

【話 題】

公開シンポジウム「ゲノム情報が拓く我が国の林業と森林管理」の概要

森口 喜成^{*1}

はじめに

2014年5月12日、東京大学弥生講堂・一条ホールにおいて、公開シンポジウム「ゲノム情報が拓く我が国の林業と森林管理」が開催された。このシンポジウムは、最新のゲノム研究の成果を広く公表し、ゲノム情報をもたらす将来の日本林業や森林資源管理について理解を深めることを目的とする。4時間におよぶシンポジウムでは、2件の基調講演、6件の話題提供、全演者によるパネルディスカッションが行われた。講演要旨をもとに概要を紹介するとともに、講演後のパネルディスカッションの内容について報告する。

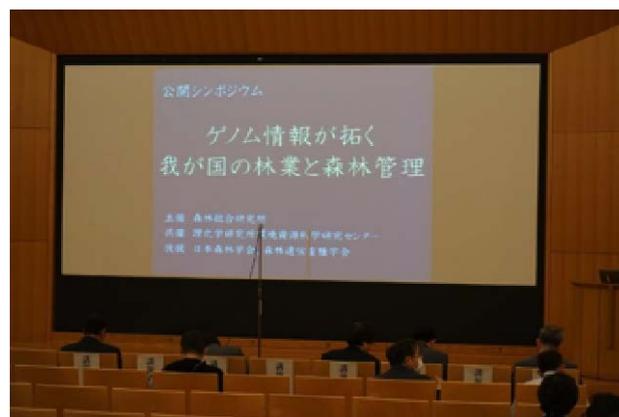


写真-1 シンポジウム会場の様子-1

基調講演-1 東京大学 農学生命科学研究科 井出雄二教授 「日本林業のための分子育種と森林管理」

林木育種関係者にとって、分子育種は非常に魅力的である。しかし、作物などではすでに行われているが、林木では未だ難しい状況にある。メンデル遺伝する雄性不稔遺伝子に支配される無花粉スギではマーカー利用選抜 (Marker assisted selection; MAS) の研究が行われているが、ほとんどの重要な林業形質は量的遺伝子に支配される。量的遺伝子については、QTL解析、アソシエーション解析 (genome-wide association study; GWAS)、ゲノミックセレクション (GS) などの研究が行われている。安価になったとはいえゲノム解析は未だ高コストであるため、当面は、樹種や対象集団を絞って適用せざるをえない。そのため、これまで行ってきた精英樹選抜育種の高速化などといった漠然とした目標ではなく、もっと目標を絞った育種に分子育種を活用していく必要があるだろう。ご存じのとおり、林木の育種には長い年月を要するため、現在の林業のニーズに基づいて育種を始めるのでは遅すぎる。先端技術で特徴的な品種を作出することで、林業の方を変えていくことがあっても良いのではないだろう



写真-2 シンポジウム会場の様子-2

か。日本の林業は、将来的には従来型の粗放で多目的な林業と、目的を明確にした集約的林業に分かれていくと考えられる。分子育種は後者の方に使われると思うが、理想的な林業は労力をかけないで高品質な木材生産を行うことだと思うので、是非この理想を分子育種で実現していただきたい。今後の分子育種による林業の革新に期待する。

*E-mail: chimori@agr.niigata-u.ac.jp

¹ もりぐち よしなり 新潟大学大学院自然科学研究科

基調講演-2 農業・食品産業技術総合研究機構 作物研究所 矢野昌裕 所長 「作物における次世代育種の可能性—ゲノミクスは作物育種をどこまで変えられるか—」

作物における DNA マーカー選抜育種は、作物ゲノミクスの進展により、イネのみならず、ダイズ、コムギ、果樹、野菜などの病害虫抵抗性や形態の改良に大きく貢献してきている。イネにおいては、多くの有用遺伝子が単離同定され、遺伝子の位置情報に基づくマーカー選抜育種が進められている。一例として、戻し交雑を利用して、ある優良品種に近縁野生種が持っている有用遺伝子を入れたい場合に、マーカーを利用して対象領域を置き換えることができる。ただし、かなりの頻度で望ましくない形質も導入してしまうという問題（連鎖のひきずり）もある。イネでは、いもち病抵抗性遺伝子の近くに食味に関する遺伝子があり、連鎖のひきずりが生じていたが、多数の個体の中からもいもち病抵抗性遺伝子の近傍で組み換えが生じた個体を DNA マーカーで選抜することで、いもち病抵抗性と極良食味性を併せ持つ品種を作出した。これは DNA マーカーがないとできなかった育種の例といえる。このように効果の大きな遺伝子については成果が得られているが、収量やストレス耐性など、効果の小さな多数の遺伝子が関与している形質については単純なマーカー選抜育種が適用できない場合も多い。近年、この問題を解決するため GS の研究が進められ、利用も検討されている。

