established by Different Propagation Methods

Ding-Qin TANG**, Hiroyuki IKEDA***, Yoshihiro WATANABE***,
Kazutaka MURASE*** and Yuji IDE****

I. は じ め に

一般にヒノキの人工林は、母樹林またはクローン採種園から採種された種子により実生造林される。しかし、種子の採取に当たって、なるべくたくさんの母樹からまんべんなくかつ等量の種子を採取するなど、種子の遺伝的な多様性に配慮するような採取方法が必ずしもとられているとはいえない。実際、高い木の上での採種作業を効率よく行うために、たくさんの球果がついた少数の母樹から採種するというようなことがしばしば行われており、そのため、母樹林とその次代林の間には、遺伝的多様性に変動を生じる可能性がある。

また、最近実生繁殖に代わる方法として、スギ、ヒノキにおいて実生苗を採穂木としたさし木造林が一部行われているが(井出ら, 1989; 植田, 1996)、このような場合、遺伝的多様性の減少は不可避であると考えられるが、現実林分の状況は未解明である。

造林に供する種苗の遺伝的多様性の実態を解明することは、人工林の遺伝的多様性を永続的に維持して行くための方策を考える上で重要と思われる。しかし、ヒノキ林の遺伝的多様性に関しては、これまでに天然林集団(井出・勝木, 1992; 清藤ら, 1987; 清藤, 1992a; SHIRAISHI *et al.*, 1987; UCHIDA *et al.*, 1991, 1997)や精英樹およびその採種園(近藤ら, 1992; 清藤, 1990, 1992b; 鈴木ら, 1989; UCHIDA *et al.*, 1993)を対象とした研究は行われているが、人工林の造成過程での多様性の動態を明らかにした研究はない。また、実生繁殖、さし木繁殖の違いについて検討した事例もない。

そこで本研究では、まず一般的な種子採取方法により人工林を造成する場合の、母林分とその実生次代林分の遺伝的な関係について、アイソザイム分析の手法を用いて比較した。また、実生繁殖にかわる方法として、実生造林木を採穂木として用いたさし木苗による造林地の遺伝的多様

* 本研究の一部は第108回日本林学会大会で口頭発表した。

** 東京大学大学院農学生命科学研究科
Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo.

*** 東京大学農学部附属演習林樹芸研究所
Arboricultural Research Institute, Faculty of Agriculture, The University of Tokyo.

**** 東京大学農学部附属演習林千葉演習林
University Forest in Chiba, Faculty of Agriculture, The University of Tokyo.

† 本研究の一部は文部省科学研究費 No. 07556035 によった。

A part of this research was supported by the Grant-in-Aid No. 07556035 of ministry of Education Science and Culture.

性の実態を同様の方法で解析した。

本研究に当たって分析材料の採取をお許しいただいた、静岡県松崎町高橋幸男氏に厚くお礼申し上げます。また、当該試験林の造成維持に当たられた歴代の樹芸研究所職員に感謝する。

II. 材料と方法

1. 実生造林における遺伝的多様性

実生造林における遺伝的多様性の変動を、種子採種源となった母林分とその実生次代林分の遺伝的多様性を比較するため、静岡県の指定採種源（普通母樹林）である59～69年生（1995年現在）のヒノキ林分（以下母林分と呼ぶ）とその林分より採種した種子から養成した苗木による16年生（同）の実生次代林分（以下実生林分と呼ぶ）を分析対象とした。

実生林分の造成には、静岡県が上記母樹林より1974年秋に事業採取した種子を、1976年4月に購入して使用した。この種子を1976年4月に播種、4年間養苗後の1980年4月に100本造林した。また、同林分では1996年に本数で約30%の間伐を実施している。

2. さし木造林における遺伝的多様性

上で用いた16年生実生林分と同林分が5年生のときにその造林木から採種して養苗したさし木苗で造林した8年生さし木林分を分析対象とした。さし木苗は、1985年4月に上記実生林分からランダムに選んだ造林木から、各10～20本程度採種してクローンを混合してさしつけ、3年間養苗したものである。この苗木200本を1988年に造林した。造林に際してクローンごとの苗木の本数やクローン数などは記録しなかった。すなわち、実際に造林されている苗木のクローン構成は不明である。

