

これからの森林遺伝研究と新学会に期待すること

津村 義彦^{*1}

はじめに

我が国の森林は約 2500 万 ha で、そのうち約 1300 万 ha が天然性林、約 1000 万 ha が人工林でその他が竹林などから構成されています。これらの森林の保全や利用管理のためにどのような情報があると健全な森林が維持され、また効率的で生産性の高い林業が可能なるでしょうか。ここでは遺伝学的見地から見た森林の保全及び利用管理について本学会に期待することを述べたいと思います。

分析技術の進展と分子育種

近年、分子遺伝学の手法の発展は目覚ましく、10 年前には考えられなかった全ゲノムの塩基配列解読やゲノム全体を数千から数万の遺伝子のタイピングを一度に行うゲノムスキャンも現実のものとなってきています。これらは分析手法と機器が新たに開発されたことがその大きな理由です。一つは次世代シーケンサーの登場で、塩基配列の解読が従来法に比べ比較にならないほど効率的にしかも安価に取得できるようになりました。これによって、ヒトの全ゲノム配列が多検体で解析ができ、遺伝病の原因遺伝子が特定されたりしています。有用作物でも複数の植物種で全ゲノム配列が公開され、病虫害の抵抗性遺伝子や単為結果遺伝子等が単離されています。樹木はポプラやユーカリで全ゲノムの塩基配列の解読が行われ、樹木特有の材形成や成長特性などの研究に利用されています。ゲノムサイズの巨大な針葉樹でも近い将来には全ゲノム塩基配列が解読され、有用遺伝子の特定が行われていくでしょう。スギでは雄性不稔遺伝子の連鎖地図上での位置が明らかになっており、雄性不稔遺伝子を持つ個体の家系内選抜も可能になっています (Moriguchi et al. 2012)。スギでも有用な遺伝子がゲノム情報をもとに単離されるのも遠い未来の話ではないのです。

次に DNA アレイを用いた遺伝子型のタイピングでき

るシステムを用いると、数百から数万遺伝子の遺伝子型の解析が一度にできます。これはまだ高価なため一般的ではありませんが、この手法も次世代シーケンサーを応用すれば安価にすることができます。この手法を用いるとゲノム全体の遺伝子型のタイプが明らかに成り、多検体を調査して遺伝子型と形質を比較することによって、特定の形質を支配する遺伝子を単離することも可能です。これをゲノムワイドアソシエーション解析と呼び、有用形質遺伝子の特定を行うことができます。しかし有用形質には遺伝子ではない塩基配列領域が関与していることがあります。これらはやはり全ゲノム塩基配列などを利用して遺伝子の特定を行う必要があります。またイネなどの有用作物ではエピジェネティックな制御を受けている遺伝子も見つかっていることから、将来の全ゲノム配列解読後は、塩基配列のメチル化研究なども始める必要があります。

全ゲノムの遺伝子型データは、新たな分子育種法であり育種年限が大幅に短縮でき確実な成果が出るジェノミックセレクションにも応用が期待されています (Iwata et al. 2011)。

これらの成果の種苗生産に与える影響は大きく、将来は成長や材質が良く病害抵抗性のある個体の選抜が容易になっていくでしょう。

森林保全及び管理への応用

森林の保全や管理には全ゲノム塩基配列情報や数千の遺伝子型データは必要ありませんが、多型性の高いマイクロサテライトマーカーが数十遺伝子座あれば、遺伝子流動研究、系統地理学的研究ができます (津村・陶山 2012)。これらのマーカーも次世代シーケンサーでゲノムをランダムに読むことである程度の遺伝子座数のマイクロサテライトマーカー開発を行うことができます。従来のように複雑な実験を行う必要はもうありません。

このような多型性の高いマイクロサテライトマーカー

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

¹つむら よしひこ 森林総合研究所

などを用いることにより森林内で起こっている交配イベントを見ることができます。他殖率や花粉流動の範囲の特定ができるので、母樹密度や花粉媒介者の違いによって他殖率や花粉流動がどのように変化するかを調べることができます。これらの調査を行うと特定の森林が将来に渡って遺伝的劣化を起こすかどうかを明らかにできます。択伐で持続的林業管理を目指している東南アジアの熱帯林では、特にこれらの調査が重要になります (Tsumura 2011 ; Tani et al. 2012)。

