

【話 題】

植物および動物ゲノム国際学会 (Plant & Animal Genome XXII) の概要

平岡 裕一郎^{*1}・平尾 知士²

はじめに

2014年1月10~15日、アメリカ合衆国サンディエゴの Town and Country Hotel において、Plant & Animal Genome XXII (植物および動物ゲノムに関する学会) が開催された。この国際学会は、毎年同じ時期、同じ場所で開催されており、今回で22回目になる。植物および動物を対象としたゲノム研究の最新の研究成果と今後の計画などが報告された。827件の口頭発表、1,149件のポスター発表、110以上の企業による研究機材や試薬などの展示が行われた。本稿では、林木やその他作物に関する研究の中から、筆者が関心を持った発表について、ワークショップごとにその概要を報告する。



写真-1 講演会場の様子

Forest Trees

Forest Trees のワークショップの全体を通じたキーワードとしては、RNAseq、GWAS (genome-wide association study)、GS (genomic selection)、SNP (single nucleotide polymorphism)、ゲノムプロジェクト、などが挙げられる。20課題の発表のうち、5件を以下に取り上げる。

①ポプラ (*Populus trichocarpa*) の景観ゲノミクス研究 (ブリティッシュコロンビア大の Gerald 氏ら)

北米の太平洋岸北西部で広く生育する *Populus trichocarpa* の遺伝的変異の地理的パターンを定量化した。ポプラの34,000 SNP ジェノタイピングアレイを使用して、59.6°Nから44.3°Nの地理的に広い領域から498サンプルの遺伝子型を決定し、(1) 近縁種 *P. balsamifera* から遺伝子移入、(2) isolation-by-distance (IBD) および (3) 自然淘汰について調べた。全体からサンプリングされた領域を考慮した場合、IBDが強く明白であるが、コア領域 (南ブリティッシュ・コロンビア) で遺伝子流動が制限された

証拠はみられなかった。 F_{ST} の外れ値 (outlier) は、サンプリングされた全領域と南ブリティッシュ・コロンビア州の両方で非常に多かった。これらの F_{ST} の外れ値は、概日リズムと赤遠赤色光遺伝子 (全領域) と熱応答遺伝子 (コア領域) に対応していた。また、地理的/環境的変数と対立遺伝子頻度との間に強い相関関係がみられた。これらのことから、これらの F_{ST} の外れ値は選択によるものであるといえ、地域適応は遺伝変異の分布に大きな影響を与えていると結論づけていた。

②ユーカリ 13種で利用可能な SNP チップ「EucHIP60K.BR」の性能と利用 (EMBRAPA Genetic Resources and Biotechnology の Faria 氏ら)

60,000のSNPインフィニウムチップ (EucHIP60K.br) を開発した。13のユーカリ種、雑種、および近縁属を含む15,000以上のサンプルの遺伝子型の決定に成功した。これらSNPはゲノムワイドにカバーし、遺伝子型の再現性は、> 99.99%となっている。15,033 SNPで、世界中のユーカリ人工林の> 90%を占める4種 (*E. grandis*、*E.*

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

¹ 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

² ひらお ともり 森林総合研究所森林バイオ研究センター

uropphylla, *E. camaldulensis*, *E. globulus*) のそれぞれ1種で同時に多型であった。チップデータは、染色体特異的およびゲノムワイドな連鎖不平衡を明らかにし、祖先情報を含む SNP の特定、強力な GWAS と GS を可能にするものであるとしていた。

③ダグラスモミの針葉における休眠から成長の移行期のトランスクリプトームの動態 (USDA Forest Service Pacific Northwest Research Station の Cronn ら)

異なる気候帯に由来する 12 個体を利用して、休眠からの成長への移行にまたがる 99 日の間隔でダグラスモミの針葉における 4 時点でのトランスクリプトームの変化を調べた。33,608 の転写産物における負の二項分布を仮定した GLM により、日付、地理的なソース、そして家系に発現変動を分割したところ、53%が日付による変動であった。すべての転写物のクラスター分析は、34%がダウンレギュレート、26%はアップレギュレートを示し、20%は春の成長の開始と一致する一時的な変動を示した。ダウンレギュレート転写産物には、細胞小器官の修復、機能および輸送に関連する遺伝子が、アップレギュレートしたのものには細胞組織化、分泌機能、熱ストレス応答および二次代謝に関連する遺伝子を含むが含まれた。また、サンプリング時間に反応する遺伝子を検出するために日内変動と季節変動を対比していた。これらの分析は、針葉樹におけるトランスクリプトームの日および季節変動や環境応答性遺伝子を明らかにするためのリソースになるとしていた。