上記3林分について、1995年12月に各林分から50個体を無作為に選んで当年生の枝葉を採

表-1 調査林分の概要

Table 1. Description of sample stands

No.	種別 Type	林齢(年) Age	面積(ha) Area	所在地 Location	林小班 Compartment	摘要 Others
1	普通母樹林	60～80	10.20	静岡県賀茂郡松崎町	7-よ/3他	高橋幸男氏山林
2	実生次代林分	16	0.36	静岡県賀茂郡南伊豆町	1-j 2	東京大学樹芸研究所
3	さし木林分	8	0.30	"	5-e 7	"

表-2 分析に用いた酵素種および遺伝子座

Table 2. Investigated enzyme systems and loci

酵素種 Enzyme system	略号 Abbreviation	遺伝子座 Locus
6-ホスホグルコン酸脱水素酵素	6PGD	6Pgd-2
グルコース-6-リン酸脱水素酵素	G6PD	G6p
アスパラギン酸アミノ転移酵素	GOT	Got
グルコキナーゼ	GK	Gk
シキミ酸脱水素酵素	SHD	Shd-2
パーオキシダーゼ	POD	Pod
ディアホラーゼ	DIA	Dia-1, Dia-2
ホスホグルコムターゼ	PGM	Pgm

種した。枝葉は分析に供するまで -80°C で冷凍保存した。アイソザイムの分析は、アクリルアミドゲル垂直電気泳動法で津村ら (1990) の方法に従って行った。解析に用いたのは表-2 に示す 8 酵素種, 9 遺伝子座である。これらの遺伝子座については, 交配家系の分析によってアロザイムと確認されている (UCHIDA *et al.*, 1991)。

得られた各遺伝子座の遺伝子頻度から, 一遺伝子座当たりの有効遺伝子数 N_e , ヘテロ接合体率の期待値 H_e を求め, 林分ごとに比較した。

表-3 母林分と実生林分の遺伝子構成の比較

Table 3. Comparison in genetic composition between mother stand and its progeny stand

遺伝子座 Locus	対立遺伝子 Allele	遺伝子 Number of genes						χ^2
		遺伝子頻度 Frequency		観察値 Observed		期待値 Expected		
		母林分 Mother stand	実生林分 Progeny stand	母林分 Mother stand	実生林分 Progeny stand	母林分 Mother stand	実生林分 Progeny stand	
6Pgd-2	a	0.31	0.55	31	55	43.0	43.0	11.75**
	b	0.69	0.45	69	45	57.0	57.0	
G6p	a	0.52	0.48	52	48	50.0	50.0	0.32
	b	0.48	0.52	48	52	50.0	50.0	
Got	a	0.21	0.21	21	21	21.0	21.0	0
	b	0.79	0.79	79	79	79.0	79.0	
Gk	a	0.91	0.88	91	88	89.5	89.5	0.48
	b	0.09	0.12	9	12	10.5	10.5	
Shd-2	a	0.42	0.43	42	43	42.5	42.5	0.02
	b	0.58	0.57	58	57	57.5	57.5	
Pod	a	0.76	0.72	76	72	74.0	74.0	0.42
	b	0.24	0.28	24	28	26.0	26.0	
Dia-1	a	0.77	0.75	77	75	76.0	76.0	0.11
	b	0.23	0.25	23	25	24.0	24.0	
Dia-2	a	0.03	0.13	3	13	8.0	8.0	6.79**
	b	0.97	0.87	97	87	92.0	92.0	
Pgm	a	0.05	0.06	5	6	5.5	5.5	0.10
	b	0.95	0.94	95	94	94.5	94.5	

**5%水準で有意

** Significant at 5% level.

表-4 母林分と実生林分の 1 遺伝子座あたりの有効遺伝子数 (N_e) とヘテロ接合体率の期待値 (H_e)Table 4. Effective number of alleles per locus (N_e) and expected heterozygosity (H_e) at mother stand and its progeny seedling stand

遺伝子座 Locus	6Pgd-2	G6p	Got	Gk	Shd-2	Pod	Dia-1	Dia-2	Pgm	平均 Mean	分散 Variance	t^*
N_e 母林分 Mother stand	1.75	2.00	1.52	1.17	1.95	1.63	1.55	1.04	1.10	1.52	0.13	0.49
	1.98	2.00	1.50	1.27	1.96	1.68	1.60	1.29	1.13	1.60	0.11	
H_e 母林分 Mother stand	0.43	0.50	0.34	0.15	0.49	0.38	0.35	0.04	0.10	0.31	0.03	0.54
	0.50	0.50	0.33	0.21	0.49	0.40	0.38	0.23	0.11	0.35	0.02	

