

令和元年6月17日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2016～2018

課題番号：16K07773

研究課題名(和文) 樹木限界集団の実態と存続可能性

研究課題名(英文) The Present Situation and Possibility of Survival of Very Small Tree Populations

研究代表者

齊藤 陽子 (Saito, Yoko)

東京大学・大学院農学生命科学研究科(農学部)・准教授

研究者番号：00302597

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,600,000円

研究成果の概要(和文)：イチイガシとシオジの非常に個体数が少ない集団が、集団を維持できるのかを明らかにすることを目的とした。イチイガシは、1～15個体からなる8集団で種子生産、自殖種子の有無や種子の発芽率を調査した。成木が1個体のみの場合でも、発芽能のある自殖種子を生産している個体があった。2個体以上では自殖はなく他殖種子が生産されていた。しかし、野外では実生が全く見られず、早急な保全対策が必要である。シオジは、北限より北に6個体の集団を確認したが、種子生産がみられず、今後の存続の可能性が危ぶまれる。12個体からなる集団は、発芽実験では発芽しなかったが、実際には集団内で交配した実生があり、存続可能であると考えられた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究では、樹木の存続が危ぶまれるような限界まで小集団化した実際の樹木集団で、野外での繁殖実態や遺伝的多様性を明らかにしたものである。イチイガシについては、自殖種子が発芽可能であり、単木でも集団を存続できる可能性を示した。一方で、調査対象8集団は実生がなく、実際には生育地保全や採種園造成などの対策がなければ地域絶滅につながることを明らかにした。シオジは、北限とされている場所より北の集団を確認した。この集団は結実が見られず、保全のために今後も原因究明のための研究が必要であると考えられた。一方で12個体という小集団でも実生が多数生育する林分があり、比較的少数でも集団が維持される可能性が示唆された。

研究成果の概要(英文)：The objectives of this study are to clarify whether the very small populations of *Quercus gilva* and *Fraxinus platypoda* could maintain the populations. In the case of one *Quercus gilva* individual, no seed was produced or a tree produced self-fertilized seeds with germinability. In the populations with more than 2 individuals, there was no self-fertilization, and outcrossed seed was produced. Therefore no seedling was observed in all populations studied, immediate conservations are required. We were found a *Fraxinus platypoda* population of 6 individuals to the north from northern limit, but no seed was produced. It is doubtful that this marginal population maintains the next generation. The population consisting of 12 individuals is thought to be continued because we found many seedlings in the population.

研究分野：森林分子生態学

キーワード：繁殖 個体群維持 遺伝的多様性 遺伝子流動 内果皮 北限 雌雄異株

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19、CK - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

日本国内において著しく個体数が減少している樹木種の報告は少ない。マツノザイセンチュウによる枯死や人為伐採が原因のヤクタネゴヨウ(金谷 2010)やヒメコマツ(尾崎 2014)、導入種との交雑により在来遺伝子の消失が心配されるオガサワラグワ(谷ら 2008)などである。これらの種は、緊急に保全対策が必要である。一方、地域によっては豊富な個体数が生育しているが、天然分布の北限に隔離して生育している馬ノ神岳のカラマツ(織田 2003)のように場所によっては個体数が著しく少ない種も存在する。このような種は、国レベルのレッドリスト種ではなくとも県レベルでのレッドリスト種である場合もある。しかし、このように地域によっては豊富に生育する種も安全であるとは言い切れない。ある程度の分布域を持つ種の絶滅は一時に起きるのではなく、一つ一つの集団が分断化され、また縮小されて、地域絶滅することが積み重なり、種の絶滅となる。また、同じ種の中でも地域により遺伝的に異なる場合、地域絶滅により、種内の遺伝的多様性が消失する危険性もある。

伊豆および関東地域のイチイガシ 4 集団は全部で数十個体しか存在していないにもかかわらず、葉緑体 DNA ハプロタイプが分布の中心域である九州周辺などとは異なること、さらにそのハプロタイプは祖先的であること(Sugiura et al. 2015)が明らかになっている。このような小集団が失われることは、種内の貴重なハプロタイプが失われ、種の遺伝的多様性が喪失するとともに、種が経てきた進化の過程を解明する鍵を失うことにもつながる。