Pine Genome Reference Sequence

本ワークショップでは、テータマツ (*Pinus taeda*) を中心としたゲノムプロジェクト (PineRefSeq Project : <http://pinegenome.org/pinerefseq/>) の進捗状況についての発表が行われた。2013年にトウヒ (*Picea abies*) のゲノム解読が発表され、針葉樹ゲノムでは 2 番手に甘んじていたテータマツゲノムではあるが、厚みのある豊富なゲノムデータの取得 (ゲノムサイズ 21.6Gbp に対し 65 倍の情報量) 及びアセンブル手法の改良 (k-mer の改良) によって全ゲノムをほぼカバーしたより精度の高い情報が得られていた。現在、そのゲノム情報は従来の v1.0 から v1.01 にアップデートされ、ローカルデータベース上で公開されている (http://loblolly.ucdavis.edu/bipod/ftp/Genome_Data/genome/pinerefseq/Pita/v1.01/)。ドイツトウヒのゲノム情報と比較して、より優れている点は N50 scaffold size (Kbp) (アセンブルの精度を表す値) が 66.9 Kbp であり、ド

イツトウヒに比べると約 92 倍の大きさを誇っている。また、ゲノム上の遺伝子のアノテーション (遺伝子の注釈) も充実しており、21 個の組織や器官から取得された 50,172 EST がゲノム上にマッピングされており、中でも種を超えて保存性の高い 248 遺伝子の完全長のアノテーション率は、ドイツトウヒが 66%であるのに対し、テータマツでは 91%のアノテーションに成功している。これらのデータを見ても、テータマツのゲノム情報は精度高く構築されている。これまでに蓄積されてきたテータマツのゲノム情報は、SNP を中心とした DNA マーカーの開発に発展的に利用されつつあり、遺伝統計学的研究や集団遺伝学、さらに実際の育種の分野に適用され始めている (PineMap project : <http://www.pinemap.org/>)。

Genomics-Assisted Breeding

Genomics assisted breeding (GAB) とは、MAS (marker-assisted selection)、GWAS、MARS (marker-assisted recurrent selection)、GS 等、ゲノミクスの手法を用いて遺伝子型から表現型の予測を向上させる総合的なアプローチを指す。本ワークショップでは林木の報告は無く、小麦、トウモロコシ、ヒマワリ、ワタといった他の作物に関する研究の紹介であったが、これらの事例は今後の林木育種にとって参考となるものであるため、ここに概要を記す。講演としては、①コムギゲノムワイドアソシエーションスキャンによって量的病害抵抗性の遺伝的構造を明らかにする研究 (カンサス州立大の Wang ら)、②これからの作物育種において必要な情報プラットフォームについての研究 (CIMMYT/CAAS の Xu ら)、③GS による G×E の評価手法 (コーネル大の Sorrells ら)、④ヒマワリにおける G×E 研究のための遺伝子発現に基づくマーカー開発 (INRA LIPM の Langlade ら)、他 2 件があった。

②は、植物育種に必要なジェノタイプング、フェノタイプングと並ぶ 3 つ目の要素として、環境評価を「E typing」と称し、その重要性を指摘した。そして、これら 3 要素のデータを大量に取得するためのプラットフォームと、これらをマイニング、統合するシステムの整備の必要性を指摘していた。

③は、ゲノムワイドマーカーを用いて表現型を予測する GS を、様々な環境で育成したトレーニング集団に適用し、G×E の評価を試みた研究である。環境をゲノムワイドマーカーの効果を利用して分類する方法を構築し、観察していない環境における G×E の予測するため、モ

デルにマーカーの効果を環境との共分散として組み込んだ。このモデルにより、GSの予測精度を向上させ、気候変動シナリオにおける予測も容易にするとしていた。

④は、ヒマワリをモデルとして、乾燥ストレス耐性遺伝子を明らかにする研究である。土壌の深さや組成が異なる複数の野外試験地やガラス室で育成し、夜明け前の水ポテンシャルや土壌水分等を測定し、遺伝子発現解析と組み合わせることで、ヒマワリの乾燥ストレスに対する生理学あるいは分子レベルの応答を明らかにすることを試みていた。

