

ケヤキ遺伝資源の特性表について
ー林木育種センター本所に保存しているケヤキ遺伝資源のDNA遺伝子型ー

林木育種センター本所（以下「センター本所」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3年度以降、減少傾向にあるケヤキ遺伝資源を確保するため、関東育種基本区内の天然林等から重点的かつ計画的に収集を行っている。収集した荒穂（小枝）から、つぎ木増殖を行って苗木を養成し、順次、センター本所構内の遺伝資源保存園等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位置付けられており、育種対象樹種等において徐々に調査が始まっている。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、平成17年度に160クローンの調査データを取りまとめて遺伝資源特性表を作成したところである。平成18年度は未調査クローンについて同じ遺伝子座の調査を行い、新たに評価したケヤキ遺伝資源のDNA遺伝子型を特性表に追加した。

1. 特性調査の対象と調査形質

調査は、茨城県日立市にある、センター本所の遺伝資源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、シークエンサー（ABI PRIZM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.