2. 研究の目的

植物種の絶滅は一時に起きるのではなく、ひとつひとつの集団の分断化、縮小を経て、絶滅する。日本国内における樹木の絶滅はほとんど報告されていないが、地域によっては人為・自然のさまざまな要因により個体数が減少し集団が消滅している種は存在している。地域絶滅は、種の遺伝的多様性の減少をもたらす、種全体の絶滅につながる第一歩である。そこで、本研究は、個体数が非常に少なくなり、集団の存続が危ぶまれる「限界」集団の現状、すなわち種子生産、実生の有無、成木あるいは実生集団の近交度と遺伝的多様性を把握し、どの程度の個体数が次世代を生産するうえで限界なのかを明らかにし、樹木の保全に資することを目的とする。

3. 研究の方法

(1)イチイガシ

調査対象集団の選定と実生調査

文献や聞き取り調査から、イチイガシの分布の東端である千葉県鴨川市の東京大学千葉演習林内で、数本の成木からなる限界集団 5 集団および東京都文京区内の植栽木 2 集団を調査対象集団とした。また、一定程度個体数がある集団として、千葉演習林内の 15 個体の植栽地 1 集団を選定した(表 1)。合計 8 つの集団を踏査し、周辺の実生の有無、および 1 個体の集団では単眼鏡を用いて開花の有無を 2016 年春に確認した。

表 1 調査対象としたイチイガシの小個体群の場所、成木数、実生の有無、回収種子数および発芽率

No	集団名	県	成木数	実生	2016年度		2017年度		2018年度	
					種子数	(発芽率)	種子数	沈殿種子数	種子数	沈殿種子数
1	AS	千葉	1	なし	0	-	-	-	-	-
2	DOI	千葉	1	なし	0	-	7	4	1	0
3	DOII	千葉	2	なし	0	-	11	8	9	2
4	FD	千葉	6	なし	52 (0.135)		-	-	26	9
5	MS	千葉	2	なし	0	-	74	43	25	4
6	OM	千葉	15	なし	46 (0.065)		54	28	62	31
7	SN	東京	3	なし	-		232	216	9	7
8	KO	東京	1	なし	31 (0.097)		39	38	0	-

材料と堅果発芽率の測定

集団内の採取可能な成木の葉を採取した。また、調査地において、毎年 9 月から 12 月の間に落下した堅果を回収した。4 で保管した後、48 時間水浸した。その後、25 一定暗黒下で発芽実験を行った。ただし、2016 年度は保管中に冷蔵庫の故障により庫内の温度が上昇したため、庫内で自然に発芽したものの個数をカウントした。

遺伝子流動と遺伝的多様性

a. 遺伝解析

成木の葉および発芽種子の根または葉から DNesy Plant Mini Kit(QIAGEN)を用いて抽出した。集団 DOI,FD,MS,SN は堅果の内果皮からも DNA を抽出し母樹の特定を試みた。核 SSR マーカー 11 座(QM01, QM03, QM04, KQ141(Ueno et al. 2008), QA57(Lee et al. 2006), Qgn02, Qgn04, Qgn10, Qgn13, Qgn14(杉浦ら未発表))を用いて Multiplex PCR を行った。この際、Forward Primer に蛍光で標識したプライマーを使用した。PCR 反応液は Type-it Microsatellite PCR Kit (QIAGEN)を用い、提供されたプロトコルに準じた。得られた PCR 産物は Applied Biosystems (ABI) 3130xl Genetic Analyzer を用いて解析し、Gene Mapper ver.4.1 (ABI) を使用して増幅断片長を読み取り遺伝子型を決定した。

b. データ解析

・母樹の同定：内果皮の遺伝子型と完全に一致する成木を、その堅果の母樹として同定した。

母樹を特定した堅果については、芽生えが自殖由来か他殖由来かを単純排斥法により推定した。
 ・遺伝的多様性：各集団の発芽個体の遺伝的多様性を表す指標として、アレリックリッチネス (A)、ヘテロ接合度の期待値 (H_E)、近交係数 (F_{IS}) を FSTAT ver.2.9.3.2 (Goudet 2001) を用いて算出した。

