

第3回 森林遺伝育種学会大会 講演要旨集

平成26年(2014) 11月7日(金)

東京大学農学部キャンパス

弥生講堂アネックス・セイホクギャラリー

発表課題と講演者

- 1) 日本列島に生育するウバメガシの遺伝的変異と系統地理
原田 光 (愛媛大学農学部) ほか
- 2) スギエリートツリーの性能評価試験 –育苗6か月後の成長–
加藤一隆(森林総合研究所林木育種センター)ほか
- 3) ジベレリン生合成阻害剤とオーキシンの併用によるスギさし木発根性向上の可能性
大平峰子 (森林総合研究所林木育種センター) ほか
- 4) 山中のハリモミ純林内に植栽されたハリモミ接ぎ木苗の成長
井出雄二 (東京大学大学院農学生命科学研究科) ほか
- 5) 形成層活動期における材関連遺伝子の発現パターンのクローン間差
三嶋賢太郎 (森林総合研究所林木育種センター) ほか
- 6) Comparison of genetic composition between alien and native teak in Myanmar using simple sequence repeat (SSR) markers
Thwe-Thwe-Win (Uni. of Tokyo) ほか
- 7) エゾマツ実生コンテナ苗と裸苗における植栽後の地上部成長と根系発達
後藤 晋 (東京大学大学院農学生命科学研究科附属演習林教育研究センター) ほか
- 8) 阿武隈高地森林遺伝資源保存林におけるマツ材線虫病によるアカマツ遺伝資源の10年間の変化
木村 恵 (森林総研林木育種センター) ほか
- 9) マツ材線虫病抵抗性クロマツの挿し木増殖における施肥の効果と定植後の根の評価
袴田哲司 (静岡県農林技術研究所森林・林業研究センター) ほか
- 10) マツノザイセンチュウ抵抗性育種における事業・研究材料の共有化の取り組み
岩泉正和 (森林総合研究所林木育種センター関西育種場) ほか
- 11) ユーカリにおける RNA-Seq 法を用いたリグニン生合成に関与する遺伝子の発現解析
新屋智崇 (日本製紙株式会社 アグリ・バイオ研究所) ほか
- 12) バーコードを用いた立体配置サンプルおよび移動するサンプルの時系列データ蓄積
山野邊太郎 (森林総合研究所林木育種センター東北育種場)
- 13) コンテナ栽培したヒノキ少花粉品種採種木における種子生産性の向上
西川浩己 (山梨県森林総合研究所) ほか
- 14) 大山モミ採種園の着花と種子生産
齋藤央嗣 (神奈川県自然環境保全センター) ほか

- 15) マツノザイセンチュウの増殖と病原性の関係
小林 玄(九州大学大学院生物資源環境科学府) ほか
- 16) マツノザイセンチュウのクロマツ樹体内における移動と発病の関係性
山口莉美(九州大学農学部) ほか
- 17) 大規模に集積されたスギ遺伝子のインフォマティクス解析
田村美帆(九州大学大学院農学研究院) ほか
- 18) ヤブツバキとユキツバキにおける花形態の比較
三浦弘毅(新潟大学自然科学研究科環境科学専攻流域環境学コース)
- 19) オーストラリア産ヒノキ科 3 属の EST-SSR マーカーの開発と系統地理学的評価
阪口翔太 (東京大学大学院・総合文化) ほか
- 20) スギ雄性不稔遺伝子 *ms-4* のマッピング
佐藤雅哉 (新潟大学農学部) ほか
- 21) 針葉樹における *Apple latent spherical virus* の感染性の検証
小長谷賢一(森林総合研究所森林バイオ研究センター)ほか
- 22) 関西育種基本区選抜ヒノキ精英樹のさし木発根性および苗形態特性の評価
磯田圭哉 (森林総合研究所林木育種センター関西育種場) ほか
- 23) 西表島におけるアカシア・ハイブリッド (*Acacia mangium* × *Acacia auriculiformis*) 交雑家系の初期成長の家系間変異
板鼻直榮 (森林総合研究所林木育種センター海外協力部西表熱帯林育種技術園)ほか
- 24) スギ精英樹の植栽後 1~2 年の成長と 30 年時樹高の相関
倉本哲嗣 (森林総合研究所林木育種センター九州育種場) ほか
- 25) 荒川堤のサクラは現代に受け継がれているか?
勝木俊雄 (森林総合研究所多摩森林科学園) ほか
- 26) QR コード現地発行システム (ラベルふえる君) を用いた増殖配布業務における材料管理
竹田宣明 (森林総合研究所林木育種センター九州育種場) ほか
- 27) 高標高域のカラマツ天然林における種子の成熟時期の個体間変異
生方正俊 (林木育種センター) ほか
- 28) 九州地域のマツノザイセンチュウ抵抗性育種事業における選抜母集団, 品種, 普及種苗の遺伝的改良
松永孝治 (森林総合研究所林木育種センター九州育種場) ほか
- 29) 林木育種における地上型レーザスキャナの応用
平岡裕一郎 (森林総合研究所林木育種センター) ほか
- 30) トウヒ属精英樹家系における木材性質の変異
石栗 太 (宇都宮大学農学部) ほか

- 31) カラマツ人工交配家系を用いた容積密度の幼老相関
高島有哉（森林総合研究所 林木育種センター）ほか
- 32) 日本産樹木 DNA バーコードからみたクスノキ科、カバノキ科の特徴
吉村研介（森林総合研究所）ほか
- 33) 沿岸地域に自生するサクラの遺伝的特性の評価
加藤珠理（森林総合研究所多摩森林科学園）ほか
- 34) 花粉形成初期にスギ雄花で発現する低分子 RNA のアノテーション解析
伊原徳子（森林総合研究所）ほか
- 35) コンテナ育苗におけるヒノキサシ木苗と実生苗の成長経過
茂木靖和（岐阜県森林研）ほか
- 36) モミ属における浸透性交雑の検証
内山憲太郎（森林総合研究所）ほか
- 37) スギの環境に対する応答
能勢美峰(森林総合研究所 林木育種センター)ほか
- 38) 優良な形質を導入した雄性不稔スグリソースの整備
坪村美代子（森林総合研究所林木育種センター）ほか
- 39) スギ人工交配家系を用いた容積密度の早期選抜の検討
井城泰一(森林総合研究所 林木育種センター)ほか
- 40) 室内種子生産技術の最適化に向けた諸条件の検討
栗田学(森林総合研究所 林木育種センター)ほか
- 41) スギの樹高成長および直径成長フェノロジーの遺伝性
武津英太郎（森林総合研究所林木育種センター九州育種場）ほか
- 42) チュニジアに分布する *Quercus* 4 種の遺伝的特徴
松本麻子（森林総合研究所）ほか
- 43) 長野県のブナ孤立小集団において検出された長距離花粉散布
稲永路子（名古屋大学大学院生命農学研究科）ほか

日本列島に成育するウバメガシの遺伝的変異と系統地理

原田光（愛媛大学農学部）、Liu Huan-Zhen（東北林業大学）、
Fifi Gus Dwiyanti（愛媛大学連合農学研究科）

ウバメガシ (*Quercus phillyraeoides* Asa Gray) は西南日本の太平洋岸および瀬戸内海沿岸に成育するブナ科の常緑中木または低木で、海岸林の特異な生態系を形成する。分布域をほぼ網羅して全国 22 集団から葉のサンプルを採集し、葉緑体変異およびマイクロサテライト変異を用いて系統地理学的解析を行った。葉緑体については各集団 5 個体について *trnL-trnF* spacer, *atpB-rbcL* spacer, *matK* gene, *trnH-psbA* spacer および *trnQ-trnS* の合計 4175bp の塩基配列を決定した。その結果 3 つのハプロタイプ (A, C, D) が区別された。ハプロタイプ A は最も頻度が高く (14 集団) 全国的に分布するのに対し、ハプロタイプ D は九州、四国、中国地方の一部の集団に (8 集団)、またハプロタイプ C は紀伊半島の 2 集団のみに見られた。一方マイクロサテライトを用いた解析から ΔK が最大のクラスター数は、 $K=2$ となり、これによる集団の区分は足摺岬および甕島の 2 集団を除いてほぼ葉緑体のハプロタイプの区分に一致していた。ハプロタイプ C を持つ集団はハプロタイプ A を持つグループに含まれた。