* t -検定の結果は N_e , H_e いずれも有意でなかった。

* The results of t -test were not significant both in N_e and H_e

III. 結果と考察

1. 実生造林の場合の遺伝的多様性

表-3 に母林分とその実生林分の遺伝子頻度および観察された対立遺伝子数およびその期待値を示す。両林分の遺伝子構成に差があるかどうかを、それぞれの対立遺伝子数を χ 自乗法によって検定した。その結果、6Pgd-2 および Dia-1 において 5% 水準で有意差が認められた。しかし、他の 7 遺伝子座においては有意差が認められなかった。一方、集団の遺伝的多様性の主要な指標である、一遺伝子座当たりの有効遺伝子数およびヘテロ接合体率の期待値の平均値を t -検定により比較すると、両者間に有意差は認められなかった (表-4)。

以上のことから、母林分と実生林分の間には全体的に見ると遺伝的な変動は少なく、おおむね多様性が維持されているといえる。しかし、個別の遺伝子座を見ると、6Pgd-2 および Dia-1 において遺伝子構成に差が認められた。6Pgd-2 のような対立遺伝子頻度の高い遺伝子座においても偏りが見られたことから、これが単なるサンプリング誤差とは考えにくい。また、実生苗の育苗過程にあっては、ホモ接合体の減少などの遺伝的变化が認められるものの、遺伝子頻度には大きな影響が伴わないことが明らかになっているので (TANG and IDE, 1998), この育苗過程での遺伝的変動が原因とも考えにくい。さらに、このような変動は遺伝子頻度の低い希な遺伝子 (rear gene) の消失という形で起こりやすいと考えられるが (HATTEMER *et al.*, 1982), Dia-1a では遺伝子頻度の増加が認められ、種子採種に際してこの遺伝子を持った特定の個体から多くの種子が採種された可能性が指摘できる。すなわち、母林分と実生林分間の遺伝的偏りは、特定の採種母樹に偏った採種が行われたことに起因するものと考えられる。

以上の結果から、通常の種子採取方法をとった場合、全体としては母林分の遺伝的多様性は次代の林分においてある程度維持されるが、採種個体の偏りが遺伝的多様性におよぼす影響も無視できないことが明らかとなった。すなわち、種子採種にあたって、母林分なるべく多くの個体が次代へ寄与できるよう配慮することが重要と考えられる。

2. さし木造林における遺伝的多様性

実生林分とさし木林分の、各遺伝子座のヘテロ接合体率の期待値の平均値はそれぞれ 0.35, 0.27 であり、両者間には有意な差が認められる (表-5)。すなわち、さし木林分では遺伝的多様性

表-5 実生林分とさし木林分のヘテロ接合体率の期待値 (H_e)

Table 5. Expected heterozygosity (N_e) for 9 isozyme loci at seedling stand and cutting stand

林分 Stand	遺伝子座 Locus	6Pgd-2	G6p	Got	Gk	Shd-2	Pod	Dia-1	Dia-2	Pgm	平均** Mean	分散 Variance
実生林分 Progeny stand		0.50	0.50	0.33	0.21	0.49	0.40	0.38	0.23	0.11	0.35 ^a	0.02
さし木林分 Cutting stand		0.44	0.44	0.21	0.09	0.25	0.21	0.45	0.25	0.13	0.27 ^b	0.02
さし木林分* Cutting stand*		0.44	0.50	0.39	0.14	0.48	0.39	0.38	0.32	0.13	0.33 ^a	0.03

*さし木林分において同一クローンをまとめた場合

* Individuals belonging to same clone were considered as a individual.

