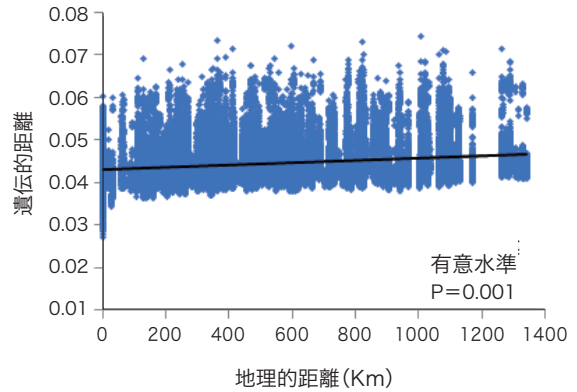
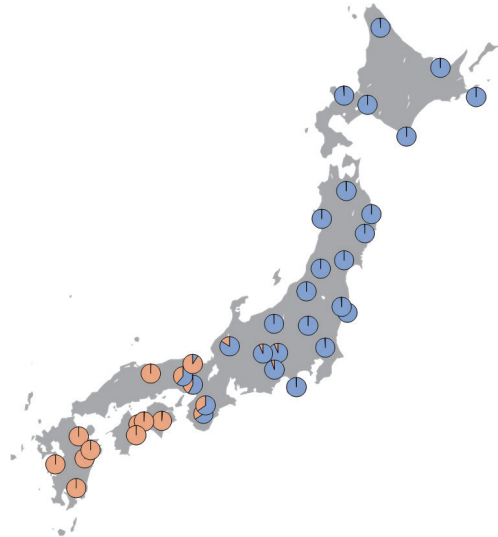


## 持続性の高い緑化のためのノリウツギの遺伝的地域性の検出

渡邊 敬太<sup>\*1</sup>・屋祢下 亮<sup>\*1</sup>・陶山 佳久<sup>\*2</sup>・津村 義彦<sup>\*3</sup>Detecting Genetic Regionality in *Hydrangea paniculata* for Sustainable Greening

Keita WATANABE, Makoto YANESHITA, Yoshihisa SUYAMA and Yoshihiko TSUMURA



ノリウツギの核DNA変異に基づく遺伝子の地域差  
円グラフの位置は採取した集団を示し、円グラフの  
色の違いは核DNAの遺伝子型の違いを示します。

ノリウツギ倍数体(六倍体)で検出された地理的距離と遺  
传的距離の相関  
地理的に近いと遺伝的にも近く、地理的に遠いと遺伝的  
にも遠くなることを示します。

## 研究の目的

植栽地域の遺伝子を持つ緑化植物は「地域性種苗」と呼ばれ、地域固有の遺伝的特徴の保全や、地域の気候に適応した持続性の高い緑化の実現を目的に利用されています。地域性種苗の流通範囲の判別には適応に関わる多くの遺伝子を持つ核DNAの情報が有効ですが、同じ種であっても染色体数が増加した種内倍数性を持つ植物は、似通った核DNAを識別して比較することが困難であることから流通範囲の判別に課題があります。本報では、種内倍数性を持つ地域性種苗の流通範囲の判別を目的に、緑化に多用されるノリウツギ *Hydrangea paniculata* を対象とした遺伝子解析事例について報告します。

## 技術の特長

本技術は似通った核DNA配列を持つことで相同な配列を識別して解析することが困難な種内倍数性を持つ植物に対し、①核DNAの広範囲を効率的に解析するMIG-seq法による塩基配列の決定、②遺伝子型を簡易的にコードする表現型対立遺伝子頻度を使用した解析量の削減、③最尤法を使用した対立遺伝子頻度の補正による解析精度の改善を組み合わせた独自の解析フローを適用することを特徴としています。本解析フローにより、従来では困難であった緑化植物の核DNA解析と、核DNA解析結果を踏まえた地域性種苗の流通範囲の判別が可能になりました。

## 主な結論と今後の展開

ノリウツギの核DNA解析によって、国内のノリウツギには遺伝的に異なる2つのグループが認められ、近畿地方を境界として南西グループと北東グループに分かれることが示されました。南西グループは四倍体と二倍体、北東グループは六倍体に対応し、葉緑体DNAでも緩やかな南北の差が認められました。したがって、地域性種苗を供給するための種子と種苗の移動範囲は、近畿地方を境界として南西エリアと北東エリアに区分することが有効です。両エリア内でも地理的に近い場所から地域性種苗を供給することで、より遺伝的に近縁な種苗を供給することが可能です。今後、様々な緑化植物に適用することで持続性の高い緑化の実現を目指します。

\*1 技術センター 都市基盤技術研究部 空間研究室

\*2 東北大学

\*3 筑波大学