マーカー選抜やゲノム選抜の恩恵を得るためには、多数の個体や系統についての精度の高い形質評価が不可欠である。今後は、形質評価の精度をいかに高め、またその労力を軽減するかが、ゲノム情報を活用した次世代育種技術の開発におけるキーポイントになると思われる。

話題提供-1 森林総合研究所 森林遺伝研究領域 津村義彦 領域長 「ゲノム情報を活用したスギ有用遺伝子の探索」

スギの分子育種を加速するため、これまでに約 12 万の一塩基多型 (single nucleotide polymorphism; SNP) マーカーの検出、ゲノムサイズの約 4.5 倍量の BAC ライブラリーの構築、高密度な連鎖地図の構築などのゲノムリソースの整備を行ってきた。これらを利用して現在行っている研究事例を 5 つ紹介する：①スギ天然林の分布域をほぼカバーする 14 集団から得た 6,000 SNPs のデータと気象データ（気温、降水量、積雪深など）とのアソシエーション解析から環境適応候補遺伝子を検出し、それらがゲノムの特定の領域に集中していることが明らかになった。②精英樹 427 個体から得た 6,000 SNPs のデータと主要な

林業形質（材質、雄花着花性、発根性など）とのアソシエーション解析から有用な SNPs を検出した。③3 種類の雄性不稔遺伝子 (*ms-1*、*ms-2*、*ms-3*) の連鎖地図上の位置を明らかにした。さらに、近傍のマーカーを用いて無花粉スギの家系内選抜をすると 94% 以上の確率で正しく識別することができた。④BAC の解析の結果、スギでは GC 含量が低いこと、繰り返し配列の割合が非常に高い、巨大なイントロンが存在すること、遺伝子ではない領域では LD が非常に長いことを明らかにした。⑤検定林を利用して GS を行った結果、途中でモデルの見直しを行うことで、従来育種よりも高い遺伝的獲得量が得られることが示された。

将来的にこれらの研究は、地域に適したスギの選定、優良個体の効率的な選抜、無花粉スギの効率的な生産、育種の高速度化、遺伝子の探索に役立つと考えられる。

話題提供-2 森林総合研究所 林木育種センター 星比呂志 育種部長 「次世代エリートツリーの開発に向けたゲノム育種技術の活用」

本来 elite tree は検定済みの精英樹を指すが、林木育種センターでは第二世代以降の精英樹をエリートツリーと呼んでいる。精英樹選抜事業で選ばれた約 9,000 本（スギでは約 3,500 本）の中から優れた個体を選定し、これらを交配した F₁ からエリートツリーを選抜している。エリートツリーは、成長が速く下刈り回数を軽減されることが期待されることから低コスト林業に貢献すると考えられる。また、短期間に多くの二酸化炭素を吸収することから森林吸収源としても期待されている。

このようにこれまでの林木育種事業は大きな成果をあげているが、改良には長い時間を要してきた。しかし、これからの林木育種においては、低コスト林業や森林の吸収源対策への貢献などの観点から、大きな効果を早期に実現することが求められている。そのため、ゲノム育種による①育種年限の短縮、②効率的な選抜、③複数の形質を併せ持つ品種の開発が期待されている。林木育種センターでは、2012 年度からゲノム育種技術の開発に取り組んでいる。これまでに、精英樹のシュート頂や形成層などから EST 情報を収集するとともに、その発現解析を行い、これらのマーカー化を進めている。並行して、表現型形質の測定方法の高度化も進めており、今後、精緻化された表現型情報とマーカー情報を統合して、効率的で効果的な育種手法を開発することを目指している。

話題提供-3 東京大学大学院 農学生命科学研究科 岩田洋佳 准教授 「ゲノムワイドマーカーを用いた永年性植物育種の高速化・効率化」

少数の遺伝子に支配されている形質の改良には MAS が適しているが、多数の遺伝子に支配されている形質の改良には向かない。MAS に代わるマーカー選抜の方法として、現在、GS が注目されている。GS は、ゲノムワイドマーカーをもとに被選抜個体の育種価を予測し、予測値をもとに優良個体の選抜を行う方法である。QTL として検出されない効果の小さな遺伝子も選抜対象とすることができる利点がある。日本梨の 84 品種を用いて GS の予測精度を検証したところ、収穫期や果実汁などについて高い精度で選抜が可能であった。収穫期については GWAS で有意なマーカーがいくつか見つかっているが、これらのマーカーだけでは予測精度が低く、より高い予測精度を得るにはゲノムワイドマーカーを使用した方がよいと言える。また、予測モデルを使用することで、任意の親個体の組合せから得られる後代集団の遺伝的能力を予測できる。日本梨で、『幸水』よりも優れた品種を作るための交配組合せを予測し、実際のデータと照合したところ、比較的良好に合致していた。