** 異なるアルファベット間では、Duncan's New Multiple Range Test で 5% レベルの有意な差が存在する。

** Differences are significant between differents alphabet by Duncan's New Multiple Range Test at 5 % level.

表-6 さし木林分における個体ごとの遺伝子型

Table 6. Genotype of individual tree at cutting stand

サンプル番号	6Pgd-2	G6p	Got	Gk	Shd-2	Pod	Pgm	Dia-1	Dia-2
5	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	a/b
22	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	a/a	a/a	a/b	b/b
33	a/a	a/b	b/h	a/a	b/h	a/a	a/h	a/h	a/b
42	a/a	a/b	b/h	a/a	b/h	a/a	a/b	a/h	a/b
46	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	b/b
17	a/a	a/b	b/h	a/a	b/b	a/a	a/b	b/h	b/b
34	a/a	a/b	b/h	a/a	b/h	a/a	a/b	b/h	b/h
6	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	a/a	b/b	a/b	b/b
15	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	a/a	b/b	b/b	a/b
21	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	a/b	a/a	b/b	b/b
4	a/a	a/b	b/b	a/a	b/b	a/b	a/b	a/b	b/b
16	a/a	b/h	b/h	a/a	b/h	a/a	a/a	a/h	a/b
28	a/a	b/b	b/h	a/a	b/h	a/a	a/a	a/b	a/b
11	a/a	b/h	b/h	a/a	b/h	a/a	a/a	a/h	b/b
12	a/a	b/h	b/h	a/a	b/h	a/a	a/a	a/h	b/h
13	a/a	b/h	b/h	a/a	b/h	a/a	a/a	a/h	b/h
36	a/a	b/b	b/b	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	b/b
47	a/a	b/b	b/b	a/a	b/b	a/b	a/b	a/b	b/b
8	a/a	b/b	b/b	a/b	b/b	a/b	a/b	b/b	b/b
43	a/b	a/a	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	b/b	b/b
10	a/b	a/a	b/b	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	b/b
3	a/b	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	b/b
27	a/b	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	b/b	b/h
35	a/b	a/b	a/b	a/a	a/a	a/a	a/a	b/h	b/h
18	a/b	a/b	a/b	a/a	a/b	a/a	a/b	b/h	b/b
23	a/b	a/b	a/b	a/a	a/b	a/a	a/b	b/h	b/b
20	a/b	a/b	a/b	a/b	b/b	a/a	a/a	b/b	b/b
31	a/b	a/b	b/h	a/a	a/h	a/a	a/a	b/h	b/h
40	a/b	a/b	b/h	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	b/b
48	a/b	a/h	b/h	a/a	a/b	a/a	a/a	b/b	b/h
49	a/b	a/b	b/h	a/a	a/h	a/a	a/a	b/b	b/h
2	a/b	a/b	b/b	a/a	a/b	a/b	a/a	b/b	b/b
25	a/h	a/b	b/h	a/a	b/h	a/a	a/b	b/h	b/b
30	a/h	a/h	b/h	a/a	b/h	a/a	a/b	b/b	b/b
44	a/b	a/h	b/h	a/a	b/h	a/a	a/h	b/h	b/h
9	a/b	b/b	a/b	a/a	b/b	a/b	a/b	b/b	b/b
7	a/h	b/b	b/h	a/a	b/h	a/a	a/a	a/b	b/b
50	a/h	b/b	b/h	a/a	b/h	a/a	a/a	a/b	b/b
1	a/b	b/b	b/b	a/a	b/b	a/a	a/a	b/b	b/b
14	a/b	b/b	b/h	a/a	b/h	a/a	a/h	b/h	b/h
19	a/h	b/b	b/h	a/a	b/h	a/a	a/b	b/b	b/h
24	a/h	b/b	b/h	a/a	b/h	a/a	b/h	a/b	b/h
45	a/b	b/h	b/h	a/a	b/h	a/a	b/h	a/h	b/h
32	a/b	b/b	b/b	a/b	b/b	a/a	b/b	b/b	a/b
26	b/h	a/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/b	b/h	b/b
37	b/h	a/h	a/b	a/a	a/h	a/b	a/h	b/b	b/b
38	b/h	a/h	a/h	a/a	a/b	a/h	a/h	b/b	b/h
39	b/b	a/b	a/h	a/a	a/h	a/h	a/h	b/b	b/h
29	b/h	b/b	a/b	a/a	a/b	a/b	a/b	b/h	b/h
41	b/b	b/b	b/b	a/b	b/b	a/a	a/b	b/b	b/b

網掛け部分の個体は同じ遺伝子型を示す個体のグループを示す

Individuals grouped by hatch are same genotype.

が顕著に減少しているといえる。

表-6 にさし木林分における各個体の遺伝子型を示す。これを見ると、調べた 9 遺伝子座すべての遺伝子型が同じ個体が 2~5 個体ずつ存在し、そのような組が 12 組も認められる。9 遺伝子座にそれぞれ 2 個の対立遺伝子が存在していて、母樹林に全ての対立遺伝子が同等に分布しているとすれば、すべての遺伝子座についての組あわせの数は $3^9=19,683$ 通りとなり、同じ遺伝子型の個体が 2 個体存在する確率は $1/19,683$ となる。だが、実際には母樹林の各遺伝子座の対立遺伝子頻度が片寄っているため (表-3)、この確率は多少下回る。例えば、No. 26 の個体は 9 遺伝子座の遺伝子型が生じる確率が約 3.7×10^{-4} である。すなわち、No. 26 と同じ遺伝子型の個体が調査結果のように 5 個体出現する確率は $(3.7 \times 10^{-4})^5$ となり、きわめて希な現象といえる。