(2) シオジ

調査対象集団

- 小集団の交配：文献や聞き取り調査から栃木県佐野市および鹿沼市、静岡県伊豆市、分布の中心の埼玉県秩父山地周辺を踏査し、周辺集団から 100m から数 10km 離れている小集団を確認し、実生の有無を観察した(表 2)。また、単眼鏡により開花の有無を確認した。
- 隔離小集団の遺伝的な位置づけと多様性：上記、小集団のうち隔離された 3 集団が遺伝的にどのような位置づけにあるのかを、分布の中心である秩父集団と比較するため、秩父山地周辺の 10 集団を対象とした。
- 河川沿いおよび斜面の個体間の遺伝子流動：上記、小集団の交配結果より、シオジが非常に広範囲に遺伝子流動を行っている可能性が示唆された。そこでシオジの広範囲の遺伝子流動の実態を把握するため、東京大学秩父演習林内の入川沿い約 3km の範囲に生育する個体および入川に面した谷壁斜面の 3 集団を対象とした。

表 2 調査対象としたシオジの小個体群の場所、成木数、実生の有無、回収種子数および 2017 年度の有胚率、発芽率

No	集団名	県	成木数	実生	2016年度	2017年度			2018年度
					種子数	種子数	有胚率	発芽率	種子数
1	KN	埼玉	>100	あり	65	1125	0.453	0.331	20
2	KT	埼玉	7	なし	18	-	-	-	-
3	MN	埼玉	4	なし	54	-	-	-	-
4	KG	栃木	6	なし	-	0	-	-	-
5	AY	栃木	12	あり	-	230	0.461	0.000	36
6	AM	静岡	5	若木のみ	-	-	-	-	-
7	AMK	静岡	1	なし	-	-	-	-	-

発芽率は有胚種子に対する発芽種子の割合である。

材料

a. 小集団の交配

2016 年は 4 集団で、2017 年は 2 集団、2018 年には 3 集団で 1~4 か月間シードトラップを設置して種子を回収した。全集団で成木の葉を、集団 KG では実生の葉を採取した。種子の遺伝解析の材料としては、集団 KT、MN の 2016 年の種子を用いた。

b. 隔離小集団の遺伝的な位置づけ

上記集団 KG、AY、AM および秩父山地周辺の 10 集団として番匠(未発表)のシオジ DNA を用いた。

c. 渓流沿いおよび斜面の個体間の遺伝子流動

入川沿い約 3km の範囲に生育するシオジ成木 348 個体の葉を採取し、位置図を作成した(図 1)。また、入川に面した谷壁斜面に生育するシオジ 3 集団 78 個体の葉を採取し位置を測定した。

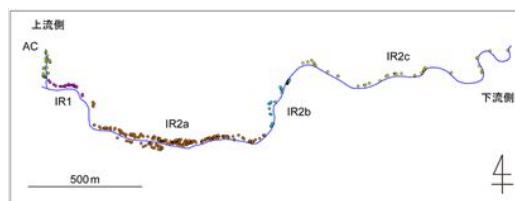


図 1 入川流域のシオジ個体位置図

発芽率と有胚率

2017 年に回収した種子は、4 で保管した後、翼を取り除き、種子および虫食いの有無、しいなの確認をした。種子を 48 時間水浸した後、25 一定暗黒下で約 1 か月間発芽実験を行った。

