

公益社団法人 国土緑化推進機構「緑と水の森林ファンド」助成事業

森林遺伝育種学会
第 13 回シンポジウム
「森林生物の遺伝学」

講演要旨集

令和 6 年（2024 年）3 月 11 日（月）

東京農業大学世田谷キャンパス

プログラム

■ 開催日 2024 年 3 月 11 日（月） 午前

■ 開催場所 東京農業大学世田谷キャンパス 1 号館 333 教室

■ 講演プログラム

9：30－9：40 開会のご挨拶：高田 克彦（学会会長）

趣旨説明：玉木 一郎（岐阜県立森林文化アカデミー）

9：40－10：10 意外に未解明なニホンジカの種内系統と遺伝構造について

兼子 伸吾（福島大学）

10：10－10：40 セミ科昆虫の時空間的な集団遺伝学的動態

湯本 景将（筑波大学）

（休憩 10：40－10：50）

10：50－11：20 外生菌根菌 *Cenococcum geophilum* の進化、環境適応及び宿主

樹木との共生の仕組み

練 春蘭（東京大学）

11：20－11：50 森林性生物は樹木とともに歴史を歩んできたのか？

津田 吉晃（筑波大学）

11：50－12：30 総合討論

開催趣旨

玉木 一郎

(岐阜県立森林文化アカデミー)

森林は人々の経済活動の場であるとともに、多くの生物が生息する場でもあり、森林遺伝という言葉には、森林を構成する樹木だけでなく、そこに生息する多くの生物の遺伝学という意味も含まれている。本学会では、主に樹木の遺伝に関する発表がほとんどであるが、近年の森林学会や関連学会では、森林に生育する哺乳類や昆虫、菌類などの遺伝学的研究を目にする機会も増えてきた。そこで本シンポジウムでは、これらの「森林生物の遺伝学」をテーマとし、4人の演者に哺乳類や昆虫、菌類、樹木、森林の分布変遷との関係などの最新の研究について講演してもらうことにした。これを機に、本学会でも広い意味での森林生物の遺伝学に関わる話題が増えていくことを期待したい。

講演要旨

意外に未解明なニホンジカの種内系統と遺伝構造について

兼子 伸吾

(福島大学)

ニホンジカは日本列島を代表する大型哺乳類の1種である。近年の個体数の増加と分布拡大、それにともなう農林業被害や植生への影響等で、注目を集める動物でもある。しかし、そのようなニホンジカにおいて亜種分類がいまだに混乱していることや人為的な個体の移動により深刻な遺伝構造の攪乱が生じている地域があることは、ほとんど知られていない。そこで我々は、ニホンジカにおける地域スケールの種内系統解析や遺伝構造解析によって、ニホンジカの地域集団がどのように成立してきたかについて知見を蓄積し、将来的な管理方針の策定を目指した研究を進めている。本発表では、種子島および馬毛島に生息する亜種マゲシカとヤクシカの関係、福島県会津地方南部の分布拡大時の複数系統の関与、「奈良の鹿」の起源等について、我々の進めてきた研究について紹介する。ニホンジカ研究の面白さと遺伝学的な研究課題がまだまだ山積している現状を、参加者の皆さんと共有できれば幸いである。

講演要旨

セミ科昆虫の時空間的な集団遺伝学的動態

湯本 景将

(筑波大学)

森林に生息する植食性昆虫は、生息環境を提供する森林植生やその主要構成樹種と同様な集団動態史を有する可能性が示されており、森林性昆虫の移動分散や分布は植生の分布変遷に大きく制限されることが考えられる。そこで本研究では、種間で嗜好する生息環境が異なるセミ科ヒグラシ族3種（ヒグラシ、エゾハルゼミ、ヒメハルゼミ）を代表種に、これら3種の集団遺伝学的動態を解明し、森林性昆虫と森林の分布変遷の関係について時空間スケールで評価することを目的とした。全国からサンプルを採集し、集団遺伝学的解析により、ミトコンドリア DNA および核 DNA 情報に基づいた広域スケールの集団遺伝構造を評価した。また、筑波大学山岳科学センター菅平高原実験所では、6年間に渡るエゾハルゼミの経時的な遺伝構造も評価した。そして、改変種分布モデル推定により、これら3種が生息する温帯～冷温帯林の複数の主要構成樹種の最終氷期最盛期における分布復元を試みた。さらに深層学習（AI）による画像解析を用いた種内個体間の表現形質の地理的変異についても解析を進めている。これら複数のアプローチに基づいて、森林性昆虫の集団遺伝学的動態について議論する。

講演要旨

外生菌根菌 *Cenococcum geophilum* の進化、

環境適応及び宿主樹木との共生の仕組み

練 春蘭

(東京大学)

Cenococcum geophilum (以下、Cg) は、南極を除く全大陸に分布し、様々な宿主と共生することが知られている。本研究プロジェクトでは、北半球の 8 地域で 37 樹種から 300 の Cg 菌株を収集し、異なる系統に由来する 5 菌株の全ゲノムについて、PacBio Sequel II を用いて *de novo* シーケンシングし、Pan-genome 解析を行うと共に、Illumina HiSeq を用いて全菌株の全ゲノムをリシーケンシングし、各菌株の DNA 多型を解析した。次に、苗木接種実験と菌糸培養実験により、全 Cg 菌株の宿主への感染力および各種ストレス耐性 (pH、耐塩性、乾燥、温度、Cd) を評価し、得られた形質値と DNA 多型データを用いて、ゲノムワイド関連解析 (GWAS) を行い、菌根形成およびストレス耐性の形質にそれぞれ有意に関連したゲノム領域を推定した。これらの領域に関して、変異と遺伝子アノテーションを精査し、各形質に関連する遺伝子の候補とその機能を推定した。さらに菌根形成およびストレス耐性に対する RNA-seq 解析を行い、得られた発現変動遺伝子のゲノム上の位置と、GWAS で得られたゲノム領域を比較し、各形質に関連する Cg 遺伝子の候補を絞り込んだ。これらの解析から得られた結果を元に、Cg の進化、環境適応及び宿主樹木との共生メカニズムについて推定した。

講演要旨

森林性生物は樹木とともに歴史を歩んできたのか？

津田吉晃

(筑波大学)

これまで集団遺伝学や系統地理学などはある特定の生物種や近縁種群を対象にして、森林を含めた様々な生態系で研究が発展してきた。生物の遺伝構造や集団動態がより詳細に評価でき、また分野間での研究者交流の促進に伴い、昨今では、生態系を構成する様々な生物を対象にした遺伝学的研究や生態系レベルでの分布変遷や歴史の評価も可能となってきた。これら情報は環境変動下での森林の保全・管理だけでなく、生態系サービスやネイチャー・ポジティブなどの観点からも非常に有用である。本講演では当研究室で進める森林に関連した植物、哺乳類、昆虫、微生物、魚類さらには外来種など様々な対象種にした研究事例を紹介する。特にツキノワグマと堅果樹種の分布変遷については新知見を得つつある。これらを通して、森林性生物は樹木とともに歴史を歩んできたのかについて考察する。また現在の遺伝的多様性の分布を、種の分布拡大率を考慮した改変種分布モデルを用いて検証するための手法についても紹介する。また種の遺伝情報をどのように社会実装するのか、保全優先度決定に活用するのかについて海外の先行事例なども紹介しながら、対象を樹木だけにしない森林遺伝学の在り方やその国内・国際展開について議論したい。