スギエリートツリーの性能評価試験

—育苗 6 か月後の成長—

加藤一隆・大平峰子（森林総合研究所林木育種センター）

林木育種センターでは、第一世代精英樹の交配家系を植栽した育種集団林等から成長形質に優れ雄花着花量も少ないエリートツリー（第二世代精英樹）を選抜中である。今後これらの種苗の普及を進めていくためには育苗段階での性能を明らかにする必要がある。そこで、エリートツリー同士の交配種子（F 2 苗、12 家系）、第一世代精英樹同士の交配種子（F 1 苗）、及び在来系統からのオープン種子（在来苗）をマルチキャビティコンテナ（150 cc 及び 300 cc）及び苗畑にまき付け成長量を比較した。その結果、育苗 3 か月後ではコンテナの 150 cc において F 1 苗のみが在来苗よりも、そして苗畑では在来苗のみが F 2 苗に比べ有意に成長が早くなり、コンテナの 300cc では集団間で有意差がみられず、総じて F 2 苗の成長が優れているという結果とはならなかった。また、分散分析の結果、成長量はコンテナ及び苗畑においても F2 家系間で有意差がみられた。現在、育苗 6 か月後のデータについて解析中である。

ジベレリン生合成阻害剤とオーキシンの併用によるスギさし木発根性向上の可能性

大平峰子、花岡 創、平岡裕一郎、栗田 学（森林総合研究所林木育種センター）
渡辺敦史（九州大学大学院農学研究院）

ジベレリンは発根を抑制する作用があるため、生合成阻害剤の投与によって内生ジベレリン量を低下させ、さし木発根率や根の量が増加することが報告されている。本研究では、一般的に発根促進に使われているオーキシン（インドール酪酸、以下 IBA）に加えて、ジベレリン生合成阻害剤の 1 つであるトリネキサパックエチル（以下 TNE）をスギのさし木に併用処理することによる発根性への効果を検討した。

2014 年 7 月 23 日にスギ精英樹の郷台 1 号から採穂し、20cm の長さに整え、オキシベロン粉末（0.5% IBA）を切口につけて鹿沼土小粒にさしつけた（対照区、TNE 区）。翌日、TNE 区のさし穂に 50ppm TNE を噴霧した。さしつけから 1 週間置きに 8 本ずつさし床から掘り取り、カルス形成および発根の有無を調査した。また、8 週後に対照区および TNE 区でそれぞれ 24 本×2 反復の発根の有無を調査した。TNE 区でのカルス形成率は対照区のそれとほとんど差がなかったが、発根は対照区より一週間早く始まり、8 週後まで対照区より高い発根率を示した。8 週後の発根率をロジスティック回帰で分析した結果、TNE 区の有意な正の効果が認められた ($p < 0.01$; Wald 検定)。これらの結果から、スギのさし穂への IBA 処理に TNE 処理を併用することで、発根率が向上される可能性が示された。

山中のハリモミ純林内に植栽されたハリモミ接ぎ木苗の成長

井出雄二、齊藤陽子、吾妻直彦（東京大学大学院生圏システム学専攻）

山梨県山中湖村の「山中のハリモミ純林」の植生維持と回復のため、1997 年から 2001 年までの 5 年間実施された「沖新畑植物群落保護林（山中のハリモミ）植生維持・回復（接ぎ木によるハリモミ苗木増殖）事業」により育成された接ぎ木苗の現地植栽後の状況について、4 か所のプロットを設けて調査した。全体で 218 本調査したうち、32 本(14.7%)が枯損していた。自然高の平均値は 108.0cm であった。出荷時の苗木の推定平均高は 58.6cm であり、11 年間の平均伸長量は 49.4cm、一年あたり 4.5cm と計算された。主軸長の平均は 135.0cm で伸長量は 6.9cm/年となった。これらの値は、八ヶ岳山麓に植栽されたヒメバラモミの接ぎ木苗の成長に比べてかなり小さい。苗木の形態に関しては、いわゆる *Plagiotropic growth*（枝性）とみられる主軸の傾斜伸長が多数認められ、主軸直立度の平均は 58.2°となった。根元径、自然高、主軸長、直立度のすべての形質でプロット間差が有意であり、樹冠被度が高いプロットほど形質は不良であった。こうした、成長不良や枝性は、林内の被陰下に植栽されたことが主な原因と考えられた。

形成層活動期における材関連遺伝子の発現パターンのクローン間差

三嶋賢太郎（森林総合研究所林木育種センター）、藤原健（森林総合研究所）、井城泰一（森林総合研究所林木育種センター）、黒田克史（森林総合研究所）、栗田学（森林総合研究所林木育種センター）、渡辺敦史（九州大学）

材質の改良は針葉樹の育種を進めていく上で最も重要な目標の一つである。そのため、森林総合研究所林木育種センターでは精英樹の形質を評価するために検定林に植栽されたスギを中心に材質に関わる諸形質を順次評価している。これら取り組みに加え、ゲノム情報を利用した早期選抜手法についても研究を進めている。現在までに、材形質の評価済みの精英樹から数クローンを選び、材形成を担う形成層帯から一年を通してサンプリングを行い、形成層帯部位特異的 cDNA ライブラリーの作成およびマイクロアレイ解析を行ってきた。本発表では、マイクロアレイ解析によって明らかとなった約 2 万遺伝子の発現プロファイルをもとに、供試した 4 精英樹間の発現パターンの違いを形質データと共に考察し報告する。

Comparison of genetic composition between alien and native teak in Myanmar using simple sequence repeat (SSR) markers

Thwe-Thwe-Win, Susumu GOTO (Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo)

Myanmar is one of the teak indigenous countries where has the largest are of natural teak bearing forests. Teak plantation has been started in Myanmar since 1700 using seeds from only Myanmar. After allotting the private sectors to establish the large scale of teak plantation, they used planting materials from other countries; Indonesia, China and Costa Rica. Genetic composition of total 312 individuals from teak plantation established by private companies using alien teak and multiple seed sources from Myanmar, old plantations and natural populations was examined and compared their genetic diversity and component. Alien teak populations, especially Indonesian teak, have the lowest genetic diversity and genetically differentiated from Myanmar teak. Plantations established by private companies using multiple seed sources have the highest genetic diversity and lowest genetic differentiation. The alien teak should be avoided using for the establishment of plantations especially near to natural teak forests. Moreover, seeds produced from alien teak stands must not be used for plantations in Myanmar.

エゾマツ実生コンテナ苗と裸苗における植栽後の地上部成長と根系発達

後藤晋・西山教雄・村瀬一隆（東京大学大学院農学生命科学研究科）

エゾマツの実生コンテナ苗と裸苗において、植栽後の地上部成長と根系発達を比較するため、富士癒しの森研究所内にエゾマツのコンテナ苗と裸苗を単木混交で植栽し、地上部成長（樹高と地際直径）を2年間測定するとともに、一部の苗を掘り取り、地下部の重量を測定した。樹高成長についてはコンテナ苗と裸苗で大きな違いはなかったが、地際直径は植栽から1年後の時点で裸苗の方が大きく、2年後もその差は縮まらなかった。また、掘り取り調査の結果、地下部重量は植栽から1年後に裸苗の方がコンテナ苗よりも大きく、2年後にはその差が大きくなった。また、裸苗と比べてコンテナ苗では菌根菌が少ない傾向があった。以上の結果から、コンテナ苗の初期成長を改善するには、根系発達をいかに促進するかを検討する必要があることが示唆された。