集団の遺伝的位置づけ、遺伝子流動と遺伝的多様性

a. マーカー開発

番匠(未発表)が次世代シーケンサーでの解析により得た DNA データを基に、15 組のマイクロサテライト座を増幅するプライマーセットを設計した。これらの増幅、多型性を確認し、利用可能か検討した。

b. 遺伝解析

DNA は葉および胚から DNesy Plant Mini Kit(QIAGEN)を用いて抽出した。上記開発した 4 座を既存の 10 座に加えた核 SSR マーカー 14 座(fm04(Goto unpublished), 1.19(Brachet et al. 1999), 1254, 1447, 7016, 8721(小西 未発表), 2160, 2171, 8760, 8926(番匠 未発表))を用いて Multiplex PCR を行った。この際、Forward Primer に蛍光で標識したプライマーを使用した。PCR 反応液は Type-it Microsatellite PCR Kit (QIAGEN) を用い、提供されたプロトコルに準じた。得られた PCR 産物は Applied Biosystems (ABI) 3130xl Genetic Analyzer を用いて解析し、Gene Mapper ver.4.1 (ABI) を使用して増幅断片長を読み取り遺伝子型を決定した。

c. データ解析

集団 KT、MN の 2016 年の種子、および集団 AY の実生の花粉親推定のため、CERVUS 3.0.7 (Kalinowski et al. 2007) を用いた。集団 KG、AY、AM の遺伝的な位置づけを明らかにするため、STRUCTURE 2.3.4 (Pritchard et al. 2000; Falush et al. 2003)を用いて遺伝的クラスタリン

グを行った。各集団の遺伝的多様性を表す指標として、アレリックリッチネス(A)、ヘテロ接合度の期待値(H_E)、近交係数(F_{IS})を FSTAT ver.2.9.3.2 (Goudet 2001)を用いて算出した。また、入川沿いの個体について、Coancestry (Wang 2011)を用いて、全個体間の血縁度を計算した。さらに、入川沿いの個体と谷壁斜面の個体との間の親子関係を COLONY 2 version 2.0.6.2 (Jones and Wang 2010; Wang 2016)を用いて推定した。

4. 研究成果

(1) イチイガシ

調査対象集団の実生の有無および単木の開花
2016年春に踏査した結果、8つの集団全てで林床に生育する実生は観察されなかった。また、全ての単木で開花が確認されたが、集団 AS は他の近隣集団より開花時期が1か月程度遅く、落下種子を得られなかった。他の単木は、開花および結実が確認された。

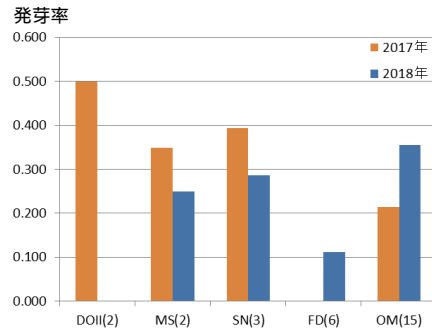


図2 イチイガシの個体群の発芽率。()内は成木数

堅果の発芽率

回収された堅果は2016年3集団139個、2017年6集団417個、2018年6集団132個であった。そのうち、発芽実験に供試できたものは2017年337個、2018年53個であった(表1)。発芽実験の結果を図2に示した。発芽率は、0%~50%で、個体数が多い集団が必ずしも発芽率が高いわけではなかった。

発芽個体の母樹の推定、近交度および遺伝的多様性

単木集団の堅果として2016年の集団 KO で発芽個体が3個体得られた。またそれらは、遺伝解析の結果、自殖種子であると推定された。

また、他の集団で母樹が特定された個体数および実生の遺伝的多様性は表3のとおりである。母樹が特定された堅果は全て他殖由来であった。また、遺伝的多様性は母樹数が多いほど高い傾向にあったが、 F_{IS} はいずれの集団でも低く、集団 MS, SN では有意に0より小さかった。

表3 イチイガシ個体群の自殖堅果の数と実生の遺伝的多様性

No	集団名	成木数	供試堅果数	母樹同定堅果数	自殖個体	実生		
						A	H_E	F_{IS}
1	AS	1	-	-	-	-	-	-
2	DOI	1	-	-	-	-	-	-
3	DOI	2	3	3	0	2.370	0.561	-0.297
4	FD	6	8	8	0	2.796	0.636	0.156
5	MS	2	14	11	0	2.217	0.499	-0.219 *
6	OM	15	-	-	-	-	-	-
7	SN	3	34	-	-	2.636	0.548	-0.198 *
8	KO	1	3	3	3	-	-	-

