

## 【話 題】

## IUFRO「ブナ科の遺伝学」国際会議への参加報告

稲永 路子<sup>\*,1</sup>

## はじめに

2012年10月9日から12日まで、フランス・ボルドー市のボルドー第一大学にて IUFRO (国際森林研究機関連合) の分科会 Genetics of *Quercus* and *Nothofagus* (コナラ属とナンキョクブナ属の遺伝) が企画した国際会議「Genetics of Fagaceae (ブナ科の遺伝学)」が開催された。この国際会議はヨーロッパを中心に南北アメリカ、アジアからの100名を越える参加者によって開催された。1950年代に建設されたシトー会修道院風の建築様式をとっている Agora site と呼ばれるホールが会場であった(写真-1、2)。

開催地のボルドー市はボルドーワインで有名なアキテーヌ地方の中心都市であり、かつてはイギリス向けのワイン輸出港として栄えた。現在は17世紀の都市計画が良好に保存された「月の港」として、市中心部が世界遺産に登録されている。代表的な歴史的建築物として、サン・タンドレ大聖堂(写真-3)、カンコンス広場、大劇場などが挙げられる。

## 研究発表の概要

本大会では9つのテーマに沿ったセッションが設けられ、合計45の口頭発表と68のポスター発表が行なわれた。各セッションは「進化史、分類学、系統学と生物地理学」、「繁殖様式、遺伝子流動および雑種形成」、「比較遺伝学とゲノミクス」、「生物間相互作用の遺伝学とゲノミクス」、「非生物的相互作用の遺伝学とゲノミクス」、「雑種形成と種分化」、「ゲノム資源および関連するデータベースの構築」、「大陸規模での地域計画と統合」、「地球変動を背景とした量的形質の変異と繁殖、管理そして遺伝資源の保全」と題された。



写真-1 Agora site 外観

「進化史、分類学、系統学と生物地理学」セッションでは、スウェーデン自然史博物館の Guido W. GRIMM 氏による「ブナ属とコナラ属 - 2つの不等な姉妹群の物語」を皮切りに、本会議のメインテーマであるブナ属、コナラ属、そしてナンキョクブナ科の起源、進化の歴史と系統地理について述べられた。「ブナ目の歴史的生物地理学によるブナ科とナンキョクブナ科の分化上の疑問」(Alain FRANC, INRA)、「核遺伝子にもとづくブナ科の進化史」

\*E-mail: inanaga.michiko@h.mbox.nagoya-u.ac.jp

<sup>1</sup>いななが みちこ 名古屋大学大学院生命農学研究科



写真-2 講演会場



写真-3 サン・タンドレ大聖堂

(Paul MANOS, Duke Univ.)、「複数の核遺伝子によるコナラ属の系統発生の復元」(François HUBERT, Bordeaux Univ.)、「ナラ類の氷河期後の移住における交雑帯の遺伝的多様性」(Charalambos NEOPHYTOU, Forest Research Institute of Freiburg)、「葉緑体マイクロサテライトによる *Quercus robur* 集団の地域的な分化」(Jaroslaw BURCZYK, Kazimierz Wielki Univ.) という一連の発表から、本大会で扱われた分類群の遺伝的系統関係が確認され、最新の知見が発表された。

続いて「繁殖様式、遺伝子流動および雑種形成」セッションでは、基調講演としてカリフォルニア大の Victoria L. SORK 氏による「*Q. lobata* の遺伝子流動と自然選択を景観遺伝学とゲノム遺伝学から推測する」、続いて「小林分での地域特異的な造林施業を目的とした *Q. robur* 天然更新時の遺伝的多様性の伝達調査」(Vranckx GUY, Leuven Univ.)、「*Q. ilex* の拡大前線に位置する集団の初期定着期間における遺伝的多様性の短期間での回復」(Hampe ARNDT, INRA)、「ナラ類混交林の交配パターンの包括的推論：ベイズの視点から」(Igor J. CHYBICKI,

