

ケヤキ遺伝資源（林木育種センター東北育種場保存）の特性表について

林木育種センター東北育種場（以下「東北育種場」という。）では、従来からケヤキ遺伝資源の収集と保存を進めてきたが、特に平成5年度以降は、天然記念物、巨樹・名木の希少遺伝資源の収集を計画的に進めている。また、平成9年度以降は、優良形質木育種推進プロジェクトにより、成長が良好で通直性、完満性等に優れ、枝下高が高いなど優良な形質をもつ優良形質候補木の選抜・収集を計画的に進めている。収集した穂（小枝）はつぎ木増殖を行って苗木を養成し、順次、東北育種場構内の遺伝資源保存園及び育種素材保存園に定植して保存している。

DNA 遺伝子型は、近年、林木育種・林木遺伝資源分野において個体識別や系統管理等のために重要な形質と考えられており、育種対象樹種等において徐々に調査が始まっている形質である。このため、林木育種センターが開発したケヤキのマイクロサテライトマーカーを用いてDNA 遺伝子型の調査を行い、調査データを取りまとめて遺伝資源特性表を作成した。

1. 特性調査の対象と調査形質

調査は、岩手県岩手郡滝沢村にある、東北育種場の遺伝資源保存園及び育種素材保存園に保存しているケヤキについて行った。定植・保存している個体から葉を採取し、DNA を抽出して、遺伝子型を調査した。

2. 調査と評価の方法

調査と評価は、*bczs143a*、*bczs144a* 及び *bczs184c* の3 遺伝子座について行った。

（1）調査

ア DNA の抽出

DNA の抽出は、採取した葉から、QIAGEN 社製の DNeasy Plant Mini Kit を用いて行った。抽出方法は当キットのプロトコルに記載された方法に従った。

イ DNA の増幅

DNA の増幅は、参考文献に記した Fukatsu et al.(2005) の方法に従って行った。プライマーは、上記3 遺伝子座のものをを用いた。

ウ DNA 遺伝子型の調査

増幅したDNA は、シーケンサー（ABI PRISM 社製 3100 Genetic Analyzer）を用い Gene Scan モードで分析してDNA の断片長を調べた。

（2）評価

遺伝子座ごとに、プライマーにより増幅されたDNA の断片長（単位：bp）一組を遺伝子型とした。

参考文献

Fukatsu, E., Isoda, K., Hirao, T., Takahashi, M. & Watanabe, A. (2005) Development and characterization of simple sequence repeat DNA markers for *Zelkova serrata*. Molecular Ecology Notes 5 (2), 378-380.