阿武隈高地森林生物遺伝資源保存林におけるマツ材線虫病による アカマツ遺伝資源の10年間の変化

木村恵¹、岩泉正和²、那須仁弥¹、宮本尚子¹、大谷雅人¹、山田浩雄¹、生方正俊¹（1：森総研
林育セ、2：森総研林育セ関西）

近年、東北地方でマツ材線虫病による被害が拡大している。被害木の枯死は林分のバイオマスだけでなく、遺伝的多様性の損失も招くため、たとえ被害跡地にマツが更新しても遺伝的多様性は回復しないおそれがある。遺伝資源を持続的に管理するには、バイオマスと遺伝的多様性の変化を長期的にモニタリングする必要がある。本研究では2001年に阿武隈高地森林生物遺伝資源保存林に設定した0.28haのプロット内に生育するアカマツ（*Pinus densiflora*）に着目し2013年までの変化を調べた。胸高直径5cm以上のアカマツは181本存在し、直径階分布は胸高直径30cmクラスにピークを持つ一山型を示した。調査期間内で新規加入個体はみられず、個体数は徐々に減少し2013年には121本となった。最初の5年間では多くの個体が旺盛な成長をみせたため胸高断面積合計は増加したものの、その後の5年間では個体の成長量の低下と枯死木の増加によって減少した。これらの枯死木は2003～2007年に採取された種子の16%を種子親として生産していたことがわかった。核SSR 8遺伝子座で算出した遺伝的多様性には大きな変化はみられなかった。この林分では10年間でアカマツの遺伝的多様性に大きな変化は見られなかったが個体数、バイオマスは減少し、将来的には種子生産量にも影響を及ぼすことが懸念された。

マツ材線虫病抵抗性クロマツの挿し木増殖における施肥の効果と定植後の根の評価

袴田哲司（静岡県農林技術研究所森林・林業研究センター）・山本茂弘（静岡県農林大学校）

静岡県の遠州灘海岸防潮堤をはじめとした海岸防災林の整備や、東日本大震災の復興支援に伴い、大量のクロマツ苗が必要となっている。静岡県は全国有数のマツ材線虫病抵抗性クロマツ生産県であるが、現状の体制では実生苗への接種検定による抵抗性苗の増産には限界があり、挿し木増殖による生産も試行的に行なっている。抵抗性クロマツの挿し木については、これまでに数多くの研究が行なわれてきたが、植栽地の厳しい環境条件に耐え得る良質な挿し木苗を育成するための技術には改良の余地がある。そこで、養生中の施肥の効果を検討したところ、緩効性肥料を2月～6月の期間に与えると発根率に効果が認められた。しかし、液体肥料を与えた場合は、無施肥の場合よりも発根率や発根苗のサイズが劣る傾向にあった。一方、抵抗性クロマツの挿し木苗を植栽した後の調査事例が少なく、根の伸長や生育状態について疑問視する声もある。そこで、苗畑で育成した挿し木苗と実生苗の根系を比較したところ、直径5mm未満の根の本数と直径5mm以上の根の本数において、挿し木苗と実生苗で有意差が認められなかった。さらに種苗生産者を含む7名で、挿し木苗と実生苗の根系を見比べたところ、区別が困難であった。

10

マツノザイセンチュウ抵抗性育種における事業・研究材料の共有化の取り組み

岩泉正和、磯田圭哉（森林総研林育セ関西）、松永孝治（森林総研林育セ九州）、平尾知士、井城泰一、高橋誠（森林総研林育セ）、山野邊太郎（森林総研林育セ東北）、渡辺敦史（九大院農）

マツノザイセンチュウ抵抗性育種事業は、従来育種基本区単位（東北・関東・関西・九州）で進められてきたが、普及を推進する上では種苗配布区域（クロマツ：2区、アカマツ：3区）単位での育種基本区横断的な対応が必要である。林木育種センターでは、当該事業・研究のためにマツの育種材料（種子・花粉・DNA）の収集・保存を進めてきたが、上記のような経緯のため、これまではほとんどは基本区（育種場）毎に収集・保存・利用されており、必要な材料の作成・調達等がしばしば困難であった。事業・研究の効率化と高度化のためには、基本区間での材料収集・作成の分担や、不足材料の共有といった、連携体制の確立が重要である。また、震災等に対する危機管理体制（複数箇所での管理等）も必要である。こうしたことから、林木育種センターの抵抗性マツ担当者グループでは、抵抗性マツを中心としたマツの育種材料の共有化に取り組み、平成25年度から、各基本区で保存中の種子・花粉・DNAの情報を統一化した管理データベースの整備に着手した。本発表では、それら保存情報の蓄積状況等について報告するとともに、バーコードシステム等も利用した管理体制について紹介する。

ユーカリにおける RNA-Seq 法を用いた リグニン生合成に関与する遺伝子の発現解析

新屋 智崇、陶山 健一郎、福田 雄二郎、林 和典、小野木 晋一、河岡 明義
(日本製紙 アグリ・バイオ研究所)

パルプ生産を目的とした植林木の育種においては、木材中に含まれるリグニン含量が少ない個体が求められる。そこで、リグニン含量に影響を与えている遺伝子をマーカーとして利用することを目的として、大きくリグニン含量の異なる2個体、高リグニン個体(リグニン含量:35.5%)、低リグニン個体(リグニン含量:20.2%)を実験材料に用いて、次世代シーケンサーを利用した RNA-Seq による網羅的な遺伝子解析を実施した。

解析の結果、高リグニンの個体において、モノリグノール生合成に関与する遺伝子(PAL、C4H、4CL、HCT、COMT、Cald5H、C3H、CAD)の発現量が高いことが確認された。一方で、CesA、Susy、XETなどは、大きな変化は確認できなかった。さらに、リグノセルロースに関与する転写因子についても確認したところ、高リグニンの個体において、5つの Myb、および2つの LIM 転写因子、NAC、WRKY、AP2、KNOXなどのいくつかの転写因子で発現量が高いことが確認された。

バーコードを用いた立体配置サンプルおよび移動するサンプルの時系列データ蓄積

山野邊太郎(森林総合研究所林木育種センター東北育種場)

ある形質を時系列で評価するためには各サンプルに ID を付し、各測定時の評価値をデータベース上で突合せさせる。例えば、林木育種の検定林調査では各個体の植栽位置と系統が記された図を作成し、各サンプルが植栽されている行列を ID として時系列データを蓄積していく。この方法は各サンプルの位置が平面上で表現でき、かつ、測定期間中移動しない場合にのみ有効で、立体的に配置されている場合や頻繁にサンプルが移動する場合については、印を付して追跡することではじめて時系列データの蓄積が可能になる。サンプルに付す印としては、色と記号を組み合わせたタグがよく活用されているが、タグの読み取り時、野帳の記載時、データベースへの入力時などに人為的な誤りが頻発するため、サンプルの判別と観察値のデータ入力を機械化することが望ましい。そこで、本報告では約700個のマツ雌花(立体配置)および約3000本のMstarさし木苗(頻繁に移動)の状態について、市販のデータベースソフト、バーコードとタブレットを活用して時系列で追跡している事例を紹介する。本研究の一部は農林水産業・食品産業科学技術研究推進事業(課題番号25084c)とJSPS科研費(24780158および26660135)の助成を活用して行った。

コンテナ栽培したヒノキ少花粉品種採種木における種子生産性の向上

西川浩己・馬目恭行（山梨県森林総合研究所）、小林沙希（千葉県農林総合研究センター森林研究所）、中村健一（東京都農林総合研究センター）

スギ・ヒノキ花粉症に対しては、花粉の少ないスギ、ヒノキが選抜され、スギについては、ミニチュア採種園等が実用化され、広く普及している。ヒノキについても少花粉品種を母樹とする採種園産実生苗や挿し木苗の供給が期待されている。実生苗の普及策として、採種園産種苗による効率的な少花粉品種の作出を進めており、その取り組みの1つとして、コンテナ栽培した採種木を用いた種子生産方法の開発を行っている。

本研究では、ヒノキ少花粉品種の若齢木をコンテナボックスに鉢植えをしてコンテナ苗化した。コンテナ化した採種木は、コンテナ化による成長抑制効果を評価するため、植栽時より継続して、採種木の樹高を測定した。また、着果促進効果が認められる時期を特定するため、ジベレリンペースト包埋処理を7月から10月までの間施用し、翌年の秋に採種木1本当たりの球果採取量等を調査した。コンテナ苗化による根域制限は、採種木の上長成長抑制に有効であり、閉鎖施設等への移動作業が軽減化された。球果採取量・着果数とも8月上旬が最も多く、9月中旬以降では効果がみられなかった。

大山モミ採種園の着花と種子生産

齋藤央嗣・河野明子・藤澤示弘・越地 正・毛利敏夫・三橋正敏・久保典子
(神奈川県自環保セ)

