

方法（DNA分析とデータ解析）

分析対象

- 東京都タブノキ種子源候補16個体（浜離宮11、奥多摩2、大島3個体）
- 全国17地域のタブノキ天然分布サンプル計122個体
秋田・岩手・福島・新潟・石川・茨城（日立）・茨城（鉾田）・千葉・
神奈川・静岡・島根・和歌山・高知・福岡・沖縄（以上、各8個体）・
東京・埼玉（以上各1個体）。
- これらのうち、十分な量のデータを取得できた計134あるいは131個体をデータ解析に使用した。

DNA分析

- 次世代シーケンサーを用いたゲノムワイドDNA多型解析（MIG-seq
法：Suyama & Matsuki 2015）

データ解析に使用したソフトウェア

- 多型情報（1塩基多型：SNP）の抽出
：Stacks 1.47 (Catchen et al. 2011)
- 個体間の遺伝的まとまりの解析（PCA）およびアサイメント・テスト
：GenoDive 2.0b27 (Meirmans & Van Tienderen, 2004)
- 遺伝的集団構造解析（アドミクスチャー解析）
：ADMIXTURE 1.3 (Alexander et al. 2009)

主成分分析

転載不可

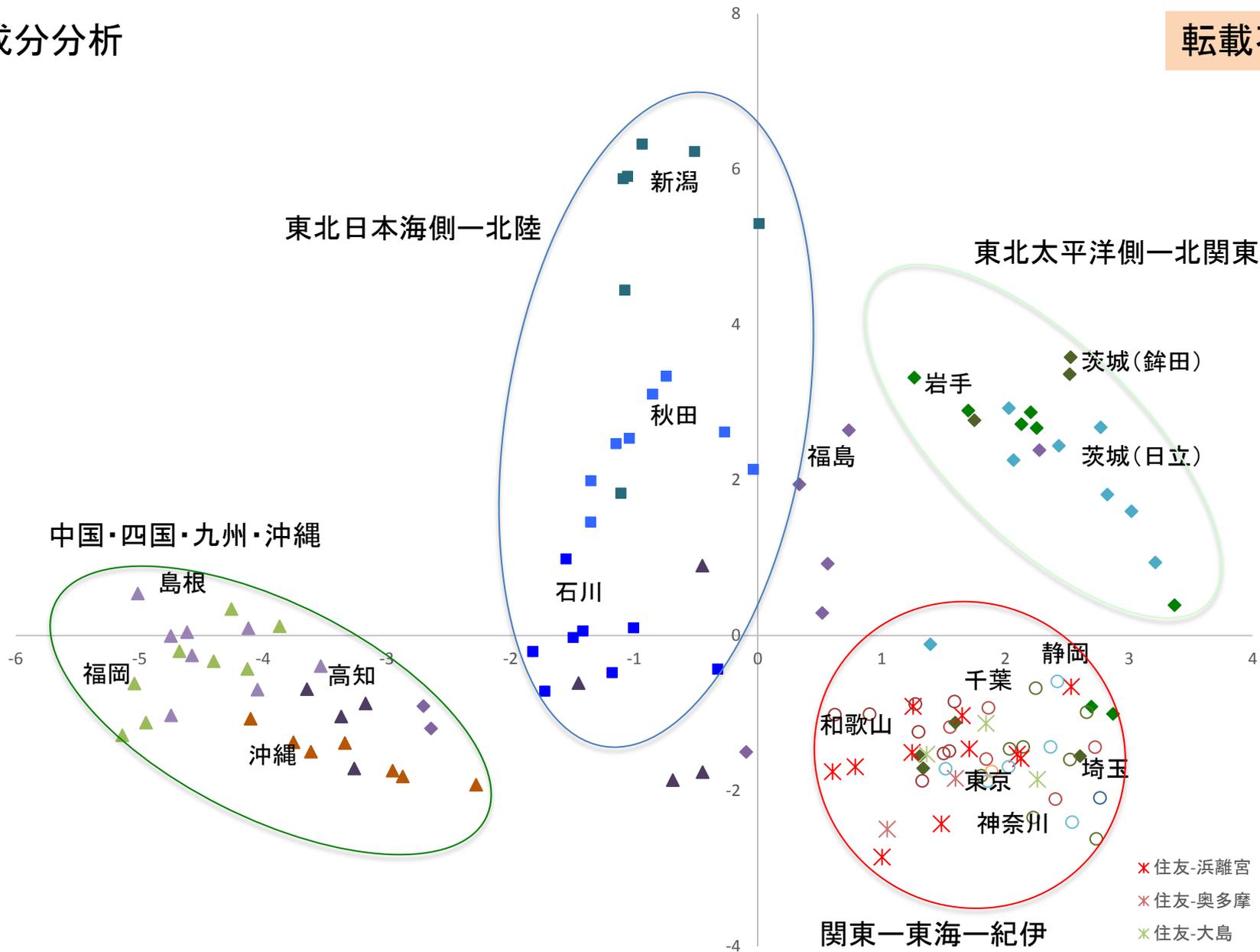


図1 東京都タブノキ種子源候補16個体（浜離宮11、奥多摩2、大島3個体）および全国17地域 of タブノキ天然分布サンプル115個体を用いたゲノムワイドDNA分析（MIG-seq法）により得られた733のSNP情報をもとに、主成分分析により2次元平面上に配置した主要2軸上の各個体の遺伝的関係。→候補木はいずれも地域在来系統であると考えられる。

遺伝的集団構造解析 (アドミクスチャー解析)

