

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

|   |         |   |         |         |               |
|---|---------|---|---------|---------|---------------|
| 研究テーマ<br>(和文) AB  |         | 乾燥応答性遺伝子の空間分布と実生の成長特性に基づくブナ集団の保全方法の確立   |         |         |               |
| 研究テーマ<br>(欧文) AZ  |         | Development of conservation strategy of beech populations based on their spatial patterns of drought-induced genes and growth characteristics of seedling |         |         |               |
| 研究氏<br>代表<br>者  | カナ CC   | 姓) トリマル   | 名) タケシ  | 研究期間 B  | 2017 ~ 2019 年 |
|   | 漢字 CB   | 鳥丸  | 猛       | 報告年度 YR | 2019 年        |
|   | ローマ字 CZ | Torimaru  | Takeshi | 研究機関名   | 三重大学・弘前大学     |
| 研究代表者 CD<br>所属機関・職名   |         | 三重大学大学院生物資源学研究科・准教授   |         |         |               |
| 概要 EA (600字~800字程度にまとめてください。)   |         |   |         |         |               |
| <p>日本の冷温帯において優占する森林植生であるブナ天然林の保全技術の開発を目的として、大規模な天然林を有する白神山地を含む青森県内のブナ林をモデルケースにその遺伝的多様性のパターンを解明するとともに、実生の成長特性を評価した。白神山地内において標高約 350m~800m の間のさまざまな場所に設置された 4カ所の固定調査区に生育するブナ成木（胸高直径 5cm 以上の幹、合計 622 個体）から採取された葉サンプルを用い、抽出された DNA を遺伝分析に使用した。順次、マイクロサテライトマーカーを用いた多型分析と乾燥応答性遺伝子の塩基配列決定を進めている。これまでは、マイクロサテライト遺伝子型の決定を完了し、対立遺伝子型の空間分布パターンを解析した。その結果、成木密度が最も低い調査区で遺伝的構造が認められなかったが、一方、ブナの成木が高密度に生育するその他の 3 箇所の調査区において遺伝的構造が検出された。それら高密度の調査区において、有効な繁殖木密度を成木密度の 1/10 と仮定した場合の遺伝子分散距離が約 70m と推定され、現地内保全に必要な林分の面積の目安を得ることができた。乾燥応答を含む環境応答性の遺伝子群である <i>FcMYB</i> 遺伝子の ITS 領域の多型を分析した結果、最も標高の低く溪流沿いの湿潤な立地にある調査区において、中立な遺伝的変異の空間分布を逸脱する対立遺伝子が検出され、ブナの立地の水分環境と <i>FcMYB</i> 遺伝子の間に関係性が示唆された。また、ブナの種子から発芽させた実生を異なる水分条件で生育させた結果、乾燥処理区で主根長が有意に長くなることが検出され、土壌の乾燥に反応するブナの具体的な表現形質の情報を得ることができ、新たな保全の判断材料として見出すことができた。現在、本助成で得られたブナのドラフトゲノムから遺伝子の機能および構造アノテーションを行い、<i>FcMYB</i> 遺伝子の詳細な機能を推定するとともに、乾燥に適応・非適応的な個体をより高精度に推定できるエクソン領域の多型を検出するための PCR プライマーを開発し、塩基配列の決定、および一塩基多型と実生の形質との相関分析を進めている。</p> |         |   |         |         |               |
| キーワード FA  | ブナ      | 乾燥応答  | 実生      | MYB 遺伝子 |               |

