

## 【話 題】

## 2014 IUFRO Tree Breeding Conference に参加して

三浦 真弘<sup>\*1</sup>・平岡 裕一郎<sup>2</sup>

## はじめに

2014年8月25日(月)から30日(土)にかけて、チェコ共和国ブラハのCITY CONFERENCE CENTRE (KCC)で開催された、2014 IUFRO Forest Tree Breeding Conference (森林林木育種会議)に参加した。IUFROの専門調査会2.04.02 Breeding theory and progeny testing (育種理論と次代検定分野)の会議も兼ねており、今回の会議は世界35か国から170名が参加した。林木の遺伝育種分野で著名な研究者らによる13件の基調講演、49件の口頭発表、79件のポスター発表が、1) Breeding Theory & Strategies & Deployment、2) Evolutionary Aspect & Adaptation & Breeding EVOLTREE Project、3) Genomics Related to Forest Tree Breeding Programs、4) Genetic Evaluation & Statistical methods、5) Operational Tree Breeding Programsの5分野にわたり、5日間に行われた。日本からは、6件の発表があった(口頭発表1件(秋田県立大学)、ポスター発表5件(宇都宮大学1件、日本製紙1件、林木育種センター3件)。また会議中には、大会パートナーでもあるPlantPlanGeneticsおよびVSNiによるワーキングショップも同時に開催された。

## Breeding Theory &amp; Strategies &amp; Deployment

この分野では、El-Kassaby博士、Lindgren博士、Hodge博士およびKremer博士の4名による基調講演があった。

El-Kassaby博士は、Climate change and agile tree breedingという題名で講演を行った。彼の講演は、気候変動の影響を受けるであろう適応形質に関して産地試験の材料を使った研究であった。気候変動による環境変化のスピードと、樹木の花粉や種子による移住スピ

ードにはギャップがあり、このギャップを埋めるために、人為を介したassisted migrationという手法を用いて対応しようとしている。この方法は、北半球では、樹木をより高緯度地域へ移動することであるが、これらの移動が妥当であるかを検証する必要がある。このため、既に設定されている産地試験地等を用いて、遺伝的制御が強い適応形質(耐寒性、耐乾燥性、成長開始または休眠などのフェノロジー)について研究を行っていた。これらの研究は単に表現型を観察するだけでなく、多量のDNAマーカーおよび次世代シーケンサーを用いて、ゲノムベースの情報を新しい解析手法であるGBLUP(遺伝的、血縁的な関係を考慮したBLUP法)やGS(genomic selection)による解析を用いているとのことであった。過去に設定した産地試験を有効活用することで気候変動に対応した研究がなされていることを実感した。

Lindgren博士は、Seed orchards and supporting breedingという題名で講演を行った。彼の講演は、採種園の改良の歴史に関するものだった。採種園は、林木育種の普及面においては最も大事なものであり、期待育種価の高い個体で構成されたものである。現在では、林木育種には時間がかかることから、現在では世代ごとの更新ではなく、経費、時間を節約するため世代を重複した採種園(rolling front方式)が導入されつつあることが紹介された。また、採種園の理想的な非血縁個体数は20程度であり、血縁があればより多くの親数が必要ということであった。長期間の育種は、家系選抜が可能に育種集団に親の多様性があるのが望ましく、それゆえ育種集団(育種母材料)と採種園がシクロして管理されることが望ましいとのことであった。採種園のことを考える上で、これまでの採種園の歴史や育種集団と生産集団の概念を再確認させてくれる講演であるとともに、遺伝資源としての材料の取り扱い

\*E-mail: miumasa@affrc.go.jp

<sup>1</sup> みうら まさひろ 森林総合研究所林木育種センター東北育種場<sup>2</sup> ひらおか ゆういちろう 森林総合研究所林木育種センター