さし木林分の場合、同じ遺伝子型の個体が多数見られるのは、同じ採穂木に由来する複数のクローン個体が存在するためであり、このことがヘテロ接合体率の期待値を低くさせる原因である。そこで、同一クローンとみなされる個体をそれぞれ一まとめにして、一個体と考えてヘテロ接合体率の期待値を計算すると 0.334 となり、実生林分との間の差がなくなった。すなわち、実生林分からランダムに採穂して養苗したさし木苗を用いて造林した場合、複数のクローン個体が存在するため見かけの遺伝的多様性は減少するが、十分に多くの個体から採穂すれば、実質的な多様性の維持は可能と思われる。

一般にクローン造林では、単一または少数のクローンでの造林が生産性の向上の上で有効とされるが、遺伝的多様性を極端に減少させることのマイナス面も指摘されている (勝田, 1996)。しかし、本研究の結果から、さし木造林においても多数の採穂母樹を用いることにより、それほど慎重なクローン管理を行わずとも、相当の遺伝的多様性を維持できると思われる。

以上の結果から、ヒノキ人工林の遺伝的多様性が、種子採種やさし木増殖の場合の母樹の数などによって左右される実態が明らかになった。すなわち、人工林を遺伝的に多様な状態に維持するためには、繁殖段階での遺伝的管理が極めて重要であるといえる。今後は、林分の遺伝的改良と多様性の維持を同時に実現できる、育種、育苗システムの構築を図って行きたい。

要 旨

ヒノキの人工林の遺伝的多様性の実態を解明するために、母林分とその実生次代林分とのアイソザイム遺伝子の頻度を比較した。その結果、林分全体としての遺伝的多様性はおおむね維持されているものの、特定の個体からの採種が影響していると思われる、遺伝子の偏りが認められた。すなわち、遺伝的多様性の維持のためには母樹の偏りが無いような採種を行う必要があると考えられた。次に、実生林分とそれから誘導したさし木林分のアイソザイム遺伝子の比較を行った。さし木林分では同一クローンに属する複数の個体が存在するため、ヘテロ接合体率の期待値はもととなった実生林分に比べて著しく減少した。しかし、そのような個体を同一の個体とみなすと、実生林分とほぼ同程度のヘテロ接合体率を示し、遺伝的多様性は維持できていると見ることができた。

キーワード： アイソザイム、遺伝的多様性、ヒノキ、実生林分、さし木林分

引用文献

- HATTEMER, H., GREGORIUS, H.-R., ZIEHE, M. and MULLER-STARCK, G. (1982) Klonzahl forstlicher Samenplantagen und genetische Vielfalt. *Alleg. Forst- und Jagd-Zeitung*, **153**, 183-190.
- 井出雄二・縣富美夫・鈴木久雄・鳥居春己・山本茂弘・佐野信幸(1989) 南アルプス聖岳東山腹に生育する天然性ヒノキ一現地の状況とその増殖一. *林木の育種*, **152**, 26-30.
- 井出雄二・勝木俊雄(1992) 南アルプスに分布するヒノキ天然林のアイソザイム変異. *東大演報*, **88**, 59-70.
- 勝田 柁(1996) クローナルフォレストリーの育種戦略. 第2回林木遺伝育種セミナー クローナルフォレストリー. *林木育種協会*, 東京, 3-7.
- 近藤 晃・清藤城宏・北村系子(1992) 静岡県でのヒノキ精英樹採種園におけるアイソザイム変異. 40回日林中支論, 95-96.
- 清藤城宏(1990) ヒノキ採種園におけるアイソザイム変異と自殖率の推定. *日林論*, **101**, 301-302.
- 清藤城宏(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のアイソザイム変異. *山梨林技セ報*, **18**, 10-22.
- 清藤城宏(1992b) ヒノキ採種園におけるアイソザイム変異およびクローンの同定. *山梨林技セ報*, **18**, 23-29.
- 清藤城宏・鈴木賢一・白石 進(1987) 富士山麓青木ヶ原におけるヒノキ天然林のアイソザイム変異. *日林誌*, **69**, 359-361.
- SHIRAISHI, S., KAMINAKA, H. and OHYAMA, N. (1987) Genetic variation and differentiation recognized at two allozyme loci in Hinoki (*Chamaecyparis obtusa*). *J. Jpn. For. Sci.*, **69**, 88-93.
- 鈴木賢一・奥泉久人・白石 進(1989) 茨城県におけるヒノキ採種園の構成クローンの遺伝的変異. *日林論*, **100**, 297-298.
- TANG, D.-Q. and IDE, Y. (1998) Detection of genetic variation among seed and seedlings of *Chamaecyparis obtusa* using allozyme markers. *J. For. Res.*, **3**, 35-38.
- 津村義彦・戸丸信弘・陶山佳久・モハマド・ナウム・大庭喜八郎(1990) アイソザイム実験法. *筑波大演報*, **6**, 63-95.
- 植田幸秀(1996) 精英樹の実生苗からの採種園造成によるさし木造林. 第2回林木遺伝育種セミナー クローナルフォレストリー. *林木育種協会*, 東京, 31-36.
- UCHIDA, K., TOMARU, N., TSUMURA, Y., TAKAHASHI, C. and OHBA, K. (1993) Allozyme variation in plus-tree of hinoki, *Chamaecyparis obtusa* selected from artificial stands. *Jpn. J. Breed*, **43**, 485-494.
- UCHIDA, K., TSUMURA, Y. and OHBA, K. (1991) Inheritance of isozyme variations in leaf tissue of hinoki, *Chamaecyparis obtusa*, and allozyme diversity of two natural forests. *Jpn. J. Breed*, **41**, 11-24.
- UCHIDA, K., TOMARU, N., TOMARU, C., YAMAMOTO, C. and OHBA, K. (1997) Allozyme variation in natural populations of hinoki, *Chamaecyparis obtusa* (Sieb. et Zucc.) Endl. and its comparison with the plus-tree selected from artificial stands. *Breeding Science*, **47**, 7-14.

