

【話 題】

アメリカで開催された国際会議 (IUFRO Tree Biotechnology 2013) の概要

小長谷 賢一^{*,1}

はじめに

2013年5月26日から6月1日の7日間にわたり、アメリカ合衆国ノースカロライナ州のアッシュビルにある Renaissance Hotel において国際会議“Tree Biotechnology 2013”が 開催された (写真-1、2)。当会議は IUFRO (国際森林研究機関連合) が 1985 年より 2 年に一度開催している会議で IUFRO 専門調査委員会 2.04.06-林木の分子生物学の公式会議である。樹木の遺伝学、ゲノミクス、バイオテクノロジー研究等の新たな知見やアイデアについて討論される。第 16 回目となる今回は、“Forest Biotechnology: Meeting the Needs of a Changing World”をテーマに掲げ、気候変動に直面した際の持続・再生可能なバイオマス資源のニーズに対し、森林バイオテクノロジーの果たす役割について中心に議論された。前回はブラジルで行われ、今回のアメリカでは世界 26 カ国から 200 名を超える研究者らが 参加し、日本からは筆者を含めて 4 名の参加があった。4 つのセッションに分かれて口頭発表 57 件およびポスター発表 109 件が 行われた。以下、筆者が注目した発表内容を中心に報告する。

セッション I:

樹木バイオテクノロジーの適用と社会

本セッションでは遺伝子組換え技術や分子マーカー等のバイオテクノロジーを用いた分子育種についてその利用と社会に与えるインパクトについて議論された。特に遺伝子組換え樹木の野外栽培試験についての報告が 3 題もあり内容の濃いセッションとなっていた。

ニューヨーク州立大の Powell らは北米で壊滅的な被害を受けているクリ胴枯れ病 (由来は日本と言われている) の遺伝子組換え技術による抵抗性育種について報告していた。病原因子である oxalic acid を分解するコムギ由来



写真-1 会場の Renaissance Hotel



写真-2 講演会場の様子

の酵素遺伝子 (OxO) を導入した抵抗性組換えクリを野外栽培し、他の形質には影響がなかったとしている。最近では遺伝子組換えに対する社会的な受容を考慮し、同じ植物由来の遺伝子を利用すること (cisgenesis と呼ばれている) を試みていた。すなわち、元々抵抗性である中

* E-mail: konagaya@affrc.go.jp

¹ こながや けんいち 独立行政法人森林総合研究所森林バイオ研究センター

国に分布するクリより複数候補遺伝子を単離・導入し、ラッカーゼ遺伝子が効果的であったとした。しかしながら外来遺伝子 *OxO* と比較すると、抵抗性は弱いとのことであった。

Boerjan らベルギーを代表とする研究グループは、バイオエタノール生産性を向上させる目的でリグニン生成に関与する *CCR* 遺伝子の発現量を低下させた低リグニン化ポプラを開発し、糖化性等の上昇（多くて野生型の2倍）が野外栽培においても実証できたとしていた。一方、ハイスループットなメタボロミクスツールを開発し、遺伝子の欠損に着目したトランスクリプトーム解析と組み合わせることで、*HCT* 遺伝子の欠損による低リグニン化ポプラを選抜育種によっても開発できたとしていた。

イスラエル、ブラジル、中国を拠点とする FuturaGene 社はバイオマスを向上させる目的で、成長率を増加させる *beta-1,4*-グルカナーゼ遺伝子を導入したポプラ、ユーカリ、センダンを作製しており、ユーカリについてはブラジルで3年間の野外試験を行っていた。バイオマスにばらつきが生じていた世代から選抜を繰り返すことで、優良な系統の獲得に成功していた。

その他、COST（欧州科学技術協力機構）から遺伝子組換え樹木のバイオセーフティーに関する取り組みについての発表があり、正確な情報を共有するための遺伝子組換え樹木に関するデータベース（<http://www.cost-action-fp0905.eu/gmt-database>）を紹介していた。また、時代を感じさせるものとして携帯電話で撮影した罹病樹木の写真等のデータを、ソーシャルネットワークを介して情報共有するアプリケーション（TreeTagger）についての発表も行われた。