モミは、これまで採種園造成の事例は報告されていない。神奈川県では、丹沢東部の大山で1960年代にモミの集団枯死が発生しその保全が課題となっていた。そこで大気等汚染対策の候補木として1993年から1996年にかけてモミの選抜を行い、接ぎ木増殖により増殖した19クローンと比較の実生個体を2003年から保全センター所内に採種園形式で植栽している。植栽2年目の2004年に初めて種子が生産され、以後毎年結実しており、2011年には5.03kgの種子を生産した。開花結実は、接ぎ木で増殖した大山モミクローンのみで見られ、着花率はクローン間で有意に異なり、比較植栽した実生個体では全く結実が見られなかった。モミの結実周期は、宮ヶ瀬、大山等の自然林とも同調している傾向が見られ、豊作年の種子は、発芽率も高くなった。採種園で採取された種子の発芽率は、自然林から採取した種子と比較し低かったものの、生産量の増加とともに発芽率も向上し、園内での開花個体の増加により、種子の稔性が向上していると考えられた。このことから接ぎ木苗を利用することにより連年的な開花結実が得られ、採種園形式での種子生産が可能であることが明らかになった。

マツノザイセンチュウの増殖と病原性の関係

小林 玄(九大院農)、松永 孝治(森林総研林育セ九州)、渡辺敦史(九大院農)

次世代マツノザイセンチュウ抵抗性品種開発には、交雑家系だけでなく、マツノザイセンチュウ (*Bursaphelenchus xylophilus*) (以下、線虫) についても再検討する必要がある。そこで、これまでに全国から 60 系統のマツノザイセンチュウを収集した。接種頭数により枯死率が変化することや線虫系統により増殖が異なることが報告されていることに基づいて、本研究では、従来の接種検定に代わるより簡易な病原性推定法の開発を目指し、収集系統の増殖特性を評価した。収集した線虫を *botrytis* 菌叢上に 1000 頭播種後、線虫がシャーレの面積の半分を侵食した累計培養時間 (以下、閾値) を増殖力特性とした。その結果、供試した線虫系統間で閾値を超えた時間は有意に異なっていた。この結果が増殖特性のみに依存するかどうかを評価するため、線虫頭数を計測した結果、閾値を超える時間と頭数間には相関がなかったことから、侵食速度は増殖特性だけでなく移動特性が関与する可能性が示唆された。これら線虫 60 系統については接種検定による病原性評価も行っており、その関係性について併せて報告する。

マツノザイセンチュウのクロマツ樹体内における移動と発病の関係性

山口莉未(九大農)・平尾知士(森林総研林育種セ)・渡辺敦史(九大院農)

マツノザイセンチュウ (*Bursaphelenchus xylophilus*, 以下、線虫) がクロマツに侵入した際、クロマツは PR タンパク等生体防御に関連する遺伝子を過剰に発現することが報告されている (Hirao et al. 2012)。しかし、過剰な防御応答が線虫の侵入時に全身で誘導された結果か、移動によって引き起こされているのか、については明らかにされていない。そこで、線虫 (系統名: Ka4) を感受性クロマツ 2 年生実生苗の地際部分に接種し、1・3・7・14 日後に主軸を上部、中部、下部の 3 箇所に分け、それぞれの組織を採取した。これら組織から DNA と RNA をそれぞれ抽出し、DNA は線虫の頭数計測に、RNA はクロマツの樹体内における遺伝子発現解析に供試した。その結果、接種した地際から離れるに従って PR タンパクの発現強度は低下することから、線虫侵入後のクロマツ樹体内の遺伝子発現は線虫の移動と密接な関係にあることが示唆された。今後はクロマツ樹体内における線虫の頭数計測を進め、遺伝子発現の結果と併せた上で、本学会で報告する。

大規模に集積されたスギ遺伝子のインフォマティクス解析

田村美帆(九大院農)・郷田乃真人(九大農)・福田有樹(九大院農)

坪村美代子・三嶋賢太郎(森林総研林育セ)・渡辺敦史(九大院農)

スギの分子育種および分子遺伝の基盤整備を行うため、シュート・木部・根など様々な組織から、各器官の発達ステージや季節に応じた各部位の組織を採取し、それぞれで発現する遺伝子の単離を進めてきた。スギのリファレンスゲノムが未だ存在しないことを考慮して、比較的長い塩基配列長が得られる Roche 社の 454 次世代シーケンサーを中心に、これまでに 3,629,622 リード、34,731 isotig の収集に至っている。トウヒやマツで報告された情報と比較した場合、これまでに取得できた遺伝子数は 70%以上であると考えられる。これらの情報は、遺伝子発現解析を行うマイクロアレイ分析や連鎖解析用のマーカー開発の基盤情報として利用されている。一方で、未だスギの全ゲノムの解読に至っていない状況下で遺伝子情報を活用し、ゲノム進化や機能遺伝学へと発展させるためには、基盤整備された遺伝子情報の特性をさらに詳細に分析する必要がある。本研究では、これまで整備されたスギ遺伝子情報の全体を紹介すると共に、これまでに確認できたイントロンサイズや多重遺伝子とその遺伝子発現の関係性について報告する。

ヤブツバキとユキツバキにおける花形態の比較

三浦弘毅 (新潟大)、久原泰雅 (新潟県立植物園)、森口喜成 (新潟大)、
石沢進 (積雪地域植物研究所)、元永佳考 (新潟大)、阿部晴恵 (新潟大)

ヤブツバキ (*Camellia japonica*) と日本海側の多雪地に適応し本種から分化したと推定されるユキツバキ (*Camellia rusticana*) は、共に大きく鮮やかな花卉を持ち、排気ガスなどに耐性があるため、庭木や街路樹として利用されている有用樹種である。両種は異なった形態と生理的特徴を有しているが、特に形態的差異を詳細かつ定量的に比較し、種分化の程度を明らかにした研究は少ない。このため本研究では、両種の花形態および花色の比較を行い、その差異を評価した。

ヤブツバキ 5 箇所 (佐渡島を含む新潟県内)、ユキツバキ 6 箇所 (佐渡島を含む新潟県内及び近県 2 か所) から、各集団 2~30 個体 (平均 17 個) の花を採取し、おしべ最大長、めしべ長、おしべ合着率、花卉縦横比、花卉色、花糸色の測定を行った。色の比較には、写真撮影による画像解析と測色計を用いた。形態計測の結果、ヤブツバキはユキツバキよりも、おしべ、めしべが長く、花卉は円形に近いことが明らかになった ($p < 0.01$)。花色は明度と彩度で差があり、ヤブツバキはより濃い赤色で ($p < 0.01$)、花糸は白色であった ($p < 0.01$)。これらの結果から、両種は花形態および花色から有意に識別できることが明らかになった。

オーストラリア産ヒノキ科 3 属の EST-SSR マーカーの開発と系統地理学的評価

阪口翔太 (東京大学大学院・総合文化), James Worth, Greg Jordan, David Bowman, Lynda Prior (タスマニア大学), Michael Crisp (オーストラリア国立大学), Philip Thomas (エジンバラ王立植物園), 伊藤元己 (東京大学大学院・総合文化), 井鷲裕司 (京都大学大学院・農)

オーストラリアには 3 系統のヒノキ科植物 (*Athrotaxis*, *Callitris*, *Diselma*) が分布する。これらは生態遺伝学的に興味深い特性を持っているものの、これまで遺伝解析が十分に行われていない。そこで本研究では各属について EST-SSR マーカーを開発し、系統地理学・集団遺伝的解析を行った。*Athrotaxis* では形態・生態的に分化した 2 分類群 (*A. cupresoides* と *A. selaginoides*)、及びその交雑種とされる *A. laxifolia* について解析を行った結果、*A. laxifolia* は方向性のある交雑によって生じた雑種であることが示唆された。*Callitris* では、東部温帯域とタスマニア島に隔離分布する *C. rhomboides* と *C. oblonga* について解析を行った。2 種の *Callitris* 共に隔離地域集団間で大きな分化が見られたが、最初に系統分化が起きたのは大陸側であり、その後タスマニア集団が約 20-40 万年前に分化したことが示された。タスマニアに固有の *Diselma* では各集団で高い多様性が維持され、分化の程度は低いことが明らかになった。