*は有意に0より小さい ($p < 0.05$)

以上、イチイガシは単木集団であっても、自殖で発芽可能な堅果を生産することが示された。しかし、自殖種子からの実生は、成長の過程で問題が生じる可能性があるため、今後は、実生の成長の調査などが必要である。また、2個体以上あれば他殖の堅果が生産され、種子生産自体には問題がないが、実生集団の遺伝的多様性は低いことが明らかになった。一方で、個体数が多い集団も含めて調査対象集団の周囲に実生が生育しておらず、野外では実生の生育環境に課題がある可能性がある。したがって、イチイガシの限界集団は現在危機的な状況にあり、保全のためには、実生の生育条件などについての研究が必要であるといえる。また、次々世代の遺伝的多様性を維持し、個体群の消滅を防ぐために、地域内で回収した堅果を1か所で育成して採種圃を造成することが望ましい。

(2) シオジ

調査対象集団および実生の有無および開花、結実

踏査により確認した集団のうち、栃木県立博物館に情報提供いただいた鹿沼市の集団 KG は、これまで報告されているシオジの北限よりも北にあった。生育している6個体がシオジであることは、遺伝解析により確認できた。各集団の実生の有無を表2に示した。集団 AY では、シオジ林の対岸のスギ人工林内に実生が生育していた。また、開花は、集団 AMK 以外で確認できた。集団 KG は、周辺に実生がなく、種子の生産も見られない。これはシオジは雌雄異株であり、集団 KG は雌雄に偏りがある可能性があると考え、2017年度、単眼鏡を用いて花を確認したが、雌雄の識別ができなかった。また、トイドローンを用いて観察を試みたが、渓流沿いの風により落下した。今後は、より重量があり安定したドローンを利用するか、ツリークライミングなどで樹冠を直接観察する必要がある。

マーカー開発

設計した15座のプライマーセットのう

表4 本研究で新規に開発したシオジマイクロサテライトマーカーのプライマーセット

Locus	Reference	Repeat Motif	Sequence 5'-3'	アニーリング温度
1545	新規開発	(GA) _n	F : ATA GAC TGA AAA TCA TAC AA	44°C
			R : CAA GTC AAT TCT CTC TCT	
3035	新規開発	(GTCTTC) _n	F : TGC AAA ATG TTA CGC TTC GT	60°C
			R : CGT TCC AAA CCC AAG TTG TT	
4407	新規開発	(TTA) _n	F : CAT OGC CGG TAA TTG ATT CT	60°C
			R : AAT TTA ACC AAT CAC TCA TAA TTT CA	
4917	新規開発	(TTA) _n	F : AGT ACA AAA TTA CTG GAT TA	44°C
			R : ACC AGA AAA GTG AAA AA	

ち、すべてのセットで増幅が確認された。次いで M13 tail ed プライマーを用いてマーカーとしての利用可能性を判定したところ、5 組にヌルアリアルマーカーが存在し、6 組が波形に超多型が見られ増幅断片長の判読が困難であるためマーカーとして不適であり、残りの 4 組が利用可能であると判断された。使用可能なプライマーセットの塩基配列を表 4 に示した。

小集団の交配

集団 KT および MN の種子の花粉親を推定したところ、同一集団内では見つからなかった。また、集団 MN の 2 個体については、花粉親は 400m ~ 600m 上流の個体であった。このことから、シオジは河川沿いに長距離の花粉流動が起こっている可能性が示唆された。一方、集団 AY は解析できた 24 個体の実生は全て集団内に両親と推定される個体があった。