(以下は記入しないでください。)

|            |  |  |  |  |           |  |  |  |  |  |  |  |  |
|------------|--|--|--|--|-----------|--|--|--|--|--|--|--|--|
| 助成財団コード TA |  |  |  |  | 研究課題番号 AA |  |  |  |  |  |  |  |  |
| 研究機関番号 AC  |  |  |  |  | シート番号     |  |  |  |  |  |  |  |  |

| 発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。） |                    |   |                   |  |  |  |  |                    |  |
|-----------------------------------|--------------------|---|-------------------|--|--|--|--|--------------------|--|
| 雑誌                                | 論文標題 <sup>GB</sup> |   |                   |  |  |  |  |                    |  |
|                                   | 著者名 <sup>GA</sup>  |   | 雑誌名 <sup>GC</sup> |  |  |  |  |                    |  |
|                                   | ページ <sup>GF</sup>  | ～ | 発行年 <sup>GE</sup> |  |  |  |  | 巻号 <sup>GD</sup>   |  |
| 雑誌                                | 論文標題 <sup>GB</sup> |   |                   |  |  |  |  |                    |  |
|                                   | 著者名 <sup>GA</sup>  |   | 雑誌名 <sup>GC</sup> |  |  |  |  |                    |  |
|                                   | ページ <sup>GF</sup>  | ～ | 発行年 <sup>GE</sup> |  |  |  |  | 巻号 <sup>GD</sup>   |  |
| 雑誌                                | 論文標題 <sup>GB</sup> |   |                   |  |  |  |  |                    |  |
|                                   | 著者名 <sup>GA</sup>  |   | 雑誌名 <sup>GC</sup> |  |  |  |  |                    |  |
|                                   | ページ <sup>GF</sup>  | ～ | 発行年 <sup>GE</sup> |  |  |  |  | 巻号 <sup>GD</sup>   |  |
| 図書                                | 著者名 <sup>HA</sup>  |   |                   |  |  |  |  |                    |  |
|                                   | 書名 <sup>HC</sup>   |   |                   |  |  |  |  |                    |  |
|                                   | 出版者 <sup>HB</sup>  |   | 発行年 <sup>HD</sup> |  |  |  |  | 総ページ <sup>HE</sup> |  |
| 図書                                | 著者名 <sup>HA</sup>  |   |                   |  |  |  |  |                    |  |
|                                   | 書名 <sup>HC</sup>   |   |                   |  |  |  |  |                    |  |
|                                   | 出版者 <sup>HB</sup>  |   | 発行年 <sup>HD</sup> |  |  |  |  | 総ページ <sup>HE</sup> |  |

欧文概要 EZ

For the purpose of developing the conservation technique of beech natural forest which is the dominant forest vegetation in the cool temperate zone of Japan, we clarify the pattern of genetic diversity of beech forests in Shirakami Mountains (located on Aomori prefecture) having a large-scale natural forest as a model case, and evaluate the growth characteristics of seedlings. The extracted DNA was used for genetic analysis using leaf samples collected from mature beech trees (trunks 5 cm or more in diameter at breast height, 622 individuals in total) grown in four monitoring plots located in various locations between 350 m and 800 m above sea level in the Shirakami Mountains. Polymorphism analysis using microsatellite markers and sequencing of drought-responsive candidate genes are in progress. As a result, no genetic structure was found in the plot with the lowest adult tree density, while genetic structure was detected in the other three plots where mature beech trees grew at high density. The gene dispersion distance was estimated to be about 70 m when the effective breeding tree density was assumed to be 1/10 of the adult tree density in the survey area with such high density, and a rough estimate of the stand area necessary for conservation was obtained. Analyses of the polymorphism of ITS region of *FcMYB* gene (which is a gene family of the environmental response including the drought response) detected the allele which deviated from the spatial distribution of the neutral genetic variation in the study plot with the wettest location along the mountain stream at the lowest altitude, and it is suggested that water environment of the location of the beech is associated with *FcMYB* gene. Experiments on seedlings growth under different water conditions detected that the main root length was significantly increased in the drought treatment, and information on species-specific phenotypes of beech in response to the drying of soil was obtained, and it is suggested that such a phenotypic traits can be utilized to establish the conservation strategy of beech. At present, functional and structural annotation of the gene is performed from the draft genome of beech to estimate the detailed function of the *FcMYB* gene, and PCR primers for detecting the polymorphism of the exon region, which can more accurately identify individuals that are adaptable or non-adaptable to drought, are being developed, and determination of the sequence and correlation analysis between the single nucleotide polymorphism and the traits of the seedlings are being carried out.