についてどのような手法を取るべきかしっかり考えないといけないと痛感した。

Hodge 博士は、Opportunities for plantation deployment and genetic improvement of hybrid forest trees という題名で講演を行った。彼の講演は雑種育種に関するものであった。雑種育種は、気候変動が考えられる中、耐病虫害の付与や、生産性が低い場所での生産性を上昇させるための手段の一つとして考えられ、これまで CAMCORE (ノースカロライナ州立大が中心になった中南米、アフリカで林木育種を行っている共同体) は過去 15 年で南米、南アフリカなどで、マツ類の雑種について 23 組合せ、66 試験地を設定してきているとのことであった。雑種育種のメリットは、ヘテロシスがあること、特定形質の付与 (X 種の弱点を Y 種の形質で補完する) できることである。雑種個体のほとんどは、親種よりも劣るが、その一方でヘテロシスが現れたり、特定形質が付与された個体がどの交配組み合わせにおいても出現したりするため、事業ベースで利用しているところもある、とのことであった。日本でのマツノザイセンチュウ抵抗性の育種は、アカマツとクロマツの雑種が自然にできること、アカマツとクロマツの抵抗性の程度に違いがあることから、このような手法も考えてよいのではないかと思われた。

この分野では、ほかにも、異なる育種法 (分集団化の有無、交配設計) の違いにより、将来世代の多様性や遺伝獲得量の変化についてシミュレーションを行う研究があった。この研究では、自殖を用いた育種法が、最初の 4, 5 世代では遺伝獲得量が他の手法より大きい、長期的な多様性に劣ることが示された。一方、より長期的な遺伝改良を考慮した場合は、核育種 (集団をごく少数のエリート集団とそれ以外の集団に分け、エリートのみ育種をする方法) や家系+家系内個体選抜の育種が望ましいことが示された。また Breeding without Breeding (BWB) の研究も、ヨーロッパアカマツで試みられており、ここでは第一世代の採種園産種苗が植栽された OP (自然交雑) 検定林を用いて研究が行われた。これらの試験地で表現型測定をするとともに、多量の DNA マーカーを用いて、個体の遺伝子型を決定することで OP 検定林の植栽木の父親を決定し、CP (人工交配) 検定林と同等してしまい、そこから前方選抜で第二世代精英樹を選抜していた。この手法では古典的 (従来方法) の育種に比べて、コストと時間の短縮が図られたとのことであった。日本でも人工交配が困難な樹種 (カラマツなど) で導入可能であると思われた。他にも新しい種苗配布モデルの構築や応用

に関する研究が行われていた。

## Evolutionary Aspect & Adaptation & Breeding EVOLTREE Project

この分野では、Lascoux 博士と、Smulders 博士の 2 名による基調講演と EVOLTREE 関係の講演があった

Lascoux 博士は、Clinal variation and the genetic basis of adaptive traits in trees という題名で講演を行った。GWAS (ゲノム全体をカバーするような多量の遺伝マーカー (SNP など) を用いて、遺伝子型と表現型形質との関連を統計的に調べる解析手法) は、複数形質を制御する遺伝要因の解明に使える。しかしコストがかかるため、大量のデータが取得できないとあまり意味がなく、それゆえ樹木のような非モデル植物ではまだデータ量も少なく有用なツールとは言い切れない。それゆえ共通苗畑試験や集団遺伝学、フェノロジーや発現遺伝子の解析などと GWAS を組み合わせた研究が有効な手法になるとのことであった。

彼の研究グループは、北方の針葉樹やオーク類やポプラ類を用いて、フェノロジーに関する形質についてクライン変異を研究しているが、これまでに 1) 緯度によってフェノロジーについて変異があることや、2) 光周期の経路や成長休止期に関係する遺伝子にハイライトが当たっており、例えば FTL2 遺伝子は、局所的な適応や遺伝子発現において緯度による変異が観察されていることが報告された。ここでも産地試験などが有効に活用されていると感じた。

EVOLTREE はヨーロッパの森林林業機関が協力して森林の遺伝育種の仕事をする枠組みであり、フィールドとゲノムの統合を模索しているとのことであった。あらゆるデータをデータベースにして、それらのデータにどこからでもアクセスできるようにしようとしていた。

この分野では、他にも気候変動による林木の生産性 (林分単位の材積成長量) の変化に関する研究では、カナダのケベック州において、新たに開発された種苗移動モデルを用いて、将来の林分材積の増減を推定しており、2050 年及び 2080 年の林分材積が現在に比べて、種により反応が異なることを示しており、シロトウヒは 2050、2080 年時点で現在より増加または同じレベルであったが、クロトウヒは減少し、2080 年には造林不適地とみなせる程に成長が低下するというものであった。またカナダ西部ではロジックポールパインを用いて、