スギ雄性不稔遺伝子 *ms-4* のマッピング

佐藤雅哉(新潟大農)、森口喜成(新潟大自然科学)、松本麻子(森林総研)、岩井淳治(新潟県森林研)、宮嶋大介(新潟県森林研)、津村義彦(森林総研)

スギ花粉症対策として雄性不稔スギ (無花粉スギ) の利用が期待されている。無花粉スギは一对の劣性遺伝子 (雄性不稔遺伝子) により支配されており、現在までに 4 種類の雄性不稔遺伝子 (*ms-1*~*ms-4*) が発見されている。肉眼による形質評価ではなく、DNA 解析により無花粉スギの識別ができれば、マーカー利用選抜育種が可能になる。当研究グループでは、これまでに *ms-1* から *ms-3* をスギ連鎖地図にマップし、現在 *ms-4* のマッピングを進めている。*ms-4* のマッピングには S5HK8 家系 (新大 8 号[*ms-4/ms-4*]×(新大 8 号×東蒲原 5 号の F1[*MS-4/ms-4*]))を使用した。この家系は、2011 年 4 月に人工交配を行い、10 月に球果を採取、2012 年 1 月に播種したものである。花粉稔性の評価は 2014 年 2 月に実体顕微鏡を用いて行った。得られた不可稔データに基づき、スギ基盤連鎖地図にマップされている SSR マーカーのうち S5HK8 家系の親間に多型があったマーカーを用いて *ms-4* の座乗する連鎖群の検討を行った。

針葉樹における *Apple latent spherical virus* の感染性の検証

小長谷賢一¹、吉川信幸²、谷口亨¹(¹森林総合研究所森林バイオ研究センター、²岩手大学農学部)

植物ウイルスベクターは、ウイルスの感染・増殖能を利用して目的遺伝子を植物体内で発現制御できる系として、遺伝子の機能解析や形質の改変等に広く利用されている。本ベクターの最大の利点は遺伝子組換え植物を作製する工程が不要な点にあるが、針葉樹等の林木におけるウイルスベクターの利用例はこれまでに無い。最近、落葉果樹よりリンゴ小球形潜在ウイルス (*Apple latent spherical virus*, ALSV) と呼ばれる潜在ウイルス (感染しても病気を発症しないウイルス) が単離され、落葉樹種を含めた多くの植物にウイルスベクターとして利用可能であることが報告されている。そこで本研究では、針葉樹においても ALSV ベクターが利用可能か検討する目的で、スギおよびマツにおける ALSV の感染性の検証を行った。スギの不定胚およびマツの完熟種子胚から発芽させた幼植物体へ ALSV のゲノム RNA をパーティクルガン法により接種し、接種 10 日後および約 6 ヶ月後に ALSV を real-time RT-PCR 法により検出した。その結果、スギおよびマツともに増殖した ALSV が検出され、一方、病徴は観察されなかった。このことより、スギおよびマツにおいて ALSV は潜在感染することが示唆された。

関西育種基本区選抜ヒノキ精英樹のさし木発根性および苗形態特性の評価

磯田圭哉・岡村政則・笹島芳信・河合貴之・祐延邦資 (森総研林育セ関西)

近年、近畿・中国・四国地域においても、神光 2 号等の優良なさし木品種による、ヒノキのさし木造林が一般的になってきた。関西育種場では、多様なさし木品種開発のため、関西育種基本区選抜のヒノキ精英樹についてさし木発根性の調査を行ってきた。その結果、高い発根性を示すヒノキ精英樹が多数あることが明らかとなった。しかし、ヒノキのさし木ではクローンによって枝性が植栽後にも残る問題がある。そのため品種開発にあたっては、発根性だけでなく、枝性の有無等も検証する必要があることから、第 2 ステップとして、苗形態のクローン特性の評価に着手した。平成 25 年度に評価法について検討した結果、先端高と苗長の比から評価値を求めることが妥当であると考えられた。今回、同一クローンを含む精英樹について再度さし木を行い、床替え苗の形態評価を行い、年次間の比較を行った。その結果、同一クローンの 2 年間の評価値には有意な相関 ($r = 0.818, p < 0.001$) があり、本評価法によって遺伝的な特性が示されると考えら

れた。

23

西表島におけるアカシア・ハイブリッド (*Acacia mangium* × *Acacia auriculiformis*) 交雑家系の 初期成長の家系間変異

板鼻直榮 (森林総研林育セ西表熱帯林育種技術園)、加藤一隆 (森林総研林育セ)、尾坂尚紀、楠城時彦、古本 良 (森林総研林育セ西表熱帯林育種技術園)

林木育種センター西表熱帯林育種技術園では、人工交配によりアカシア・ハイブリッドを創出するための技術開発を進め、ビニールチューブを用いた人工交配により *A. mangium* と *A. auriculiformis* との F1 種子を得た。この種子から苗木を育て、西表島におけるアカシア・ハイブリッド成育を把握するため、2012年12月に15家系、計309本を3反復で植栽した。植栽後20か月を経過した2014年7月に個体ごとに樹高と胸高直径を測定した。各反復で複数個体が生存していた家系では全体の生存率は83%(256本生存)であった。樹高は0.4~5.5mと個体により著しく異なり、家系間及び反復間に有意差が認められた。また、樹高は、母樹とした *A. mangium* 2クローン間で3反復とも有意、花粉親とした *A. auriculiformis* 4クローン間では有意又は有意水準に近い反復があった。これらのことから、優良クローンを創出するためには交配材料の選択が重要であることが示唆された。

24

スギ精英樹の植栽後1~2年の成長と30年時樹高の相関

倉本哲嗣・松永孝治・武津英太郎・千吉良治・倉原雄二 (森林総合研究所林木育種センター九州育種場)・湯浅真 (森林総合研究所林木育種センター北海道育種場)・山田浩雄 (森林総合研究所林木育種センター)

林木育種の目的は、健全な森創りや森林の木材生産力の増強や主目的であるが、新たな系統の開発には、交配から試験地設定、成長や材質等の特性の調査結果を含めると20年以上を要する。一方九州は、スギさし木苗による造林が主流であるため、スギの優良系統を開発するにはさし木苗を用いた検定林での結果を待つて特性を見極める必要があることから、さらに多くの年月を要する。このスギの形質の評価について、材質形質の指標値であるヤング率は2年程度で概ねの評価が可能であるとの報告があり、成長形質についてもより早期に評価ができるか検証しておくことは今後の育種を効果的に進めるうえで重要であろう。そこで今回は成長形質について、同一の12精英樹が植栽されている17か所の地域差検定林のデータによる九州一円における樹高および胸高直径の平均値と、九州育種場苗畑に植栽されたそれら精英樹が1成長期でどの程度成長したかを示す比(成長比率とする： $(1 \text{ 成長期後の樹高}) / (\text{植栽時の樹高})$)との間に相関関係が存在しているか検証した。その結果、成長比率と、5~30年次の樹高・胸高直径平均との相関は、

それぞれ統計的に有意な相関関係であった（相関係数 0.7）。

荒川堤のサクラは現代に受け継がれているか？

勝木俊雄・岩本宏二郎・加藤珠理（森林総合研究所多摩森林科学園）

サクラは日本を代表する樹木であり、古くから花を觀賞するために栽培され、江戸時代には多くの栽培品種が作出された。しかし、明治時代に東京では都市の変化にともない、伝統的なサクラの栽培品種が消失する危機となった。そのため、1886年東京府江北村（通称荒川堤）に、江戸時代から伝わったサクラのコレクションが植栽された。荒川堤からは180以上の名称のサクラが記録されており、小泉源一などによって73分類群について植物分類学上の記載がなされている。荒川堤から増殖され、現在でも見られる栽培品種がある一方、コレクションの消失にともない失われた系統もある。そこで、荒川堤から記載された73分類群のサクラの現況について検討した。その結果、31分類群は多摩森林科学園あるいは遺伝学研究所に安行経由で導入されており、高い確度で現存していると考えられた。12分類群については、国内の主な収集機関になく、消失した可能性が高いと考えられた。30分類群については、その名称のサクラが確認されたが、荒川堤から正しく伝わっているか、記載や標本情報との比較やDNA識別などをおこない、確認することが必要と考えられた。