Kazimierz Wielki Univ.)、「気候変動下での樹木集団の同類交配と適応応答」(Jean P. SOULARUE, INRA) という講演が行なわれ、低密度集団・個体数が少ない集団での遺伝的多様性、種間交雑を含めた繁殖動態などについて議論された。

「比較遺伝学とゲノミクス」セッションでは、基調講演は「気候変動に対するブナ科の開葉フェノロジーによる進化応答」(Antoine KREMER, INRA)、続いて「*Castanea pumila* var. *pumila* のトランスクリプトーム比較分析」(Fenny DANE, Auburn Univ.)、「コルク形成時の潜在的な調節要素としての *Q. suber* における新規および保存的な miRNA の同定」(Inês CHAVES, ITQB-UNL)、「*Q. suber* の GPAT 遺伝子ファミリーの解析」(Liliana MARUM, ITQB-UNL)、「ブナ科のストレス関連遺伝子族 PR-10 の機能ゲノム科学と系統発生学の発展」(Joshua R. HERR, Pennsylvania State Univ.) の一連の発表から、ゲノム解析や転写産物に関する先端の研究報告が行なわれた。

「生物間相互作用の遺伝学とゲノミクス」セッションでは、「*Q. robur* 多栄養段階相互作用解析のための培養クローン細胞株 OakContigDF159 のリファレンスライブラリー」(Francois BUSCOT, Helmholtz Centre for Environmental Research) を基調講演とし、「*Dryocosmus kuriphilus* Yasumatsu への感受性とクリ遺伝子型の分子解析」(Roberto BOTTA, Università degli Studi di Torino)、「クリ胴枯病への抵抗性を付与している QTL からの Targeted deep sequencing と候補遺伝子の選択」(Staton MARGARET, Clemson Univ.)、「クリ属における *Phytophthora cinnamomi* への病害抵抗性を理解する」(Rita COSTA, INRB) によって主に病原性微生物と樹木との相互作用に着目した研究が紹介された。

「非生物的相互作用の遺伝学とゲノミクス」セッションでは、基調講演は「ナラ類の適応的な遺伝変異の遺伝学的基盤：QTL マッピング、異常値分析、候補遺伝子」(Jeanne ROMERO-SEVERSON, Michigan Technological Univ.)、さらに「何がヨーロッパナラの本質的水利用効率の遺伝的多様性を高めているのか？」(Oliver BRENDEL, INRA)、「低地と高地に由来する *Q. bicolor* 実生の冠水耐性の遺伝的変異」(Mark V. COGGESHALL, Univ. of Missouri)、「乾燥地 vs 適湿地での小進化は、気候変動に対応するヨーロッパブナの適応を緩衝するかもしれない」(Andrea R. PLUESS, ETH)、「RNA-seq による *Q. petraea* の芽の休眠に関与する遺伝子の同定」(Grégoire Le PROVOST, INRA)、「気候勾配への局所適応：ヨーロッパブナ集団への Physio-Demo-Genetics シミュレーションモデルの適用」(Sylvie ODDOU-MURATORIO, INRA) とい

う講演が行なわれた。適応形質と機能遺伝子に関する研究について報告されたが、気候変動への応答に着目した発表が目立った。

「雑種形成と種分化」セッションでは、テキサス工科大の Charles CANNON 氏による「熱帯ブナ科のファジーな生殖様式と進化のモザイク性」が基調講演であり、「クリ属とその雑種を識別するための形態学的、分子生物学的、統計的手法」(Javier Fernández CRUZ, Iglesia)、「ヨーロッパナラにおける種間多様性のゲノムスキャン」(Laure VILLATE, INRA)、「*Q. cerris* subsp. *cerris* 自生集団の遺伝的多様性の大きさとパターン、そして自然交雑の役割」(Zeki KAYA, Middle East Technical University, Turkey)、「核マイクロサテライト解析によって明らかとなったミズナラとミヤマナラの遺伝的分化」(Saneyoshi UENO, 森林総研) という種間交雑と種分化についての多数の事例が示された。