我が国の樹種の中にはその天然分布域が広域な種が多くあります。これらは歴史的な気候変動とともにその分布域を変遷させています。遺伝的に見ると同種でも集団ごとに遺伝的組成が少しずつ異なっていることが一般的です。すなわち氷期の時に逃げていた集団 (逃避地) とその後の分布変遷で新たに形成された森林では逃避地の方が遺伝的多様性は高く、逃避地から離れるほど遺伝的多様性は減少します。そのため長い時間が経つと種内でも遺伝的に異なる系統ができてしまうことがあります。またその分岐年代もコアレッセントシミュレーションで推定することができます。系統地理学的な調査をする場合は両性遺伝する核DNAと母性遺伝する葉緑体DNAの両方で評価するとよいでしょう。これらの情報は遺伝資源として優先して保全する森林の決定や種苗の移動のガイドラインとして活用ができます (森林総合研究所 2011)。

樹木で産地試験を行うと地域ごとに出芽や冬芽の形成時期が異なることが知られています。またブナでは葉の大きさが北方へ行くほど大きくなることも明らかにされています。これはこれらの形質が遺伝的に固定されていることを示し、特定の遺伝子がそれぞれの環境に適した遺伝子型になっていると予測されます。これらの遺伝子の特定も次世代シーケンサーやDNAアレイを使ったゲノムワイドなタイピングを行うことで、関連した遺伝子領域を絞り込んだり特定したりできるようになってきました。これも前述のゲノムワイドアソシエーション研究ですが、ここでは環境との遺伝子型との関連解析で環境適応的遺伝子の検出を行うことです (Tsumura et al. 2012)。

今後の課題と希望

このようにゲノムの解析技術と統計手法の進展により、これまで研究が難しかった課題も研究が容易になってきました。今後はゲノムの分析コストがさらに下がるこ

とが予想されますので、さらに研究が深化すると思われる。この場合に重要になってくるのが適切な材料の準備や形質測定の正確さが問題となります。樹木の場合は特に材料の準備に時間がかかりますので早い時期から準備が必要です。

森林遺伝研究は応用学問ですから、研究成果を森林の保全や林業の振興に役立つものを目指して研究すべきだと考えます。本学会では得られた最新の知見を分かりやすく発表できる場であってほしいと望みます。また「林木の育種」で行われてきた広報活動の他に、さらに発展した形で、森林遺伝や林木育種の啓蒙活動、関連分野を巻き込んだシンポジウムなどが行われるとよいと考えています。若い研究者や大学院生が積極的に参加するような魅力的な学会になって欲しいと思います。

引用文献

- Iwata H, Hayashi T, Tsumura Y (2011) Prospects for genomic selection in conifer breeding: a simulation study of *Cryptomeria japonica*. *Tree Genetics and Genomes* 7: 747-758
- Moriguchi Y, Ujino-Ihara T, Uchiyama K, Futamura N, Saito M, Ueno S, Matsumoto A, Tani N, Taira H, Shinohara K, Tsumura Y (2012) The construction of a high-density linkage map for identifying SNP markers that are tightly linked to a nuclear-recessive major gene for male sterility in *Cryptomeria japonica* D. Don. *BMC Genomics* 13: 95
- 森林総合研究所 (2011) 広葉樹の種苗の移動に関する遺伝的ガイドライン. <http://www.ffpri.affrc.go.jp/pubs/chukiseika/2nd-chuukiseika20.html>
- Tani N, Tsumura Y, Fukasawa K, Kado T, Taguchi Y, Lee SL, Lee CT, Muhammad N, Niiyama K, Otani T, Yagihashi T, Ripin AB and Kassim AR (2012) Male fecundity and pollen dispersal in hill dipterocarps: significance of mass synchronized flowering and implications for conservation. *Journal of Ecology* 100: 405-415
- Tsumura Y, Uchiyama K, Moriguchi Y, Ueno S and Ihara-Ujino T (2012) Genome scanning for detecting adaptive genes along environmental gradients in the Japanese conifer, *Cryptomeria japonica*. *Heredity* 109: 346-360
- Tsumura Y (2011) Gene flow, mating systems, and

inbreeding depression in natural populations of tropical trees. In: Wickneswari R, Cannon C (eds) *Managing the future of southeast Asia's valuable tropical rainforests: a practitioner's guide to forest genetics*. Springer, pp 57-68