隔離小集団の遺伝的位置づけと多様性

秩父山地 10 集団と隔離小集団 KG, AY, AM の STRUCTURE 解析の結果を図 3 に示した。この結果から、13 集団は明瞭に分化していないが、集団 AY がやや遺伝的に異なっていると考えられる。また、遺伝的多様性については、小集団の集団 KG, AY, AM は対象とした秩父山地周辺の集団と比較して明らかに低い(表 5)。一方で、近交係数は 0 から有意にはずれておらず、任意交配により成立した集団であると考えられる。

発芽率と有胚率

成木が多数ある集団 KN と 12 個体のみの集団 AY の 2017 年度の有胚率および発芽率を表 2 に示した。有胚率はどちらも同じ程度であるが、集団 AY で発芽が見られなかった。このことから、小集団での繁殖に何らかの問題が生じていることが示唆される。一方で、集団 AY は現地に実生や若木が見られることから、発芽が見られなかったことは、実験的な問題であることも否定できない。

渓流沿いおよび斜面の個体間の遺伝子流動

入川沿いの個体間の遺伝的關係を図 4 に示した。この図から、全兄弟ペアは距離的に近いところにしか存在しないが、親子や半兄弟ペアは非常に長い距離でも少数確認されることがわかる。したがって、シオジの河川沿いの遺伝子流動は非常に広範囲であることが明らかになった。また、図 5 に入川沿いの個体と谷壁斜面の個体の親子ペアの關係を示した。この図から、河川沿いのみならず河川から斜面へと遺伝子流動が起こっていることが分かる。

以上のことから、シオジは渓流沿いおよび渓流と谷壁斜面間で活発な遺伝子流動が起こっており、本研究で限界集団といえるのは、集団 KG, AY, AM の 3 集団であった。これらはいずれも遺伝的多様性が低かったが、現在小集団化しているためか、分布の端にあるため歴史的分布変遷のためかは定かでない。集団 KG は遺伝的には秩父山地の集団と明確な分化はしていないが、これまで報告されていた北限よりも北にあるため保全価値の高い集団であると考えられる。しかし、実生や種子が見られず、今後の存続が危ぶまれる。雌雄の同定など種子が生産されない要因の特定が必要である。また、遺伝的に他の集団と異なると考えられる集団 AY は、種子生産や実生が見られることから、直近の保全の問題は大きくないと考えられる。しかし、有胚率に対して発芽率が低いこと、民有地であり保全の法的担保がない、という問題点がある。また、集団 AM も調査期間中に種子が見られなかったことから、今後引き続きモニタリングしていく必要がある。

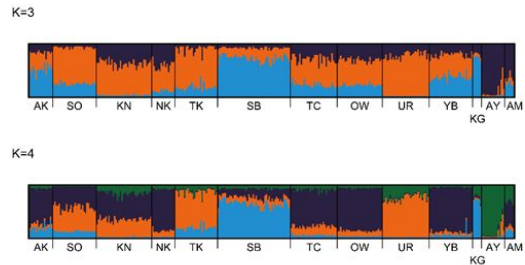


図 3 核 SSR データに基づく STRUCTURE を用いたシオジ 13 集団の遺伝的クラスタリング

表 5 本研究で新規に開発したシオジマイクロサテライトマーカーのプライマーセット

No	集団名	県	A	H _E	F _{IS}
1	AK	埼玉	3.956	0.572	0.141 *
	SO	埼玉	3.520	0.525	-0.064
	KN	埼玉	3.507	0.555	0.112
	NK	埼玉	3.621	0.575	0.061
	TK	埼玉	3.560	0.587	-0.079
	SB	埼玉	3.609	0.552	0.029
	TC	埼玉	3.642	0.554	-0.007
4	OW	埼玉	3.796	0.568	0.014
	UR	埼玉	3.351	0.551	0.067
	YB	埼玉	3.727	0.560	0.107
5	KG	栃木	2.357	0.438	0.158
6	AY	栃木	2.765	0.443	-0.038
6	AM	静岡	2.714	0.399	-0.194

*は有意に 0 より大きい (p<0.05)