「ゲノム資源および関連するデータベースの開発」セッションでは、基調講演「ナラ類のゲノムの構造、機能と進化を研究するためのゲノムリソースの開発」(Christophe PLOMION, INRA) に続いて、「SUBERGENE: コルクガシのためのゲノム資源の構築」(Jorge AP Paiva, Instituto de Investigação Científica Tropical, Portugal)、「RNA-seq 技術によるナラ類トランスクリプトームのシーケンシングと解析」(Isabelle LESUR, INRA)、「コルクガシの果実形成におけるトランスクリプトーム解析」(Andreia MIGUEL, iBET)、「ナラのゲノムのヘテロ接合度レベルを探索するための Sequencing allelic BACs データベース」(Patricia FAIVRE RAMPANT, INRA)、「多目的遺伝的アプリケーションのためのヨーロッパナラの高密度連鎖地図の作成」(Catherine BODENES, INRA)、「北米広葉樹ゲノム研究プロジェクト」(John E. CARLSON, Pennsylvania State Univ.)、「アマグリのゲノム解読プロジェクト」(Charles ADDO-QUAYE, Pennsylvania State Univ.)、「*Quercus* portal: ナラ類の遺伝学とゲノミクスのための Web リソース」(François EHRENMANN, INRA) が発表され、欧米で進む多数のゲノムプロジェクトとその成果が紹介された。

「大陸規模での地域計画と統合」セッションでは、「アメリカのナラ類の多様化、均衡および最近の進化: アメリカのナラ類の群集構造と生物地理学の複数の次元をつなぐ」(Jeannine CAVENDER-BARES, Univ. of Minnesota) が基調講演であり、「系統地理と気候ニッチモデリングが示したメキシコのナラ類の安定した第四紀の分布範囲と大きな歴史的集団サイズ」(Antonio GONZALEZ-RODRIGUEZ, Universidad Nacional Autónoma de México)、

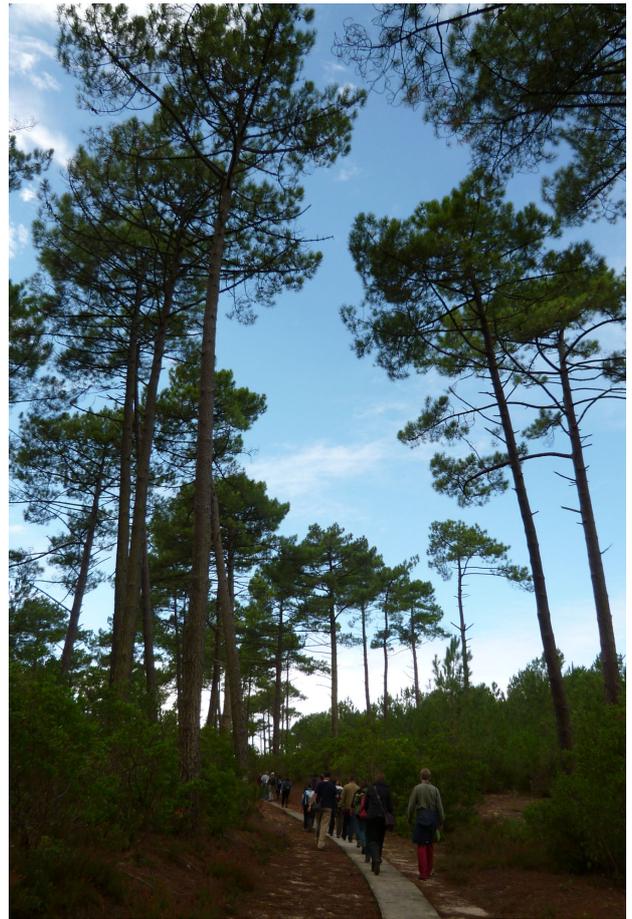


写真-4 エクスカーション

「コルクガシの進化史と集団構造」(Paulo S OCTAVIO, Univ. of Lisbon) によって、非常に広範囲に分布する複数種を比較することは、種分化と分布変遷を包括的に解明するために重要であることが示された。