天然林および採種園の種子を用いて共通苗畑試験を2012年から開始し、成長量やフェノロジーについて産地間差や気温や降水量といった環境要因との関係について研究が行われており、今後 SNP マーカーを用いた研究も進め、表現型と遺伝子型の融合による研究を進める予定であるとのことであった。

### Genomics Related to Forest Tree Breeding Programs

この分野での基調講演は Tier 博士と、Neale 博士、Nelson 博士によるものであった。

Tier 博士は、Opportunities for genomics in forestry という題名で講演を行った。DNA シーケンスデータはコストがどんどん安くなっており、直接的、推論的に塩基単位の情報が手に入る。しかし、これらの分析技術の普及程度は分野によって異なり、動物育種分野で進んでいて、樹木ではまだそこまでではないという状況であるが、樹木においても今後有用なツールになりうるものが紹介された。

Neale 博士は、Impacts of Genome Sequences on Forest Tree Breeding という題名で講演を行った。分子マーカーを用いた研究の歴史が述べられ、アロザイムを用いた研究から、PCR ベースの DNA マーカーを利用した研究に代わり、QTL マップの作成や MAS に取り組むようになり、その後、多量のマーカーおよび次世代シーケンサーを用いたアソシエーション解析などに現在は来ていることが紹介された（テーダマツの材質プロジェクト (2000-2003) や、マツ類の研究である ADEPT1 (2001-2004) や ADEPT2 (2005-2010)、そして樹種を越えた研究 Conifer translational genomic network (2007-2011) など）。

Nelson 博士は、Alternative approaches to tree breeding for no-analog fiscal and physical environments という題名で講演を行った。気候変動は物理的・社会的環境に大きな影響を与えるが、多様性があれば、環境の変化に適応でき、そのためにも多様性は林木にも必要である。今後の気候変動に対する育種目標は、耐高温、耐乾燥、耐塩、耐病虫害となり、水利用期間にあったフェノロジーや気温に対する適応に関する形質の改良等で多様性を増やすことが必要となるとのことであった。また近年は、DNA マーカーの低コスト化、大量情報の取得可能化、コンピュータによる genotyping 技術の発達により、コストを大きくしないで、多様性と獲得量を維

持できる育種が可能になりつつあるため、このような時代に入った育種手法として、1) BWB、2) FasTrack (早期開花遺伝子を用いて開花までの年限を短縮する育種法)、3) PTI (participatory tree improvement : 林木の利用に關した全てのステークホルダー (育種関係者、種苗生産業者、造林者、木材加工者など) が参加した育種) が可能であることが紹介された。

この分野では、ほかにも大量の分子マーカーおよび次世代シーケンサーを用いた研究が紹介された。

### Genetic Evaluation & Statistical methods

この分野では Apioloza 博士と、Dutkowski 博士の 2 名による基調講演があった。

Apioloza 博士は、Genetic evaluation in New Zealand: A history of compromises という題名で講演を行った。NZ におけるラジアータマツのここ 20 年の育種について紹介があった。解析方法では、BLP から単一形質の BLUP、さらに多形質の BLUP と発展してきたこと、また育種の成果として GF (遺伝的能力 (特に成長 (Growth) と樹形 (Form) を数値で表すシステム、数値が高いほど能力が優れている) を採用していることであった。試験地 (次代検定林) 間で植栽系統の連結性が乏しいため、遺伝子と環境の交互作用については今もよく分からず、また試験地の環境についてのデータも少ないことから、特に成長に関して遺伝子と環境の交互作用を引き起こす要因については不明である、とのことであった。