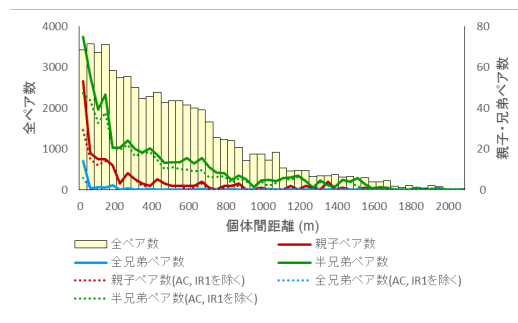


図 4 渓流沿いに生育するシオジ個体の 40 m 間隔の距離階級における血縁ペア数

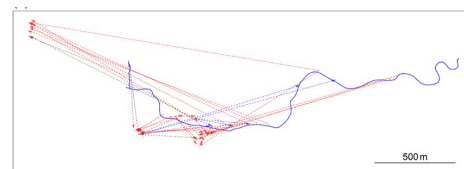


図 5 渓流沿いシオジ林と谷壁斜面集団との間および互いに異なる谷壁斜面集団間の親子ペアの位置關係 赤線は渓流から斜面へ、青は斜面から渓流へ、緑は谷壁斜面同士の遺伝子流動

<引用文献>

Brachet S, Jubier MF, Richard M, Jung-Muller B, Frascaria-Lacoste N (1999) Rapid identification of microsatellite loci using 5' anchored PRC in the common ash *Fraxinus excelsior*. *Molecular ecology*, 8, 160–163.

Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2003) Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, 164, 1567–1587.

Jones OR, Wang J (2010) COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources*, 10, 551–555.

Kalinowski ST, Taper ML, Marshall TC (2007) Revising how the computer program cervus accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology*, 16, 1099–1106.

金谷整一(2010)ヤクタネゴヨウの衰退と保全. *森林科学* 60:34-37.

織田春紀(2003)北限の馬ノ神岳カラマツ. *森林科学* 38:52-58.

尾崎煙雄(2014)房総の絶滅危惧ヒメコマツ個体群の現状と保全の試み. *日本植物分類学会誌* 14: 9-18.

Lee, Y. J., Hwang, S. Y., Ho, K. C., Lin, T. P. (2006). Source populations of *Quercus glauca* in the last glacial age in Taiwan revealed by nuclear microsatellite markers. *Journal of Heredity*, 97(3), 261-269.

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945–959.

Sugiura, N., Tang, D.Q., Kurokuchi, H., Saito, Y., Ide, Y. (2015) Genetic structure of *Quercus gilva* Blume in Japan revealed by chloroplast DNA sequences. *Botany*. 93(12):873-880.

谷直樹ら(2008)小笠原諸島における絶滅危惧種オガサワラグワ *Morus boninensis* Koidz.の保全遺伝学と保全計画の立案. *生物科学* 59(3), 157-163.

Ueno, S., Tsumura, Y. (2008a). Development of ten microsatellite markers for *Quercus mongolica* var. *crispula* by database mining. *Conservation Genetics*, 9, 1083-1085.

Wang J (2011) Coancestry: A program for simulating, estimating and analysing relatedness and inbreeding coefficients. *Molecular Ecology Resources*, 11, 141–145.

Wang J (2016) Individual identification from genetic marker data: Developments and accuracy comparisons of methods. *Molecular Ecology Resources*, 16, 163–175.

5 . 主な発表論文等

[学会発表](計2件)

小西雄大・齊藤陽子・井出雄二 (2017) V字谷の谷底および谷壁に生育するシオジ (*Fraxinus spaethiana*) の遺伝構造. 第128回日本森林学会大会 P1-197

小西雄大・齊藤陽子・井出雄二 (2018) シオジ (*Fraxinus spaethiana*) の遺伝子流動に溪流沿いの個体が果たす役割. 第129回日本森林学会大会 P1-067

6 . 研究組織

(1)研究分担者

研究分担者氏名：井出 雄二

ローマ字氏名：IDE, Yuji

所属研究機関名：東京大学

部局名：大学院農学生命科学研究科

職名：名誉教授

研究者番号(8桁)：90213024

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。