本セッションのポスター発表ではアメリカ・オークリッジ国立研究所の Chen らを代表とするグループがポプラのアクチベーションタグラインを作製し、質量分析によりスクリーニングした個体から細胞壁の生合成やバイオマス分解性に関与する遺伝子の単離を行っていた。また、イタリアの研究グループが遺伝子組換えポプラの環境リスクアセスメントに GIS を利用し、景観レベルで遺伝子流動などを評価することを模索していた。

セッションII：樹木と環境

本セッションは対環境相互作用の研究分野について樹木が環境の刺激に反応するメカニズムを遺伝学やオミクス研究により理解しようとするものである。

カナダ・ブリティッシュコロンビア州立大の Yeaman

らは AdapTree (<http://adapttree.sites.olt.ubc.ca/>) というプロジェクトを紹介し、ロジポールマツとトウヒの気候への適応を遺伝子レベルで特徴づけることを試みていた。各樹種それぞれ 600 個体以上についてトランスクリプトーム解析と SNP ディスカバリーを行い、さらに様々な環境からサンプリングした約 5000 個体についてジェノタイプングを行っていた。

病虫害の研究としては、アメリカ・フロリダ大の Davis がマツこぶ病について発表した。本病原菌はブナにもさび病を引き起こす特殊な生活環を持つ。1973 年より抵抗性選抜事業を行っているようで、現在は抵抗性のテーダマツより抵抗性遺伝子のマップベースクローニングを試みていた。また、カナダ・アルバータ大の Cooke らはロジポールマツの害虫である mountain pine beetle が本来宿主でないバンクスマツへ宿主を広げて行く共進化の様子を大規模な SNP ディスカバリーやマイクロアレイにより解析していた。

スウェーデン・ウメオ植物科学センターの Bhalerao はポプラの着花と休眠に関与する遺伝子について総説し、細胞周期を負に制御する *AIL1* という新たな遺伝子を紹介した。その他、本セッションのポスター発表では、理化学研究所の Yu らがシロイヌナズナ由来のリン酸化酵素 (*AtSRK2C*) またはガラクトキノール合成酵素 (*AtGolS2*) の遺伝子を導入した乾燥および浸透圧ストレス耐性ポプラを報告していた。また、ヨーロッパ 11 カ国とカナダによる針葉樹の統合的なゲノム研究のプロジェクト ProCoGEN (<http://bfw.ac.at/rz/bfwcms2.web?dok=9020>) が紹介されていた。本プロジェクトは 2012 年より開始し、フランスカイガンショウ、ヨーロッパアカマツ、オウシュウトウヒ、シトカトウヒをモデル樹種としている。今後の成果に注目したい。

セッションIII：樹木の生殖成長、発達

本セッションでは生殖生長、根系や木部形成といった各組織の発達に関する研究が議論された。

米国林野局の Groover らはポプラの各染色体の部分欠損・添加型の変異体リソースを作製するプロジェクトの紹介と、CHIP シーケンスによりゲノムワイドに転写因子結合部位を特定し、その中でも *ARK2* という転写因子があて材形成に関与することを突き止めていた。ブリティッシュコロンビア大の McNair らは細胞膜と細胞壁との境界面で合成されたセルロースを組織化させる *AtCOBRA* 遺伝子を紹介していた。その他、ジョージア州立大の Tsai

らがポプラの α -tubulin と β -tubulin の存在量比が気孔コンダクタンスや細胞伸長に影響を与え、その後の成長にも影響することを示していた。また、フロリダ大の Ribeiro らは HCl と呼ばれる機能未知の遺伝子をポプラで過剰発現させると高温環境下でバイオマスが上昇したことを示していた。水分コンダクタンスが上昇していたため、日中の強光下でも光合成を効率よく行えるためであろうという考察であった。