Dutkowski 博士は Massively multivariate genetic value prediction in tree breeding –experience from a variety of species という題名で講演を行った。PLANTPLAN は、年次の違い、形質の違い、サイトの違いを考慮した遺伝評価が可能なモデルであり、これは豪州を中心にラジアータマツ、ユーカリ類等の育種に使われており、DATAPLAN, TREEPLAN, SEEDPLAN の 3 つの部分から構成されている。DATAPLAN ではあらゆるデータ (樹種、林齢、形質、サイト) を収集し、データベース化しており、データは web 上で抽出可能とのことであった。TREEPLAN では DATAPLAN にあるデータを用いて現時点で最新の評価手法 (MM-BLUP と NRM など) で遺伝評価を行っていた。SEEDPLAN で選抜、交配計画、採種園構成木、配布系統を決めることができる。これらは画面上での一連のクリック作業で行えるため、遺伝評価はもう研究ではない、とのことであ

った(評価手法等の開発は研究ではあるが、それらを TREEPLAN に入れたら、自動的に育種価等が計算されるため)。また解析手法については、動物育種の手法を常にマークして取り入れるべきだろうということであり、日本でも動物育種を行っている人たちとの共同研究も必要ではないかと感じた。

この分野では、他にもノルウェートウヒにおける材に関する形質(年輪幅や材密度、ミクロフィブリル傾角、ヤング率)に関する遺伝性の研究など、従来の育種における遺伝的評価(遺伝率、遺伝相関)などについての発表があった。

### Operational Tree Breeding Programs

この分野では、McKeand 博士と、Yanchuk 博士の2名による基調講演があった。

McKeand 博士は Today's successes and future challenges for the NC State University Cooperative Tree Improvement Program という題名で講演を行った。アメリカ南東部のサザンパインの育種は60年以上にわたり、連続した育種の効果により19億ドル相当の遺伝獲得を得ているとのことであった。現在第4世代に入っているが、できるだけ効率的に行いたいと考えており、交配では動物育種で用いられたアルゴリズムを用いており、試験設計も $\alpha$ 行列モデルという手法を用いていた。第4世代の交配は2016年までに、試験地設定と検定は2024年までに終了させる予定とのことであった。

### おわりに

本学会は、林木のみに注目した学会であった。それゆえ参加前には、選抜、次代検定、といった従来の林木育種分野の発表が主眼であると思っていたが、そのような発表は極めて少なかった。一方、日本の林木育種ではまだあまり使われていない大量の DNA マーカ

一、次世代シーケンサーを用いた研究が、どの分野でも発表された。例えば、従来から林木育種に注力しているサザンパイン、ラジアータパイン、ユーカリ類、ダグラスファーなどは、これまで蓄積した材料、試験地データを用いた従来型の育種に、大量の DNA マーカー、次世代シーケンサーを用いた研究を融合しており、またこれまで経済的な理由や社会的ニーズが低かった樹種でさえ、BWB などの手法の中で、大量の DNA マーカー、次世代シーケンサーを手段として研究を行っていた。世界の林木の育種は、普通に大量の DNA マーカー、次世代シーケンサーを使うのが常識になりつつあることを痛感し、日本の林木育種は世界に取り残されている状況ともいえた。

また気候変動に対応する研究が多い、という印象も受けた。これらは特に高緯度に分布する国々での取り組みが活発と思われた(カナダ、スウェーデン、フィンランドなど)。特に種苗の移動に関する研究は、これまでに設定してきた産地試験を用いて、環境データおよび分子マーカーを使ったデータと融合させて、局所適応や、適応に関する形質の研究が進められていることに少なからず衝撃を受けた。林木育種センターでも現在スギやアカマツなどで産地試験の設定等を進めているが、これらは今後有用な研究母材料になるという確信を持った。

他にも、データベースの重要性を PLANTPLAN の発表や EVOLTREE の発表を聞いて痛感した。日本の林木育種も精英樹選抜育種事業に関するデータは、試験地設定台帳や精英樹台帳、調査野帳などがシステムチックになっている。これらは現在統合したデータベース化が林木育種センターで進められているが、ここに分子マーカーや取得されつつある多量の遺伝情報のデータベースとうまく統合させることができれば、日本の林木育種もまだ発展の余地があると思われた。

今回の海外への会議に参加することで、日本における林木育種の状況や今後取るべき方向について光が見えたと感じた。このような機会を与えていただいた林木育種センター海外協力部に感謝申し上げる。