このように GS は、永年性木本植物の遺伝的改良の効率化のための有望な方法であるが、形質データ計測の効率や精度の向上、局所的適応や遺伝子型×環境相互作用のパターンのモデル化やメカニズムの理解など、いくつかの課題も残っている。

話題提供-4 理化学研究所 環境資源科学研究センター 菊地淳 研究員 「バイオインフォマティクスとケモインフォマティクスの統合 —化学資源としての植物バイオマスの特徴抽出—」

計測機器や計算機の著しいイノベーションにより、ゲノムやトランスクリプトームの解析速度は急激に進歩し、今やビッグデータ解析の重要性が認知されている。しかしバイオマスを構成する多糖やリグニンを核酸や蛋白質の如く、一次配列解析はもとより、優れた化学資源としての特性に起因する高次構造解析まで進めることは難しい。さらに言えば、その優れたバイオマスの機能と物性は遺伝的要因のみならず、むしろ物理・化学・生物的環境要因で振動する。逆に言えば、バイオマスを利用するその環境条件で収穫した資料を、高次構造を保持したまま分析評価することができれば、複雑なバイオマス成分から機械的・熱的物性、あるいは酵素・薬剤処理等に相関する因子を導き出せるだろう。こうした着眼点から、固体バイオマスの高分子分析や、時に無機分析等の種々

の分析機器の一斉計測データを組み合わせた計量化学的手法の導入が試みられている。こうした種々の分析機器のうちでも NMR 法は固体・液体いずれかの資料も計測が可能で、バイオマス解析についても着実な技術の進展が見られる。我々の研究室では、セルロースの構造多型やリグノセルロース解析技術高度化、水陸バイオマスの化学的多様性や微生物・酵素分解特性に関する研究を行っている。

話題提供-5 王子ホールディングス株式会社 バイオリソース開発センター 西窪伸之 研究員 「早生樹植林事業におけるゲノム情報の活用」

当社は、様々な用途（チップ原料、製材品、合板など）での植林木の活用に取り組んでいる。植林地が存在する国、地域では気候や土壌が異なっており、各地に適した樹種、個体の選抜を行う必要がある。選抜された成長、材質優良木はクローン植林へと展開し、生産量と材品質の向上を図っている。安定した生産性、材の品質を維持させるには、選抜された優良木の徹底管理や、違法持ち出しによる侵害対策が必要である。そのためには、DNA 解析による個体識別が最も確実な手法である。

近年の遺伝子解析技術の進歩と低価格化に加え、2010 年に *Eucalyptus grandis* でゲノム DNA 配列の解読結果が公表されたことから、ユーカリでは個体レベルの遺伝子配列の比較が容易にできるようになった。当社では、個体レベルの遺伝子配列情報の基盤情報整理を行う過程で得られた結果を利用し、クローンの管理ツールを開発し、実用化させている。*E. pellita* について 18 個体分の木部発現遺伝子 (RNA) の大量解析と比較を行い、樹種内で共通して存在する SNP を見出した。それらの SNP から個体識別用マーカーを選抜し、TOF-MS を用いたユーカリ個体識別方法を開発した。この手法により、大量の個体を迅速に安く、更に従来法より確実に個体識別することが可能となり、植林地の選抜優良木の徹底管理が可能となった。

話題提供-6 森林総合研究所 多摩森林科学園 吉丸博志 園長 「DNA を用いたサクラ栽培品種の識別・起源推定と資源管理」

サクラ栽培品種は接ぎ木などのクローン増殖によって代々保存されてきたが、長い年月の間には継承の間違いなどもあり、多くの混乱が含まれている。そこで、多摩森林科学園、国立遺伝学研究所、新宿御苑に収集されているサクラ栽培品種を対象として、花などの外部形態の観察と遺伝マーカーによる遺伝子型の解析に基づいて正

確な再分類を行った。その結果、起源が単一と考えられる栽培品種、起源が複数ある栽培品種、別名として保存されてきたが同一と推測されるもの、非常に近縁な枝変わりとの関係と推測されるものなどが明らかになった。