QRコード現地発行システム（ラベルふえる君）を用いた 増殖配布業務における材料管理

竹田宣明、松永孝治、武津英太郎、福山友博、大城浩司、濱本光、澤村高至、松永順、佐藤省治、千吉良治、倉本哲嗣（森林総合研究所林木育種センター九州育種場）、渡辺敦史（九州大学大学院農学研究院）、小野雅子、平尾知士、平岡裕一郎、栗田学、高橋誠（森林総合研究所林木育種センター）

既存の比較的安価な機材とソフトウェアを組み合わせ、林木の種苗の増殖・配布における材料管理システム（ラベルふえる君）を考案した。本システムを使用して原種園、採種徳園において母樹に取り付けられたラベルを現地で複製することにより、苗木の増殖・配布の過程で生じる系統・個体の取り違いと系統名等の誤記入の発生リスクを最小限に抑制できると考えられる。また苗木の養成過程における作業管理、発送・入荷の在庫管理においてQRコードを利用した効率的な管理が可能になる。本システムは独立行政法人森林総合研究所育種センターが開発中の林木育種統合データベースの「個体コード」に基づく材料管理を想定しているが、県等の他機関と個体識別コードの共有化を図ることができれば、高精度な系統管理を複数機関に拡張できるだろう。本システムは様々な改良の余地があるが、ここでは現在までに構築したシステムの紹介と九州育種場におけるシステム導入の取り組みを報告する。

高標高域のカラマツ天然林における種子の成熟時期の個体間変異

生方正俊、佐藤新一、大久保典久（森林総研林育セ）、中田了五（森林総研林育セ北海道）、長谷部辰高（森林総研林育セ東北）

カラマツは、近年採種園等での凶作が続き、優良種苗の安定的な供給に危機感が高まっている。貴重な種子を効率的に採取するためには、採種適期を判断し集中して作業する必要があるが、植栽場所やその年の気候条件等により、適期が異なることが予想される。我々は今までにカラマツの精英樹等を対象に種子の成熟時期（発芽率が急激に上昇する時期）の植栽場所や年次による変異を調査し、気温の低い地域ほど成熟時期が遅れ、個体間のばらつきが小さくなること、同一植栽場所での年次間の変動は小さいこと等を報告している。今回は、長野県と群馬県の県境に位置する浅間山の外輪山である黒斑山のカラマツ天然林内の個体を対象に調査を行った。標高1,970m～2,120mに生育する10個体について、2013年8月中旬から10月上旬まで、約10日間隔で個体別に球果を採取した。精選した種子を軟X線で観察し、充実種子のみを用いて発芽率を調査した。種子の成熟時期は、個体間で異なり9月上旬から10月上旬まで約1ヶ月の差がみられた。明瞭ではないが、標高の高い個体ほど成熟時期が遅い傾向がみられ、生育場所の環境により種子の成熟時期が異なることが示唆された。

九州地域のマツノザイセンチュウ抵抗性育種事業における選抜母集団、品種、普及種苗の遺伝的改良

松永孝治・千吉良治・武津英太郎・倉原雄二・倉本哲嗣（林育セ九州）

林木育種センターはマツ材線虫病への対策として関係機関と共同で抵抗性育種事業を実施して来た。事業は選抜母集団の収集に始まり、線虫の人工接種によって品種を選抜し、品種を植栽した採種園から抵抗性種苗が生産されている。九州地域は昭和57年に事業を開始したこともあり、現在九州育種場ではクロマツの第2世代抵抗性品種の開発に取り組んでいる。本研究はこれまでに九州地域で実施してきた抵抗性育種事業のデータに基づいて、選抜母集団・選抜品種・供給種苗の3つの段階における材線虫病抵抗性の頻度分布を示し、次世代化に伴う抵抗性の遺伝的改良を推定する。

林木育種における地上型レーザスキャナの応用

平岡裕一郎、高橋誠（森林総合研究所林木育種センター）

渡辺敦史（九州大学大学院農学研究院）

林木育種では、育種対象である林木が巨大であることから、多数の形質を大量かつ正確に取得することは困難であった。最近、林木においても分子育種が試行されるようになり、精度の高い多形質の表現型取得の必要性が増大している。近年、森林分野においてもリモートセンシング技術が導入され、なかでも、地上 LiDAR (Light Detection and Ranging) は、樹幹部等の森林内部の情報を高い精度で取得することが可能なため、本手法はこれまでの測定手法に代わる森林計測技術として期待されている。本研究は、地上 LiDAR により林木育種における表現型形質の計測手法の高度化を図ることを目的として行った。茨城県日立市に設定されたスギ F_1 検定林を対象に、樹高、胸高直径、幹曲がりの程度を調査し、その後、地上 LiDAR による計測を行った。得られた点群データに統一的な 3 次元座標を与え、データ上で個体を抽出し、樹高、胸高直径、材積、矢高を推定した。これら形質の推定値と従来手法で調査したデータとの相関が高かったことから、本手法は基本的な形質値の取得に実用的に適用可能といえる。さらに、他のスギクローン検定林にも適用し、複数の地上高別幹直径から樹幹形の推定を行い、統計学的に遺伝解析を行った。

トウヒ属精英樹家系における木材性質の変異

田邊 純（東京農工大学連合農学研究科）、石栗 太（宇都宮大学農学部）、田村 明（森林総合研究所林木育種センター北海道育種場）、飯塚和也、横田信三（宇都宮大学農学部）

アカエゾマツ (*Picea glehnii* Mast.) およびエゾマツ (*P. jezoensis* Carr.) は、北海道における重要な造林樹種であるが、造林木、特に精英樹家系の木材性質の詳細な情報は少ない。本研究では、北海道のトウヒ属における木材性質の樹種間、遺伝型間および半径方向変動を調査することを目的に、41 年生アカエゾマツおよび 43 年生エゾマツ精英樹家系について、年輪幅、晩材仮道管 S_2 層マイクロフィブリル傾角 (MFA)、気乾密度、曲げヤング率および曲げ強さを調査した。各木材性質について、分散分析の結果、アカエゾマツ、エゾマツともに家系間に有意な差が認められ、両樹種とも遺伝的要因が木材性質に寄与していることを示唆している。変動係数は、いずれの形質でも同程度の値であり、遺伝型間のばらつきの度合いは、樹種間で大きな違いはないと考えられる。未成熟材を多く含む樹心部と主に成熟材で構成される辺縁部との間の差は、年輪幅、曲げヤング率および MFA で大きく、気乾密度および曲げ強さでは比較的小さい傾向を示した。一方、両樹種ともに樹心部と辺縁部の木材性質間には、有意な正の相関関係が認められ、木材性質の早期評価は可能であると考えられる。

カラマツ人工交配家系を用いた容積密度の幼老相関

高島有哉、井城泰一、平岡裕一郎、宮下久哉、藤澤義武（森林総研 林育セ）、石栗 太（宇都宮大農）

6×6のフルダイアレルにより設計された林齢36年のカラマツ人工交配30家系270個体について、立木状態の胸高部位にてピロディン陥入量（PP）を測定した。また、胸高部位から試験片を作製し、容積密度を髓から5年輪ごとに測定した。PPの平均値±標準偏差は、14.6±1.5 mmであった。また、髓から5年輪ごとの容積密度の、平均値±標準偏差は、BD1（髓から5年輪まで）、BD2（6から10年輪まで）、BD3（11から15年輪まで）、BD4（16から20年輪まで）、およびBD5（21年輪以上）で、それぞれ0.37±0.03、0.37±0.03、0.42±0.03、0.42±0.03、および0.44±0.03 g/cm³であった。BD1とBD5との相関係数は、0.211と低い値を示したのに対し、BD2、BD3およびBD4とBD5との相関係数は、それぞれ0.518、0.554および0.781と、中程度、もしくは高い値を示した。したがって、カラマツの容積密度において、6年輪以降の材を用いた、早期選抜の可能性が示された。また、PPとBD5との間で、高い負の相関（ $r = -0.813$ ）が認められ、ピロディンによる樹皮側の材の評価が有効であることが示唆された。

