【会員だより】

タケの開花と育種についての一考

久本　洋子

大学、大学院とタケ類の開花に関する研究をしてきた。タケ類はタケノコで栄養繁殖するクローン植物で、数十年に一度の周期で一斉に開花・枯死するという特異な生活史を持っている。私は、どのようなメカニズムでタケが数十年という長期の時間軸で開花時期を認識しているのか、という疑問を解明したいと思って研究を続けている。ありがたいことに、現在所属している東京大学千葉演習林には 1934 年から 300 年計画で設置されたモウソウチクの開花年限試験地があり、現在もタケの開花研究に関わることができている。しかしこの試験地の竹林は 67 年周期で開花すると予想されていて、次の開花は 2064 年と推測されているので、その頃には私はおばあさんになってしまっているだろう（ぜひこの目で見てみたいものだけれど）。このように、タケの開花を研究対象にしていると材料に巡り合うのも運次第である。ところが、大変幸運なことに、ここ数年全国的にハチクの開花が確認されているのである（図 -1）。例えば、香川県、静岡県、埼玉県、千葉県等々で報告がされていて、地方新聞で取り上げられたりしている。ハチクは過去の文献での開花記録から 120 年周期で開花すると言われていて、次に咲くのは平成 30 年頃と一部の研究者によって予想されていたが、まさに予想どおり開花し始めたのである（渡邊 2007）。この機会を逃さずに研究材料を得て、面白い研究ができればと思っている。

さて、遺伝育種の観点からタケ類を眺めてみたい。タケ類は古くから人の生活に密着した植物である。タケノコを食するだけでなく、稈は竹細工などの日用品であったり、東南アジアや熱帯地域では建築資材としても利用されてきた。このようにタケ類は有用植物でありながら、品種改良や選抜育種がほとんどされてこなかった特殊な植物である。その理由は、先ほど述べたとおり開花が稀なため、人工交配が困難であったり種子を得ることができない点、また、有性繁殖の代わりに容易に地下茎で栄養繁殖する点などと思われる。例えば、日本にはモウソウチクが全国的に分布しているが、その大半は鹿児島県に中国から移入されたクローンが株分けによって広まったとされている（Isagi et al. 2016）。葉や稈に斑が入った園芸品種は見た目の美しさから造園等で使用されているが、これらも地下茎で増やされている。しかし、近年は中国などでタケ類のゲノムワイドな研究が多数報告されている。今後研究が進めば、より短い間隔で開花するタケが作出されるようになるのかもしれない。

図−1　2017 年 6 月埼玉県荒川上流にて確認したハチクの一斉開花の様子

引用文献

渡邊政俊（2007）藪医者と竹の開花 . 竹 102: 11–13

Isagi Y, Oda T, Fukushima K, Lian C, Yokogawa M, Kaneko S. (2016) Predominance of a single clone of the most widely distributed bamboo species *Phyllostachys edulis* in East Asia. Journal of Plant Research 129: 21–27

（ひさもと ようこ、東京大学大学院農学生命科学研究科附属演習林千葉演習林）

共同研究、お気軽にご相談ください

内山　憲太郎

現在森林総合研究所、樹木遺伝研究室にて樹木の様々な形態形質の遺伝的基盤を明らかにすることを目的に研究を進めている。と書くとまるで作物の研究のようだが、振り返ってみるとそのような研究が樹木でもで

きるようになったのはここ5､6年のことである。その間、スギを対象としたゲノム研究のポスドクとして大規模予算の元でDNAシークエンス技術の革新の現場に立ち会うことができたのは幸運であった。当時は1,000座のゲノムワイドなDNAマーカーの遺伝子型を取得するために1,000万円以上の予算が必要であった。それが現在では30万円あればゲノムサイズの小さな樹種ならばほぼ問題なく、ゲノムサイズが大きい針葉樹でも少し工夫すれば100個体、1,000座以上の遺伝子型があっという間に取得できるのである。このコストならば事実上誰でもゲノムワイドなDNA情報にアクセスできるようになったと言って良いだろう。私が博士課程に在籍していた10年前、20座のマイクロサテライトマーカーを揃えるだけで大仕事であったことを思うと隔世の感がある。ゲノムワイドなDNAマーカーを手にした今、系統解析、個体群動態解析、種分化遺伝子の探索、環境適応のゲノム基盤の解明、アソシエーション解析、マーカー育種などなど、これまでアイデアはあっても実行できなかった様々な研究が可能となった。一方でこのようなゲノム情報の充実は分野を超えた共同研究も促進している。なぜならば様々な生理形態形質を自分たちのみで測定することは不可能であるからである。ヘテロな環境に生育している樹木を対象に、多検体の形質情報を高精度に取得することはまだまだ挑戦的な課題であるが、その先に見えてくるであろう樹木の環境応答や進化のメカニズムの解明を思うと、実に恵まれた時代に立ち会っていることを実感している。末筆ながら、現在まで研究生活を継続してこられたのは、折々に触れての諸先輩方の叱咤激励のお言葉のおかげである。この場をお借りしてお礼申し上げる。

（うちやま けんたろう、森林総合研究所樹木分子遺伝研究領域）