Plant Phenotypes

植物のゲノム研究や育種を進めるには、様々な表現型データを大量に取得する必要がある。本ワークショップでは、現在作物で行われているフェノタイピングに関する研究報告として、①コムギにおける分光反射率の測定方法に関する研究 (USDA の Jannink)、②植物育種研究のためのフェノタイピングの自動化 (アバリストウイス大の Alcalde-Barrios ら)、③ダイズゲノム機能における高速中性子変異誘発の利用 (ミズーリ-コロンビア大の Stacey ら)、④作物シミュレーションモデルによる遺伝子型と表現型の結合 (フロリダ大の Vallejos)、他2件の講演があった。

①は、近赤外分光計を用いて、林冠(葉群)における複数の波長の分光反射を捉えることで、水分含有量や光合成能力等の表現型を取得する手法 (canopy spectral reflectance method, CSR) をコムギに適用し、窒素利用効率 (NUE) の遺伝率の経時変化等を示していた。この手法は圃場において広域・非破壊で計測可能であるという特徴がある。さらに、得られたデータの解析を行える専用のソフトウェアの紹介もしていた。

②は、イギリスの国立植物フェノミクスセンター (NPPC) におけるフェノタイピングの取り組みの紹介であった。施設内には様々な表現型の自動測定が可能な設備を有しており、作物のフェノタイピングの高度化が実現されていた。

④は、成長や発達過程を環境の入力に対する応答として記述するモデル、CSM (crop simulation model) によって、遺伝子型と表現型を繋ぎ合わせるための研究である。具体的には、5カ所の異なる環境で育成した180のインゲンマメ RI 系統によるキャリブレーションで、遺伝子型ごとのパラメータ (GSP, genotype specific model parameter) を決定し、GSP の QTL の検出を行う、というアプローチ

であった。この「gene-based CSM」により、環境の差異に伴う潜在的な表現型の幅を予測しようとする試みであった。

Population & Conservation Genomics

本ワークショップでは、大規模なゲノム情報やトランスクリプトームを用いた動植物の環境適応に関する研究報告のセッションであり、以下の講演があった。①針葉樹の assisted gene flow のためのゲノム基盤に関する研究 (ブリティッシュ・コロンビア大の Aitken ら)、②ゲノムリシーケンスによるポプラ (*Populus trichocarpa*) の選択とデモグラフィの歴史に関する研究 (ウェストバージニア大の Evans ら)、③テーダマツにおけるゲノムワイドジェノタイピング、ターゲットシーケンシングおよび適応・育種形質のアソシエーションマッピング (ゲッティンゲン大の Krutovsky ら)、④ソルガムにおける気候および土壌適応のゲノムの痕跡 (カンサス州立大の Morris ら)、他3件であり、7件中3件が林木を材料とした研究であった。

①は、カナダにおける気候変動への対応のためのプロジェクト (AdapTree project) において、assisted gene flow をどのように行うか、という研究であった。ロッジポールマツ (*Pinus contorta*) とインテリアトウヒ種群 (*Picea engelmannii* と *P. glauca* とその雑種) を対象とし、各樹種250以上の集団から得た実生について、気候に関する形質 (成長、フェノロジー、耐寒性、耐乾性等) の予想される気候での反応の表現型を取得した。そのうち97個体のトランスクリプトームを実施し、そのデータを基にシーケンスキャプチャを行った結果、気候と表現型および SNP 遺伝子型の関係は、地域適応の幅を特徴付けるものであった。この結果に基づき、将来の気候に対する適切な種子の移動の方針と、自然集団の早期適応の可能性を評価することが可能であるとした。

②では、ポプラについて約1,800万の SNP を利用し、過去の強いボトルネックや最近の集団分化を検出した。また、最近の正の選択に関連する70のゲノム領域があり、フェノロジー、成長形質と強い関連がみられた。選択を受けた領域は、カロース生合成・代謝、転写調節、金属輸送・結合、光周反応経路遺伝子、休眠サイクル遺伝子に関連した。これらの結果は将来の気候変動への対応に重要な基礎情報であるとした。

おわりに

本学会で目にしたゲノム研究は、ゲノム解読、ゲノムワイドマーカー、網羅的遺伝子解析の手法がごく当たり前に利用された大規模なものが多数あり、圧倒されるほどであった。また、フェノタイピングもそれに合わせ大規模化するだけでなく、複数の異なる環境での表現型を

取得し、積極的に G×E 研究に取り組もうとするものが何件も見られたことが印象的であった。この傾向は、今後ますます進展し、遺伝育種研究のあり方を変えていくと思われる。こうした手法を、我が国の林木育種事業においてどのように利用していくのか、従来の育種のスキームの変更も含めて考える必要があるだろう。