日本産樹木 DNA バーコードからみたクスノキ科、カバノキ科の特徴

吉村研介・鈴木節子・勝木俊雄・吉丸博志（森林総合研究所）

日本産樹木 DNA バーコードは、日本産樹木の約970種の rbcL 部分、matK 部分、psbA-trnH 遺伝子間領域の3領域の塩基配列で構成されており、77%程度の種識別が可能である。しかしながら、種識別が困難な分類群がある。クスノキ科6属27種、カバノキ科5属29種では、両方の科共に、3つのバーコード領域では属内の種識別ができない。また属の分類も出来ない場合があり、クスノキ科では、クスノキ属、スナヅル属、タブノキ属は他の3属と rbcL で明確に別れたが、クロモジ属、ハマビワ属、シロダモ属の3属は、どのバーコード領域でも属を越えて共通な配列が出ていて識別できない。カバノキ科ではクマシデ属、アサダ属が一つのクラスターになったが、他の3属は明確に別れた。

葉緑体 DNA を用いた DNA バーコードの利用に当たっては、以上の様な分類群の特性を把握して応用する必要がある。また詳細な種識別をするため手法開発が必要であろう。

沿岸地域に自生するサクラの遺伝的特性の評価

加藤珠理¹・勝木俊雄¹・岩本宏二郎¹・松本麻子²・吉丸博志¹ (1 森林総研多摩, 2 森林総研)

沿岸地域に自生し、観賞性も高いオオシマザクラは、海岸林造成に使われる可能性のある樹種の一つである。その一方で、オオシマザクラの安易な植栽はヤマザクラ等の在来種への遺伝子汚染を引き起こす心配がある。本研究では、在来のヤマザクラを活かした海岸林造成の可能性について検討するため、オオシマザクラとヤマザクラの遺伝的特性を調べることにした。オオシマザクラの分布地域（房総半島、伊豆半島、伊豆諸島）とヤマザクラの分布地域（東北～九州）を網羅するように収集したサンプルと、沿岸地域（主に九州）に生育するヤマザクラのサンプルを対象として、SSR マーカー23 座を用いて DNA 分析を行った。得られた遺伝子型データに基づいて集団遺伝構造を推定した結果、オオシマザクラとヤマザクラは遺伝的にはっきりと区別できることが明らかになった。更に詳細な解析を行ったところ、沿岸地域のヤマザクラは分布域を網羅して収集したヤマザクラサンプルと遺伝的に区別されることがわかった。これは地史的要因によって生じた変異と捉えることもできるが、沿岸地域への適応に関連した変異を反映している可能性もあるので、より詳細な調査を進めたいと考えている。

花粉形成初期にスギ雄花で発現する低分子 RNA のアノテーション解析

伊原徳子、内山憲太郎、上野真義、二村典宏（森林総合研究所）

タンパクをコードしない低分子 RNA (sRNA)は植物でも重要な働きを持つ。今回は富山不稔に由来する後代の雄性不稔及び可稔個体で花粉形成初期の雄花から得られた、葉緑体由来およびゲノム中の反復配列由来の sRNA について解析した結果を中心に報告する。

スギ葉緑体のゲノム配列に得られた 18,258,794sRNA をマッピングしたところ、非常に高く発現する sRNA 領域が 3 箇所推定された。2 箇所は遺伝子間領域 (psbH-petB、ndhj-chlN) であり、他方は 4.5sRNA 領域であった。psbH-petB 及び 4.5s rRNA 領域の sRNA は種子植物間で高く保存されており、葉緑体特有の発現遺伝子調節に重要な働きを持つことが示唆される。

また、スギの 161 BAC クローンの塩基配列からトランスポゾン様配列を含め 2,306 の反復配列が予測された。これらの反復配列に由来すると推定された sRNA は全体の 3.8% (294,836 sRNA) であった。発現量の多い反復配列由来 sRNA は、可稔個体と不稔個体間で発現パターンに違いが見られた。このことは、反復配列由来 sRNA の発現が花粉形成段階に応じた制御を受けている可能性を示すと考えられる。

コンテナ育苗におけるヒノキサシ木苗と実生苗の成長経過

茂木靖和・渡邊仁志（岐阜県森林研究所）

今後の再生林では、初期成長が速い、花粉が少ないなどの有用な性質をもった苗の利用が期待されている。このような苗の生産には、母樹の性質を受け継ぐさし木などの栄養繁殖が適する。その一方で、植栽に係るコストの削減や労力の平準化を見込み、コンテナ苗の検討が進められている。ヒノキコンテナ苗生産の検討は、実生を中心に進められ、さし木で遅れている。本試験では、さし木由来のヒノキコンテナ苗生産の基礎資料を蓄積するため、益田5号と小坂1号（共に岐阜県産精英樹の少花粉ヒノキ品種）の20cmさし穂から得た発根苗、および1年生実生苗（採種園産）を、4月に実生由来のヒノキコンテナ苗生産で用いる標準的な培地条件のMスターコンテナへ移植して、約1年間の伸長成長経過と最終の苗長を苗の種類ごとに比較した。その結果、5～9月までの各月の苗伸長量は、実生苗がさし木苗の両品種を上回った。また、さし木苗の伸長量は7月を除き両品種に違いがみられなかった。さし木苗の最終苗長は、両品種とも全個体が3年生裸苗の最低規格30cm以上であった。これらのことから、大苗生産を目的とするのであれば、さし木由来のヒノキコンテナ苗生産に、実生苗の標準的な培地条件が適用される可能性が示された。

モミ属における浸透性交雑の検証

内山憲太郎（森林総合研究所）、藤井沙耶花（環境省）、鈴木節子（森林総合研究所）、森口喜成（新潟大学農学部）、木村恵（森林総合研究所林木育種センター）、津村義彦（森林総合研究所）

浸透性交雑は集団に急速な遺伝的変異をもたらすことから、その進化的意義は大きい。本研究の対象であるモミ属3種（モミ、ウラジロモミ、シラビソ）は、核マイクロサテライトの分析では明瞭に分化しており、種間の遺伝的交流は非常に限られていると考えられる。一方で、モミ×ウラジロモミ、ウラジロモミ×シラビソ間では交雑個体の存在が報告されており（Isoda et al 2000, Fujii et al 2012）、分布の境界では現在も交雑が生じていることが分かっている。また、mtDNAの解析からは、モミの北方の4集団のハプロタイプが、シラビソ、ウラジロモミの主要ハプロタイプに完全に置き換わっていることが示され、過去にこれら2種からモミへの浸透性交雑が起こったことが強く示唆された。過去の気候変動に伴う分布の変化は、種間の新たな接触と隔離の機会を生み出してきたと考えられる。近縁種との交雑が活発に生じた際に、交雑を介して互いの有益な遺伝情報を獲得してきたかもしれない。特に、mtDNAは代謝系に関する遺伝子をコードしており、mtDNAの浸透が温度環境への適応に関係している可能性も考えられる。本研究ではモミ属3種の浸透性交雑とそのプロセスの解明に向けた取り組みについて紹介する。

スギの環境に対する応答

能勢美峰、栗田学、平岡裕一郎、井城泰一、武津英太郎、高橋誠、花岡創、三浦真弘、三嶋賢太郎、高島有哉、坪村美代子(森林総合研究所 林木育種センター)、柳原尚貴(九州大学大学院 生物資源環境科学府)、田村美帆、渡辺敦史(九州大学 農学研究院)

気候変動に伴う環境の変化は、スギの成長に影響を及ぼすことが予想される。そのため、スギの環境に対する応答や適応性の評価は今後の育種を進める上で重要な課題となっている。本研究では、温度条件および日長条件を異にする人工気象室と、気象条件の異なる各地の検定林や苗畑試験地を用いて、伸長成長量や発現遺伝子から環境の影響を評価した。その結果、人工環境下と自然環境下とともに、環境条件が異なることによってスギの伸長成長量は変化し、また、その成長パターンにはクローン間差がみられた。それらの試料を用いた遺伝子発現解析では、環境条件に応答して発現量が変動する遺伝子群が明らかになった。クローン間での環境応答の違いは、植栽地での伸長成長に影響すると考えられることから、環境に応答して発現する遺伝子群は今後の林木育種における新たな観点からのマーカー候補であると考えられる。

