英文要旨以外の様式は、sample1または2に従う

論　文

マツノザイセンチュウゲノムの多型性評価に向けた

マイクロサテライト領域の探索\*1

久島涼弥\*2・田村美帆\*3・松永孝治\*4・渡辺敦史\*3

\*1 Kushima, R., Tanura, M., Matsunaga, K and Watanabe, A. : Search for microsatellites to evaluate polymorphism in the genome of pinewood nematode.

\*2 九州大学大学院生物資源環境科学府Grad. Sch. Biores. And Bioenvir. Sci., Kyushu Univ., Fukuoka, 819-0395, Japan

\*3 九州大学大学院農学研究院　Fac. of Agric., Kyushu Univ., Fukuoka, 812-8581, Japan

\*4 森林総合研究所林木育種センター九州育種場　Kyushu Regional Breed. Office, Forest Breed. Ctr., For. & Forest Prod. Res. Inst., Koshi, Kumamoto 861-1102, Japan

責任（連絡）著者：渡辺敦史　E-mail：

久島涼弥・田村美帆・松永孝治・渡辺敦史：マツノザイセンチュウゲノムの多型性評価に向けたマイクロサテライト領域の探索　九州森林研究　75：？-？, 2021　公表されているマツノザイセンチュウゲノムから2塩基モチーフでは10回以上、3塩基モチーフでは6回以上の繰り返しを示すperfect repeat型のマイクロサテライト領域をスクリーニングした。全国各地で採集した12のマツノザイセンチュウアイソレイトは遺伝的背景の異なる個体で構成されることから、多数の対立遺伝子を持つと期待されたが、既往の研究同様に必ずしも高い多型性は示さなかった。ゲノム情報に基づくと各染色体に座乗するマーカー数は7〜17マーカーであった。さらに、既往の研究で報告されているマイクロサテライトマーカーとの重複を確認した結果、5マーカーが重複しており、最終的に53マイクロサテライトマーカーを新たに開発できた。これらのマーカーは病原力の異なるアイソレイトの近交系株のゲノムの均一性評価に利用できると考えられる。

キーワード：マツノザイセンチュウ，マイクロサテライト，多型性

Kushima, R., Tanura, M., Matsunaga, K and Watanabe, A. Kyushu J. For. Res. 75 : ? - ?, 2021

Microsatellite regions with perfect repeats, >10 repeats for dinucleotide motifs and >6 repeats for trinucleotide motifs, were screened based on published genomes of *Bursaphelenchus xylophilus*, pinewood nematode (PWN). Since PWN isolates are composed of individuals with different genetic backgrounds, large number of alleles were expected to be detected, but as in previous studies, high polymorphism was not shown. The number of markers loci per chromosome showed 7-17 markers. In addition, we checked for overlap with microsatellite markers reported in previous studies and found that five markers from previous studies overlapped, resulting in a final total of 53 new microsatellite markers. These microsatellite markers could be used to evaluate the inbred line of PWN isolates with different virulence.

Keywards：pine wood nematode, microsatellite, polymorphism

I**．はじめに**

2011年にマツノザイセンチュウ（*Bursaphelenchus xylophilus* : pine wood nematode、以下PWN）のドラフトゲノム（Kikuchi *et al.*, 2011）が解読されて以降、マツ材線虫病の病原性解明に向けて分子生物学的技術が盛んに用いられるようになった。しかし、マツ材線虫病研究でこれまで用いられてきたほとんどのアイソレイトは遺伝的に異なる個体の集合であり、アイソレイト内の個体間でも病原力の強弱にばらつきがあることが報告されている（Shinya *et al.*, 2012）。ゲノムと形質を関連づけるためにはモデル生物のような明確で高度に均一な遺伝子型を持つ生物材料を利用することが望ましい（Taketo *et al.*, 1991）。したがって、病原性解明に向けて均一なゲノムを持ったPWN近交系株の構築が必須となる。

雌雄異体であるPWNではゲノムを均一にする手法には、1ペアの雌雄を繰り返し交配させる手法と2〜数頭程度の少数個体群を用いてボトルネックを生じさせ、遺伝的浮動により固定する手法が考えられる。既往の研究（Shinya *et al.*, 2012）では、前者の手法