(1997年10月31日受付)

(1998年1月21日受理)

Summary

Allele frequencies of isozyme genes were compared between a mother stand and its progeny stand to reveal the actual condition of genetic diversity in an artificial forest of *Chamaecyparis obtusa*. Genetic diversity of the mother stand was maintained in the progeny stand for the most part. However some genetic offsets were observed in specific loci, which might be caused by biased seed collection from a limited number of mother trees. Therefore seed collection from large a number of mother trees is necessary to conserve the genetic diversity of the mother stand. Comparison between the progeny stand and the cutting stand of which stocks were taken from the progeny stand was undertaken. The expected heterozygosity of the cutting stand was lower than that of the progeny stand owing to the existence of plural individuals belonging to same clones. However, the expected heterozygosity of the cutting stand was almost the same as the progeny stand

when individuals belonging to the same clone were considered as individuals. Accordingly, it is possible to conserve the genetic diversity even in a cutting stand by taking stocks from a reasonable number of mother trees.

Key words: Isozyme, Genetic diversity, *Chamaecyparis obtusa*, Seedling stand, Cutting stand

Changes in Water Relations with Temperature Decrease in *Cryptomeria japonica* and *Taiwania cryptomerioides*

Masashi HARA, Mariko NORISADA, Makoto SUZUKI, Takeshi TANGE
and Hisayoshi YAGI

Seasonal changes in water relations of *Cryptomeria japonica* D. Don and *Taiwania cryptomerioides* Hayata, whose natural distribution areas differed, were investigated. The increment in hydraulic resistance in winter was more apparent in *C. japonica* than in *T. cryptomerioides*. The osmotic potential at saturation and water potential at the turgor loss point of *C. japonica* decreased as air temperature decreased. Though the same variables of *T. cryptomerioides* decreased as air temperature decreased up to 16°C, they did not decrease as air temperature decreased below 16°C. These results indicated that *C. japonica* was more tolerant to low temperature than *T. cryptomerioides*.

Genetic Diversity in Artificial Stands of *Chamaecyparis obtusa* Established by Different Propagation Methods

Ding-Qin TANG, Hiroyuki IKEDA, Yoshihiro WATANABE,
Kazutaka MURASE and Yuji IDE

To reveal the genetic diversity in artificial forests of *Chamaecyparis obtusa*, three types of stand were investigated by using allozyme as marker genes. Genetic diversity in the mother stand could be maintained in its progeny stand. However some genetic offsets were observed in specific loci, which were supposed to be caused by seed collection from limited mother trees. In the cutting stand, the average expected heterozygosity was lower than that in the progeny stand, and returned to the same level as the progeny stand when the individuals belonging to the same clone were considered as an individuals. Therefore, genetic diversity could be maintained even in cutting stands by taking a reasonable number of mother trees.