優良な形質を導入した雄性不稔スギリソースの整備

坪村美代子、平岡裕一郎、栗田学、高橋誠 (森林総合研究所林木育種センター)、
渡辺敦史 (九州大学農学研究院)

雄性不稔スギ「爽春」は花粉症対策品種としての利用が進められているが、精英樹と比較すると成長量が劣る。そこで、林木育種センターでは爽春と精英樹との交配を進め、成長や材質等林業形質の優れた雄性不稔スギの作出を目指し、交配母材料として利用可能な雄性不稔スギリソースの整備を進めている。現在までに107のF₁家系、72のF₂、戻し交雑家系を作出し、一部の家系は対照個体とともに定植、成長量の検定を行っている。植栽4年目の樹高平均はF₂可稔個体で347.4cm(174本)、F₂不稔個体では315.4cm(73本)、対照である精英樹オープン家系では376.3cm(33本)であった。F₂の樹高データを基に、爽春交配家系(F₁、戻し交雑家系)の遺伝的能力を線形混合モデルにより推定した結果、F₁の能力は爽春と比較して最大13%改良されていた。これらの結果から、不稔個体は可稔個体よりも成長量が若干劣ること、爽春後代の成長量は精英樹との交配・選抜により改良が可能であることが明らかとなった。

スギ人工交配家系を用いた容積密度の早期選抜の検討

井城泰一、高島有哉、三嶋賢太郎、平岡裕一郎、三浦真弘（森林総合研究所林木育種センター）、石栗 太（宇都宮大学農学部）、渡辺敦史（九州大学農学研究院）

4×4のハーフダイヤレルで設計された19年生のスギ人工交配家系12家系177個体を用いて、容積密度を測定し早期選抜の可能性を検討した。また、ピロディンを用いた容積密度の推定についてもあわせて報告する。伐倒前にピロディンを用いて打ち込み深さ（ピロディン陥入量）を測定した。伐倒後、胸高部位より円板を採取し、髓より5年輪毎に試験体を作成し浮力法により容積密度を測定した。6～10年輪部位の容積密度と11～15年輪部位の容積密度の相関係数は0.75と高い値を示した。このことから、比較的早期に容積密度の選抜が可能であることが示唆された。当日は、ピロディン陥入量と各年輪部位の容積密度との関係およびピロディン陥入量の季節変動についても議論する。

室内種子生産技術の最適化に向けた諸条件の検討

栗田 学（森林総合研究所林木育種センター）、平岡裕一郎（森林総合研究所林木育種センター）、小野雅子（森林総合研究所林木育種センター）、平尾知士（森林総合研究所林木育種センター）、高橋 誠（森林総合研究所林木育種センター）、渡辺敦史（九州大学大学院農学研究院）

スギは、わが国の主要な造林樹種であり、各種用材として広く利用され、古くから日本人の生活に深くかかわってきた。これまで検定林等を活用した調査により第一世代精英樹の特性情報が明らかになり、それらの情報に基づいた次世代化を進めている。スギにおける主要な育種形質は「成長」「材質」「雄花着花性」であるが、それぞれの形質に関わる遺伝子座は複数存在し、受け継ぐ対立遺伝子の組合せによって後代のパフォーマンスは異なると予想される。よって単一形質もしくは複数形質に優れた次世代候補木を作出するためには、多様な組合せの交配を行い、その中から遺伝的に優れた個体、言い換えれば多くの遺伝子座において優れた対立遺伝子を受け継いだ個体を選抜していく必要がある。多様な複数の交配を簡便かつ高精度に行う方法として、我々は交雑温室を利用した室内種子生産技術の開発を進めている。野外と異なる環境下において効果的な交配を行うため、風、交配期間の温度、投入花粉量、花粉投入のタイミングなど交配に関与する諸条件を最適化するための検討を行っている。本発表ではこれら取り組みの結果を報告し、効果的な室内交配を進めるために考慮すべき諸条件について議論する。

スギの樹高成長および直径成長フェノロジーの遺伝性

武津英太郎・松永孝治・倉原雄二(森林総合研究所林木育種センター九州育種場)
 千吉良治・倉本哲嗣(森林総合研究所林木育種センター九州育種場)
 柳原尚貴・渡辺敦史(九州大学大学院 生物資源環境科学府)
 高橋誠(森林総合研究所林木育種センター)

これまで林木育種分野では生長形質として樹高や胸高直径のデータを蓄積してきた。樹高や胸高直径はいずれもより小さな単位の形質が複雑に組み合わせられた複合的な形質である。特定の遺伝子型の個体について異なる環境下での将来の形質を早期に予測するためには、樹高・胸高直径等の複合形質を構成要素に分解し、若齢期に測定可能でかつ将来の予測に大きな影響を持つ要素を特定し、その環境変動を明らかにする必要がある。本研究では、12 クローンについて樹高成長と肥大成長の季節変動を調査した。その結果、樹高成長のピークは5月末～6月上旬で、その後の変動にクローン間で違いが認められた。また、直径成長のピークは4月から5月下旬であり、晩材形成期と考えられる7月以降にも成長量が増加するクローンが認められた。

チュニジアに分布する *Quercus* 4 種の遺伝的特徴

松本麻子(森林総合研究所)・杉山沙織(元筑波大学)
 川田清和(筑波大学)・津村義彦(森林総合研究所)

地中海沿岸には、ブナ科コナラ属 (*Quercus*) の森林が分布する。地中海沿岸に住む人々は、*Quercus* 属から得られるさまざまな森林資源を利用して生活を送っている。しかしながら、近年、森林資源の無計画な利用による森林面積の減少が問題となっており、持続的な森林資源の利用方法が課題となっている。とくに森林面積の減少による森林の断片化は、本来保たれていた森林の遺伝的交流に影響を及ぼすことが懸念されることから、影響を受けやすい主要樹種の遺伝的特徴を明らかにする必要がある。そこで本研究では、チュニジア北部の天然林にみられる主要樹種 *Quercus* の4種(常緑樹：*Q. suber*、*Q. ilex*、*Q. coccifera*、半常緑樹：*Q. faginea*)を対象に、核の EST-SSR マーカー(15 遺伝子座)および葉緑体 DNA のシーケンス(3 領域)解析を行い、4 種各 5 集団の遺伝的特徴を明らかにした。ヘテロ接合度およびアレリックリッチネスを指標とする遺伝的多様性を種間で比較すると、*Q. suber* が4種の中で最も低かった。また、種内集団間での遺伝的多様性は、種間雑種個体が検出された *Q. ilex* の1集団以外は同程度で、有意に異ならなかった。STRUCTURE 解析では、4 種は遺伝的に明確に分化していた ($F_{ST} = 0.391$) が、種内集団間では明確な構造はなかった。今後さらに詳細な解析を行い、乾燥化が進むチュニジアにおける遺伝的観点からみた天然林の現状について考察する。

長野県のブナ孤立小集団において検出された長距離花粉散布

稲永路子（名古屋大学大学院生命農学研究科）、小山泰弘（長野県林務部）、井田秀行（信州大学教育学部）、岡田充弘（長野県林業総合センター）、中西敦史（愛知県豊田加茂農林水産事務所）、高橋誠（林木育種センター）、戸丸信弘（名古屋大学大学院生命農学研究科）

風媒樹種は花粉散布距離が非常に長いため、孤立小集団であっても他集団から花粉が移入し、次世代への小集団化の影響（遺伝的多様性の低下・近親交配の増加）が軽減されることがある。孤立小集団の保全にとって重要な長距離花粉流動の実態を調査するためには、厳密に隔離された集団を対象とする必要がある。本研究では、半径 10 km 以内に単木的なブナが 2 ヶ所のみ確認されている長野県松本市の孤立ブナ集団（牛伏寺；1.0ha；成木 80 個体）を対象に、SSR13 座を使用した親子解析によって花粉散布パターンを調査した。2011 年のマスティング時に 9 ヶ所のシードトラップから回収された充実種子を播種し、得られた実生 100 個体の親子解析を行ったところ、92 個体は集団内から両親が推定された。実生 8 個体は花粉親が集団外に存在すると推定され、そのうち 4 個体は集団内の成木には存在しない対立遺伝子を保有していたことから、集団外からの長距離（10 km 以上）の花粉流動が明らかとなった。