最後のセッションは「地球変動を背景とした量的形質の変化と繁殖、管理そして遺伝資源の保全」と題され、基調講演は INRA の Sylvain DELZON 氏による「ブナ科の種の分布変遷と適応能」、さらに「欧州規模のヨーロッパナラの遺伝的多様性構造」(Bruno LAVIGNE, INRA) が講演された。地球温暖化に対して種子散布のポテンシャルが低いブナ科植物がどう対応していくと予想されるか、圃場試験を中心とした実験結果から考察された。

## エクスカーション

10月11日にはエクスカーションが開催された。午前中には2コース設けられ、片方はÉtang de Cousseau 自然保

護地区の見学、もう一方はLacanauの砂丘見学であった。両コースの参加者は昼食時に合流し、午後はシャトー・カーワン見学とワインのテイスティング体験だった(写真-4、5、6、7)。筆者が参加したのはÉtang de Cousseau自然保護地区の見学で、現地の環境保護協会職員の方に案内していただいた。クソー湖は海岸砂丘に閉じ込められた大きな湖が縮小して出来た湖である。周辺地域には古くはナラ類の森林が広がっていたが、ワイン樽生産のために伐採が進み、19世紀からマツの植林が行われてきた。現在は草地の生物多様性保全のために牛による植生管理が行なわれている。保護地区の総面積は約120haである。大型バスで移動の後、駐車場からクソー湖までは約5kmの道のりだった。保護地区周辺はハイキングおよびオフロードの自転車コースとなっている。湿度の高い白砂のハイキングコースを進むと、砂丘を登ったところから湖を望むことが出来た。周囲は見渡す限りマツ林(おそらく*Pinus nigra*)で、林床には*Q. ilex*、Strawberry Tree(おそらく*Arbutus andrachne*)、*Rubus sp.*などが見られた。Strawberry Treeの果実を同行の参加者から頂いたので、その場で食べてみた。かなり渋めで甘みはほとんど無いものの、さわやかな香りがした。現地では生食するほか、家庭で果実酒をつくることがあるそうである。

### 感想

今回は筆者にとってはじめての本格的な国際会議への参加であったが、欧米のブナ科樹種への関心の高さとゲノム情報の蓄積・利用に驚かされた。また、お国柄もあってか食事が非常においしかったことが幸運であったと思う。最後になりましたが現地でお世話になった日本人参加者の皆様にお礼申し上げます。



写真-5 クソー湖

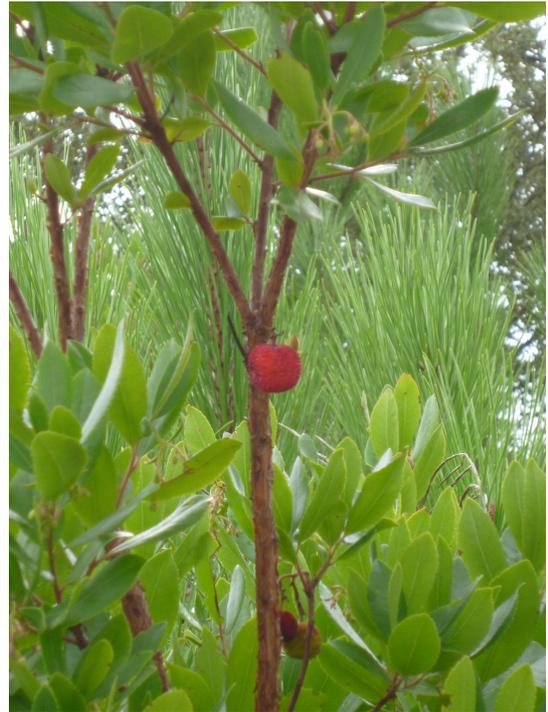


写真-6 strawberry tree 果実



写真-7 ワインのテイスティング