

研究 成 果 報 告 書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB	スギの来た道 ー化石、分布モデル及び分子データからのアプローチー				
研究テーマ (欧文) AZ	To reveal how evolve <i>Cryptomeria japonica</i> using fossil pollen analysis, species distribution modeling and molecular approach				
研究氏 代 表 名 者	カカナ CC	姓)ツムラ	名)ヨシヒコ	研究期間 B	2018 ~ 2020 年
	漢字 CB	津村	義彦	報告年度 YR	2020 年
	ローマ字 CZ	Tsumura	Yoshihiko	研究機関名	筑波大学
研究代表者 CD 所属機関・職名	筑波大学生命環境系・教授				
<p>概要 EA (600 字～800 字程度にまとめてください。)</p> <p>中国にはスギの変種である <i>Cryptomeria japonica</i> var. <i>sinensis</i> が生育していると言われている。このため浙江省、福建省、安徽省、江西省の 4 省から 7 箇所の老齢木の集団を見つけ出し、材料を採取した。採取した老齢木はどれも胸高直径 100cm 以上で数百年以上の樹齢だと考えられた。これらから DNA を抽出して、ゲノム全体を一度に調査できる RAD-seq(Restriction-site Associated DNA sequencing)法を用いて、遺伝的多様性データの取得を行った。その結果、922SNPs の一塩基多型情報が得られ、これらを用いて各集団の遺伝的多様性や中国集団の遺伝構造の解析を行った。その結果、遺伝的多様性は江西省の集団で最も高く、他の 6 集団では低い結果となった。また集団間の遺伝的な違いはこれまでの日本のスギ天然林に比べ大きいものであった。また遺伝的構造を調べるために STRUCTURE 解析を行ったところ、各省の集団はそれぞれ遺伝的に類似したものであった(浙江省 2 集団、福建省 3 集団、安徽省 1 集団、江西省 1 集団)。江西省の集団は遺伝的に大きく異なっていた。</p> <p>中国の老齢林集団と日本のスギ天然林を比較するために日本のスギ天然林の北限と南限集団を含む 6 集団(鰻ヶ沢、河津、芦生、新宮、隠岐の島、屋久島)を中国のスギと同様に解析して比較を行った。その結果、中国のスギは日本のスギに比較すると遺伝的多様性は非常に低かった。また、江西省の集団は日本のスギと遺伝的にかなり近縁で、日本のスギの植栽の可能性が高いことが明らかになった。また中国の遺伝的多様性が低い理由としては種分布モデルと遺伝の結果から氷河期の集団の縮小が原因であると考えられた。また中国のスギ老齢木集団は 4 つの系統に分けることができたが、過去からかなり的人為的な影響を受けていることも明らかとなった。今後はこの 4 系統を保全して行くことが重要である。</p>					
キーワード FA	スギ老齢木	中国	遺伝資源	利用	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}	Effects of the last glacial period on genetic diversity and genetic differentiation in <i>Cryptomeria japonica</i> in East Asia.							
	著者名 ^{GA}	Tsumura Y. et al.	雑誌名 ^{GC}	Tree Genetics & Genomes					
	ページ ^{GF}	論文番号 19	発行年 ^{GE}	2	0	2	0	巻号 ^{GD}	16
雑誌	論文標題 ^{GB}	Population genetic diversity and structure of ancient tree populations of <i>Cryptomeria japonica</i> var. <i>siensis</i> based on RAD-seq data							
	著者名 ^{GA}	Cai M. et al.	雑誌名 ^{GC}	Forests					
	ページ ^{GF}	論文番号 1192	発行年 ^{GE}	2	0	2	0	巻号 ^{GD}	11
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要^{EZ}

Our study is the first to explore the genetic composition of ancient *Cryptomeria* trees across a distribution range in China. *Cryptomeria japonica* var. *sinensis* is a native forest species of China; it is widely planted in the south of the country to create forests and for wood production. Unlike *Cryptomeria* in Japan, genetic Chinese *Cryptomeria* has seldom been studied, although there is ample evidence of its great ecological and economic value. Because of overcutting, natural populations are rare in the wild. In this study, we investigated seven ancient tree populations to explore the genetic composition of Chinese *Cryptomeria* through ddRAD-seq technology. The results reveal a lower genetic variation but higher genetic differentiation ($H_e = 0.150$, $F_{ST} = 0.1204$) than Japanese *Cryptomeria* ($H_e = 0.267$, $F_{ST} = 0.0455$). The 86% within-population variation is based on an analysis of molecular variance (AMOVA). Significant excess heterozygosity was detected in three populations and some outlier loci were found; these were considered to be the consequence of selection or chance. Structure analysis and dendrogram construction divided the seven ancient tree populations into four groups corresponding to the geographical provinces in which the populations are located, but there was no obvious correlation between genetic distance and geographic distance. A demographic history analysis conducted by a Stairway Plot showed that the effective population size of Chinese *Cryptomeria* had experienced a continuing decline from the mid-Pleistocene to the present. Our findings suggest that the strong genetic drift caused by climate fluctuation and intense anthropogenic disturbance together contributed to the current low diversity and structure. Considering the species' unfavorable conservation status, strategies are urgently required to preserve the remaining genetic resources.