花成に関する研究として、ウメオ植物科学センターの Nilsson らはポプラにおける光周性花成について集団遺伝解析と花成メカニズムの最新の知見について報告した。Populus trichocarpa においては P. deltoids で得られていた知見と同様に転写調節因子 GI と FKF1 が相互作用し、花成ホルモン FT の遺伝子発現を誘導することを示していた。スウェーデン大学の Uddenberg らはオウシュウトウヒの早期開花する変種を材料に、雄花・雌花形成に関与する MADS-box 遺伝子の発現解析を網羅的に行っていた。その他ポスター発表として、アメリカ・オレゴン州立大の Klocko らがシロイヌナズナ由来の FT 遺伝子をユーカリに導入することで、早期開花させることに成功していた。

セッション IV :

ゲノムシーケンス、オミクス、データベース

本セッションでは巨大ゲノムを持つ樹木のゲノムシーケンス、リシーケンス、関連微生物等のメタゲノム解析などが話題提供された。

本セッションで最も注目すべき発表はトウヒゲノムプロジェクト・コンソーシアムが発表したオウシュウトウヒの概要ゲノム配列である（発表日の前日に雑誌 Nature にて公開された）。およそ 20Gb もの巨大なゲノム配列を解析して判明したことは、想定される 28,354 個の遺伝子数はオウシュウトウヒのわずか 1/100 程度のゲノムサイズしかないシロイヌナズナのそれと同程度であり、これはトランスポゾンが蓄積した結果であるとした。本ゲノム配列やトランスクリプトーム等の情報は ConGenIE (<http://congenie.org>) にて公開されている。その他、針葉樹としてテーダマツ、カナダトウヒのゲノムシーケンスの進行状況が報告された。針葉樹でのポストゲノムにおけるオミクス解析は今後急速に進んで行くものと予想される。広葉樹としては南アフリカ・プレトリア大の Myburg らを代表とする研究グループが、ユーカリ 283 個体から得られた膨大なトランスクリプトームデータから

30,471 の木部発現遺伝子を単離し、それを利用した 94,998 個の eQTL の同定に成功していた。また、ブリティッシュコロンビア州立大の Hefer らは木部形成に関与する遺伝子について、ポプラとユーカリ間の違いをトランスクリプトーム解析により比較していた。ブリティッシュコロンビア州立大の Mansfield らは細胞壁の特性評価について集団遺伝解析に供試できるようなハイスループットな分析技術を紹介した。

最後に

会議全体を通して研究対象はもはや個々の遺伝子または個体レベルではなく地域差にまで拡大した集団レベルでオミクス解析している発表が大多数を占めた。これに貢献しているのは近年急速に発展してきた次世代シーケンサーによる網羅的解析とデータベースの充実化による場所が大きいのは明らかであり、もはやこれらの手法は樹木においてもごく一般的な基礎的ツールとなりつつあることを、本会議を通じて実感することとなった。日本にとって主要な林業樹種であるスギのゲノム解読はほとんど進んでおらず、この点でスギの研究は発展途上であると言わざるを得ない。海外に遅れを取らないためにも、スギのオミクス解析、データベースの充実化を早急に図ることが望まれる。一方、今まで遺伝子組換え技術を利用した逆遺伝学的な育種手法は育種年限の短縮化が主な利用目的であったが、ゲノム情報の充実しているポプラ、ユーカリ等の樹木については集団レベルでオミクス解析できるようになったことから、比較的早期に選抜育種が可能となり、その様な後者の育種法へ転換する流れも一部見受けられた。今回、遺伝子組換え技術に反対する団体が会場前で連日デモ活動するという騒動が発生し、このような現状からも、未だ実用化のハードルが高い遺伝子組換えによる育種よりも、マーカー育種等、遺伝子組換えによらない育種法の方が実用化しやすいという考えもあるのであろう。日本においても EU で行われている組換え植物に対する施策等を参考に、組換え樹木を実用化するための十分な検討が必要である。

なお、次回開催地は中国とイタリアが立候補し、投票によりイタリアのフィレンツェに決定した。