転載不可

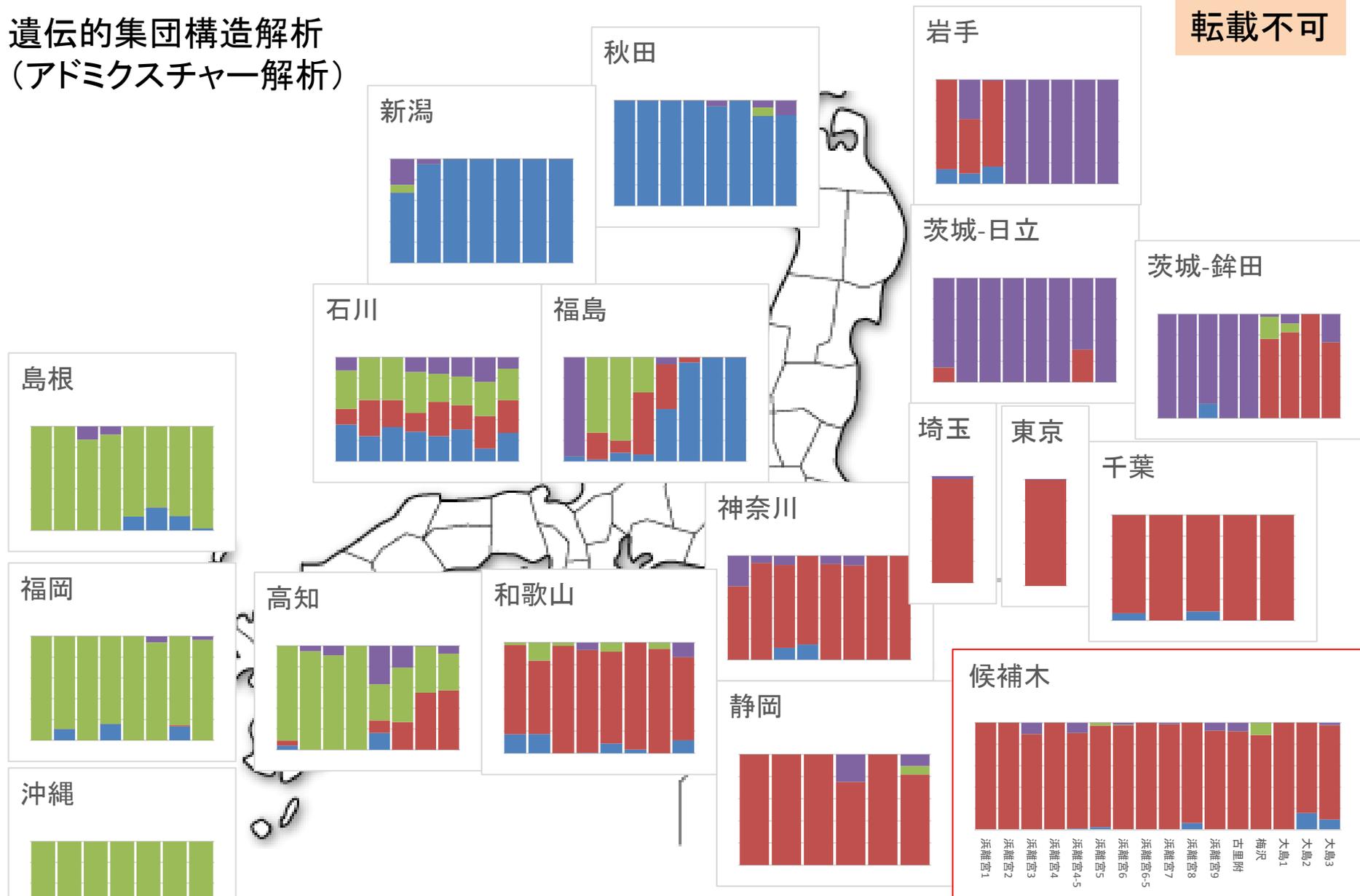


図2 東京都タブノキ種子源候補16個体（浜離宮11、奥多摩2、大島3個体）および全国17地域のタブノキ天然分布サンプル118個体を用いたゲノムワイドDNA分析（MIG-seq法）により得られた733のSNP情報をもとに、遺伝的集団構造解析（アドミクスチャー解析）により最尤であった4つの遺伝的要素（クラスター）が各個体内に占める割合。→候補木はいずれも地域在来系統であると考えられる。

アサイメント・テスト (各個体の起源集団の推定)

表1 東京都タブノキ種子源候補16個体（浜離宮11、奥多摩2、大島3個体）および全国17地域のタブノキ天然分布サンプル115個体を用いたゲノムワイドDNA分析（MIG-seq法）により得られた733のSNP情報をもとに、アサインメント・テストにより推定された各個体の起源集団の上位5集団（東京集団は候補木16個体と東京で採取された1個体を合わせたもの）。

→候補木はいずれも地域在来系統であると考えられる。

順位	浜離宮 1	浜離宮 2	浜離宮 3	浜離宮 4	浜離宮 4-5	浜離宮 5	浜離宮 6	浜離宮 6-5	浜離宮 7	浜離宮 8	浜離宮 9	古里附	梅沢	大島1	大島2	大島3
第1位	東京	東京	東京	東京	東京	東京	東京	東京	東京	東京	東京	東京	東京	東京	東京	東京
第2位	茨城	和歌山	茨城	千葉	神奈川	神奈川	福島	神奈川	神奈川	神奈川	神奈川	静岡	神奈川	神奈川	神奈川	静岡
第3位	静岡	静岡	千葉	神奈川	茨城	石川	石川	茨城	茨城	茨城	静岡	茨城	福島	静岡	福島	神奈川
第4位	神奈川	千葉	静岡	福島	石川	福島	茨城	和歌山	和歌山	福島	茨城	神奈川	静岡	茨城	和歌山	茨城
第5位	福島	神奈川	神奈川	静岡	福島	茨城	神奈川	福島	福島	和歌山	福島	和歌山	茨城	千葉	静岡	和歌山