

愛媛県におけるスギヒラタケの遺伝的変異に関する研究

森林遺伝学研究室 佐藤 武海

はじめに

日本の3分の2を占める森林は主に人工林で、持続可能な管理が課題である。針葉樹の間伐材を使ったスギヒラタケの栽培は、国産材の利用拡大に貢献できる可能性がある。そのため、それらの遺伝資源や育種素材を収集する必要がある。先行研究では日本のスギヒラタケの野生集団は遺伝的に異なるAグループとBグループに分かれることが判明している。しかし、小規模範囲での変異の調査は行われていない。そこで、本研究では愛媛県のスギヒラタケを用いてRAPD解析とITS領域のDNA配列解析を行い、愛媛県内の遺伝的変異を評価した。

方法

本研究では、愛媛県内の4か所から採取したスギヒラタケ44サンプルについて、ITS領域のDNA配列解析とRAPD解析を実施した。ITS領域の配列解析では、配列決定したITS領域から、28サンプルの遺伝的変異を調査した。塩基配列データはATGCでアセンブルし、Seaview 4.6.1を用いて系統樹を作成した。RAPD解析では、OPA2、OPA3、OPA4、OPA7のプライマーを用いて、PCR増幅と電気泳動を行い、サンプルのバンドパターンを得た。データ解析では、多型バンドの有無をスコア化した。それをもとに、遺伝子座の多型割合やサンプル間の遺伝的多様性を評価し、UPGMA法によるクラスター解析で系統樹の作成を行った。

結果と考察

愛媛県で採取されたスギヒラタケ44個体を用いたITS領域のDNA配列解析では、28サンプル中2サンプルにのみ遺伝的変異が認められたが、他は同一配列であった。先行研究のサンプルを含めたITS領域の系統樹(下図)でも、愛媛県内のサンプルはすべてBグループに分類された。RAPD解析では、異なるバンドパターンが観察され、特定のサンプル間で同一のパターンが確認された。作成した系統樹からは多数の変異が確認された。これは、ITS領域以外のDNA領域では個体間で分化していることを意味している。採取地や宿主の違いと系統樹の相関はみられなかったが、今回バンドパターンが少なかったため、より多くのプライマーを用いれば、それらの傾向もみられるかもしれない。これらの結果から、愛媛県内のスギヒラタケにはITS領域以外のDNA領域に変異が存在することが分かった。

BioNJ 602 sites J-C

