

クロマツ植栽地で発生したショウロ子実体間の AFLP 解析に基づく遺传的類縁関係

○富川康之¹⁾, 谷浦千恵美²⁾, 松本晃幸²⁾, 宮崎恵子¹⁾, 古賀美紗都¹⁾
(¹⁾ 島根中山間研セ, ²⁾ 鳥大農)

Genetic relationships of *Rhizopogon roseolus* based on AFLP markers within planting area of
Pinus thunbergii

○Yasuyuki TOMIKAWA¹⁾, Chiemi TANIURA²⁾, Teruyuki MATSUMOTO²⁾, Keiko MIYAZAKI¹⁾
and Misato KOGA¹⁾

(¹⁾ Shimane Pref. Mountainous Region Research Center; ²⁾ Fac. of Agr., Tottori Univ.)

Key words; *Rhizopogon roseolus*, Genetic variation, AFLP analysis

【目的】 ショウロ (*Rhizopogon roseolus*) はマツ科樹木を宿主とする菌根菌で、優秀な食用菌でもあることから栽培化が検討されている。演者らは 2008 年の本大会において、クロマツ移植によるショウロ栽培法に関して報告し、その中で子実体の遺传的類縁関係について予備的な調査結果を紹介した。これに続いて本研究では、供試子実体数を増やして詳細な解析を行い、クロマツ植栽地における本菌の遺传的変異の程度を考察した。

【方法】 2 か所のクロマツ育苗露地畑 (出雲市、松江市) から 2 年生のショウロ感染クロマツを選抜し、それぞれを当センターの構内に植栽した。調査区として出雲由来の 2 か所と松江由来の 3 か所 (面積 2~9 m²) を設け、それぞれ 2~5 年生のクロマツ樹下で発生した子実体を採取し、発生位置を記録した。採取した子実体は合計 3,618 個 (3~4 年間) で、このうちの 133 個を供試材料とし、組織分離菌糸を調製した。AFLP 解析は 3 通りのプライマーペア (EAC/MCA、EAC/MCC、ECA/MCA) により行い、子実体毎の増幅 DNA 断片サイズを比較して、子実体間と調査区間の遺传的距離を推定した。

【結果】 供試した 133 子実体の AFLP 解析により、合計 144 個の DNA 断片が得られ、このうち 114 断片 (79%) は子実体間で異なり、多型に富む結果が示された。断片パターンの比較により遺传的類似度を算出した結果、完全に一致した子実体は延べ 31 個のみで、大半は独特のパターンを示した。また、類似したパターンを示す子実体は比較的近い位置に発生する傾向を示し、同じジェネットから発生したと考えられる子実体は 3 年に及ぶ継続的な発生をほぼ同位置で認めた。一方、各調査区を一つの集団として扱い、UPGMA 法により調査区間の関係を調べたところ、大きく 2 つのクラスターが形成され、それぞれは出雲由来調査区と松江由来調査区で構成された。これらの結果から、本調査区では優先的な栄養生長により拡大しているショウロ系統は認められず、起源に由来した遺传的変異に富む多様なジェネットが分布していると推察された。

