

ヒノキ科樹木の染色体に関する研究 (IX)

— ウスリーヒバの核型について —

九州東海大学農学部 長野 克也・中村 未樹
戸田 義宏

1. はじめに

筆者らは、これまでに交雑育種の基礎研究として、ヒノキ科樹木の核学的研究を行ってきた^{2,3,4}。

今回は、シベリア南東部に自生し、分類上重要な種といわれる⁷ ウスリーヒバ (*Microbiota decussata*) について詳細な核型分析を行い、銀染色法 (Ag-I) による核小体の観察も合わせて行ったので報告する。

2. 材料および方法

実験用に用いたウスリーヒバは、兵庫県の山水造園土木より、購入した苗をさし木により増殖したものであり、染色体、核小体の観察には、根端の分裂組織を用い、核型分析は従来の方法に従って行った^{1,6}。

3. 結果および考察

ウスリーヒバの染色体数は $2n = 22$ であり、2本の付随体染色体が観察された (図-1)。相対長は 3.86~5.86、腕長比は付随体染色体の 0.35 以外は 0.80~0.93 の範囲にあり、相同染色体の間に不等対は見られなかった (表-1)。染色体の形態は、付随体染色体である K が st、すなわち次端部動原体型染色体であるほかはすべて m、すなわち中部動原体型染色体であり、勾配的・対称的な配列の核型を示した (表-1)。また、K 染色体は短腕より大きな付随体を有する特異な形態を示した (図-2)。

腕長比の分散分析の結果、細胞間に有意差は認められず、同一細胞内において染色体の収縮率は一定と考えられた (表-2)。そこで、相対長による染色体間の識別が可能かどうかについて有意差検定を行った結果、E-F、J-K 染色体間に有意差が認められなかった外は 5% もしくは 1% レベルで有意差がみられた。しかし、K は付随体を有する染色体であることから、J と K 染色体の識別は可能であった (表-3)。

このことから、ウスリーヒバの染色体は E と F 染色体を除き相対長および形態により識別は可能である。

以上の結果からウスリーヒバの核型式は次のように決定した。

$$K(22) = 2A^m + 2B^m + 2C^m + 2D^m + 2E^m + 2F^m + 2G^m + 2H^m + 2I^m + 2J^m + 2^c + K^st$$

次に、1核あたりの核小体数は、1個のものが 45.2%、2個観察されるものが 54.8% であり、1細胞あたりの核小体の最大数は 2個であった (図-3、表-4)。

核型分析の結果、本種には 2本の付随体染色体が確認されており、他のヒノキ科樹木およびスギ科樹木と同様に^{4,5,6}、二次狭窄型 (付随体) 染色体数と 1細胞当りの核小体最大数とは一致していた (表-4)。

ウスリーヒバは、その形態的特徴からネズ亜科とヒノキ亜科の中間に位置し、分類学的に重要な種といわれている⁷。今回の核型分析の結果からみると、コノテガシワ属に近縁とも考えられるが⁸、付随体染色体の形態がネズミサシ属に類似することなどから、今後、より明確な分類学的位置づけを行うため、両亜科に属する近縁種について、外部形態、生理・生態的特性および詳細な核学的比較研究を行う必要がある。

引用文献

- (1) 黒木嘉久：宮大演報，5，pp. 103，1969
- (2) 長野克也・戸田義宏：日林論，97，429~431，1986
- (3) ————：日林論，97，433~435，1986
- (4) ————：日林九支研論，39，73~74，1986
- (5) ————：林木の育種，139，15~20，1986
- (6) ————ほか：日林九支研論，40，89~90，1987
- (7) 杉本順一：世界の針葉樹，pp. 302，井上書店，東京，1987
- (8) 戸田義宏：核型分析によるスギの交雑育種に関する基礎的研究，pp. 140，林木育種協会，東京，1985

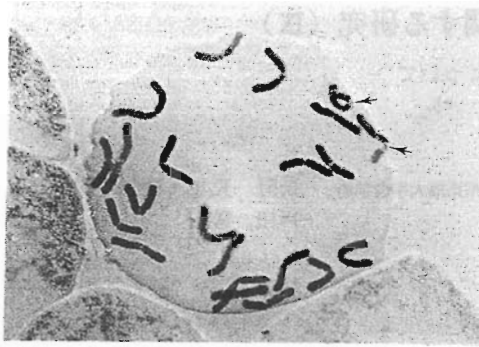


図-1 ウスリーヒバの体細胞染色体 2n = 22

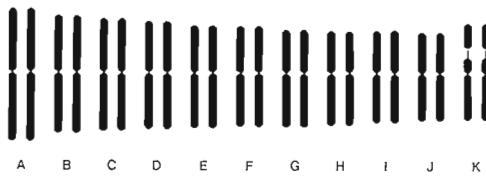


図-2 ウスリーヒバの核型模式図

表-1 ウスリーヒバ染色体の相対長, 腕長比および形態

染色体	相対長 M.V. ± S.D.	腕長比 短腕/長腕	型
A	5.86 ± 0.23	0.92 ± 0.05	m
B	5.18 ± 0.16	0.93 ± 0.04	m
C	4.94 ± 0.14	0.92 ± 0.07	m
D	4.74 ± 0.13	0.90 ± 0.08	m
E	4.50 ± 0.16	0.85 ± 0.07	m
F	4.43 ± 0.15	0.86 ± 0.10	m
G	4.30 ± 0.10	0.80 ± 0.10	m
H	4.18 ± 0.13	0.80 ± 0.11	m
I	4.09 ± 0.15	0.87 ± 0.06	m
J	3.93 ± 0.18	0.86 ± 0.10	m
K	3.86 ± 0.26	0.35 ± 0.05	st(sc)

M.V. : 平均値
 S.D. : 標準偏差
 sc : 二次狭窄型染色体
 m : 中部動原退型染色体
 st : 次中部動原退型染色体

表-2 ウスリーヒバ染色体の腕長比の分散分析表

要因	平方和	自由度	平均平方	分散比
細胞間	0.0001	9	0.0000	0.0004
染色体間	71.8764	10	7.1876	262.5274**
交互作用		90	0.0324	1.1823
残差	2.9132	110	0.0274	
総計	3.0117	219		

** : 1%レベルで有意差あり

表-3 ウスリーヒバの染色体間の相対長による識別表

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
K	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	—
J	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	
I	○	○	○	○	○	○	○	○	●		
H	○	○	○	○	○	○	○				
G	○	○	○	○	○	○					
F	○	○	○	○	—						
E	○	○	○	○							
D	○	○	○								
C	○	○									
B	○										
A											

○ : 1%レベルで有意差あり
 ● : 5%レベルで有意差あり
 — : 有意差なし



図-3 ウスリーヒバの間期の核小体

表-4 ウスリーヒバの核小体の出現率

	二次狭窄型 染色体数	核小体数	
		1	2
		%	%
<i>Microbiota decussata</i>	2	45.2	54.8