さらに、各栽培品種の遺伝子型に基づいて、それらの栽培品種の成立に関与する野生種の推定を行った。その結果、多くの場合は外部形態に基づく推定を反映するものであったが、外部形態だけでは検出できない関係も示唆され、栽培品種と野生種との関係がより詳細に理解されるようになった。

現在さらに、全国の主要なサクラ栽培品種コレクションの調査を進めている。将来的には、DNA解析を用いた再分類に基づいて、伝統的な栽培品種を適切に保存管理していくことが可能となるだろう。

パネルディスカッション

「樹木の分子育種と森林管理の将来展望」

パネルディスカッションは、理化学研究所バイオマス工学研究プログラムの篠原健司氏の司会で行われた。



写真-3 パネルディスカッションの様子

Q (篠原) : 今日の講演の内容もふまえ、樹木の分子育種についての印象を矢野さんに伺いたい。

A (矢野) : スギでは分子育種の基盤が十分に整備されてきたように感じた。技術の進歩により、解析スピードが速くなったため、材料の準備の方が特に樹木では追いつかない状況にある。先を見据えた材料の作成や自然集団や既存品種の利用などで進める必要があるだろう。

Q (篠原) : 井出先生のお話にも、新しい形質を育種対象とすることも考えてはどうかというご指摘があったと思うが、例えばどのような形質か？

A (井出) : 精度高く評価できる形質を対象にして分子育種を進めていき、それをモデルとして他の形質でも行うという方法もあるのではないかと思います。

Q (篠原) : 矢野さんや井出先生のご指摘に対し、星さんにご意見を伺いたい。

A (星) : 育種センターでは、形質評価の精度が重要だと考え、精度を向上させるべく研究に取り組んでいる。また、DNAマーカーを用いて誤植個体の排除を行い、形質精度の向上を図っている。新しい技術も利用して今まで評価できなかった形質の評価にも取り組んでいる。

Q (篠原) : スギゲノムプロジェクトの今後の展望について津村さんに伺いたい。

A (津村) : スギの全ゲノム解読に向けて、材料の準備を進めている。大型の予算が獲得できれば、すぐにでも着手する予定だ。

Q (篠原) : スギでGSを進める場合の注意点も含め、アドバイスをお願いします。

A (岩田) : GWASと同様にGSも連鎖不平衡に依存するので、通常は高密度なゲノムワイドマーカーが必要になる。検定林をうまく利用すると、それほどマーカーが無くとも効率を上げることができるだろうし、形質評価の高速化については、形質評価技術も進歩してきているので楽観的に考えている。それに合わせて、複雑な要因を考慮した予測モデルを構築する技術を向上させる必要があると思う。

Q (篠原) : 木質バイオマスを総合利用するという観点から菊地さんにアドバイスを伺いたい。

A (菊地) : 従来とは異なる使い方をしたいと思っている人はたくさんいると思う。セルロースやヘミセルロース、そしてリグニンをどのように特徴づけるかが今後の課題だろう。

Q (篠原) : 総合利用という点で王子製紙の取り組みについて、西窪さんに伺いたい。

A (西窪) : 紙の需要が落ちてきて、植林木の製材や合板での利用を考えるようになってきた。また、バイオリファイナリーで付加価値のあるものを生み出すため、実証・評価を実施している。

Q (篠原) : 得られた遺伝情報の森林管理への利用について津村さんに伺いたい。

A (津村) : スギ天然林の解析結果から、集団間の違いはわずか5%であることが明らかになった。そこに将来の育種や保全に重要な遺伝子が隠されているといえる。そう考えると、スギ天然林をしっかりと保存していくことが重要だろう。育種材料については、植え間違いやラベル

ミスなどの影響をなくすため、DNA マーカーを用いた管理が重要と考えている。

Q (篠原) : サクラでのゲノム解析の利用について、吉丸さんにお話を伺いたい。

A (吉丸) : サクラのゲノムサイズは、イネよりも小さく、シロイヌナズナよりも大きい程度で、針葉樹と比べると小さい。同じサクラ属のモモの研究が進めば、その情報を利用できるという利点もあるので、難しくないのではないかと考えている。将来的には、ゲノム情報と様々な形質の関連を明らかにし、新たな有用品種の作出に活用していきたいと考えている。

おわりに

樹木でも分子育種に向けた基盤整備が着々と進んできているという印象を受けた。今後は、更なるゲノム情報の蓄積に加え、精度の高い形質評価技術や複合形質の予測モデルの構築方法も確立されていこう。今後、長い世代時間や材料維持や検定に要する広大な圃場面積などの林木育種がかかえる問題の解決に分子育種が活用されることを期待したい。