

## 測樹学的モデルの精度と遺伝分散

北海道林木育種場 田 口 豊

もっとも簡単な、 $y = a + b x$ 、のようなものを含めて、実験式といわれるものをそれぞれ一つのモデルと考えるならば、森林における測樹学的な現象の記述や予測のためには実に多くのモデルが用いられているといえます。これらのモデルは初期の頃には、数量→数量、という対応を対象とするものにとどまっていたましたが、統計理論、計算技術などの進歩に伴って、性質→数量、数量・性質→数量、という対応を対象とするものにまで拡張されています。また、性質→性質、という対応をも対象とするモデルの必要性が感じられます。しかしながら、多くの場合、これらのモデルの適用は、集団の平均値に関するものを除いて、個々の木または林分に対しては相当の誤差を伴うことを覚悟しなければなりません。たとえば、単木材積表や林分収穫表があげられます。誤差は独立変数の数を増加するなど、モデルを複雑化することによって次第に減少する傾向にはありますが、これには実用性の面から限界があります。

測樹学的な立場からいえば、これらのモデルによって説明されずに残る分散は誤差として見なされます。そして誤差の小さいモデルほどよいモデルであると考えられます。しかしながら、ここでつぎの二つのことが問題になります。従来の測樹学的なモデルによって説明されえない分散が果たして誤差として見なされうるのか、従来の手法の拡張によって誤差分散をさらに小さくすることが出来るだろうか？ 遺伝学の立場から見ると、上に述べたような測樹学的なモデルによって説明されえない誤差分散が生物進化の原動力となるのであります。生物にとっては分散が測樹学的なモデルによって説明されつくすものでしかないことは、その種の進化の停止を意味するのであります。このことを表わすものが、R. A. Fisher の自然選択の基本定理、であります。したがって、一般に測樹学的なモデルの精度には上限が存在すると考えられるのであります。

遺伝の立場からは、生物の任意の形質の分散は、

$$V = V_G + V_E + V_{GE}$$

によって表わされます。ここで、 $V$ は総分散、 $V_G$ は遺伝分散、 $V_E$ は環境分散、 $V_{GE}$ は遺伝と環境との相互作用分散を表わすものであります。 $V_G$ は遺伝子の組み合わせの違いによる分散で、これはさらに遺伝子分散、優勢分散、上位分散などに分けられます。 $V_E$ は自然環境および施業方法などの相違に基づく分散であります。したがって測樹学的モデルによって説明されるべき分散はこの環境分散であります。 $V_{GE}$ は遺伝子の組み合わせの効果が環境の相違によって異なることによる分散であります。

遺伝の分野においては、当然のことながら、これらの分散の中で遺伝分散がもっとも重要視されます。遺伝分散の全分散に対する比は遺伝率と称され、これはさらに狭義の遺伝率(=遺伝子分散/全

分散), 広義の遺伝率 (= 遺伝分散 / 全分散) に分けられます。この遺伝率を推定するためにはいろいろな推定理論が研究されております。しかし林木の場合には, 森林の特性および木の特性のため, 農作物や家畜に比して遺伝率の推定は十分には行われておりません。しかしそれでも多くの研究者の努力によって, いろいろな樹種および形質の遺伝率に関するデータが次第に集積されつつあります。樹種と形質によって相違はありますが, 林木に関する遺伝率は決して小さい値ではありません。

この遺伝率は先に述べた分散の分析式を見てもわかるように, 測樹学的モデルの精度の限界に関係するものであります。したがって, 遺伝率の高い形質についてはいかに変数の数を多くしてもモデルの精度は見掛上は別として高くなるものではありません。従来, たとえば, 単木材積表, 地位指数スコア表, 林分収穫表などが, 次第に小さな地域ごとにつくられるようになったのは, 測樹学的には変数として考慮に入れていない自然環境の相違に基づく木または林分の形質の差を除去することにあるといえましょう。しかしこれは遺伝の立場から見れば, 対象地域を小さくすることによって, そこに生育している林木の遺伝子型の範囲をなるべく小さくし, 遺伝分散を小さくすることにあつたのではないかと考えられるのであります。森林の中におけるいろいろな現象に遺伝が関係している部分は意外に大きいのであります。たとえば, 天然林における立木の位置の2次元的な分布状態も, 決して局所地形, 土壌条件, 地床植生などの環境条件のみによって定まるものではなくて, 遺伝によって支配されている部分が相当に大きいのではないかと考えられるデータがえられつつあります。

林木の場合には, 先に述べたように遺伝率の推定が遅れていたのと同じ理由によって, いろいろな現象に遺伝がどのように関係しているかを実験的に確かめることが遅れていました。したがって, ある現象についてそれが遺伝によって支配されるのか, 環境によって支配されているかについては, 分析が進まないままに環境に支配されているものと見なされて来たのではないかと考えられます。またこのような前提に基づいた時でも有意な相関がえられることがありますので, 自然に環境効果を大きく見るようになったのではないかと考えられます。しかし最近においては, 生化学的な分析手法の進歩によって, 林木においても酵素タンパク質あるいは構造タンパク質の多型性を迅速に分析することができるようになりました。これらは可視的な形質を対象とする交配実験(たとえばメンデルが行つたような)に比しては間接的なものでありますが, DNAレベルにより近いという意味ではより直接的な分析であるとも考えられます。いずれにしても, このような実験データと集団遺伝学の理論を援用することによって, 森林におけるいろいろな現象について遺伝的支配部分を明らかにすることが可能になりつつあります。遺伝分散の解明は, 本来は, 林木育種の方法の決定あるいはその効果の予測など, 森林施業の改善のために行われるものでありますが, すでに述べたような意味で, 測樹学的なモデルの精度の向上にとっても不可欠であると考えられるのであります。従来, 比較的關係だと考えられていた測樹学あるいは林業統計の研究対象の一項目として, 遺伝分散が加えられることを望みます。