

【特 集】「林木育種事業 60 周年記念シンポジウム」

林木育種の次世代化に向けて

高橋 誠^{*,1}

林木育種事業は、事業開始から 60 年の歳月を経て、これまでの長年の調査・研究の成果の蓄積を土台として第 1 世代から第 2 世代の精英樹に移行しつつある。林木育種事業の推進にあたっては、1) 近交弱勢、2) 長大な個体サイズ、3) 長い世代時間といった林木に特有の生物学的な特徴が課題となってきた。今後、多様なニーズにいち早く応じて品種改良を進めるためには、これらの林木に特有の制約を技術開発により克服していく必要がある。

本稿では、ここに挙げた林木に特有の制約と関係づけながら、近年の林木育種技術開発の成果を紹介したい。

育種集団の分集団化

近親交配による近交弱勢はスギ、ヒノキ等の多くの林木でみられる。選抜と交配を繰り返す林木育種において、その影響に適切に対処することは長年課題となってきた。

当初、精英樹は全国の様々な地域から選抜されたため、精英樹間の血縁関係に留意する必要性はほとんどなかったが、第 2 世代精英樹の選抜では成長等の成績が上位の精英樹間の交配後代等から選抜するため、血縁関係への対応が必要となっている。これに対する 1 つの対応が「育種集団の分集団化」である。育種集団を複数の分集団に分けて交配を各分集団内のみで行うと、各分集団内では血縁関係が生じるが分集団間には血縁は生じないことになる。例えば、9 分集団を作り、各分集団から 1 個体ずつを選んで採種園を構成することで近交弱勢の問題を回避することができる。また、各分集団の中において成長等の形質が上位個体間での交配だけでなく、中位個体の交配も含めることにより有効な育種集団サイズの減少を緩和できる。

統計解析技術の高度化

林木の個体サイズは長大であり、多くの重要形質の評価には一定の生育年数を要するため、実際の林地に設定されている検定林から得られるデータが精英樹の系統評価に重要な役割を果たしてきた。一方で、日本の山地地形はしばしば複雑に入り組んでいるため、立地の不均一性に由来する環境誤差が正確な系統評価の障害となってきた。このような誤差は、しばしば沢や尾根といった地形等と関係した空間パターンを有する。この空間パターンのある誤差を自己相関解析によって取り除いて系統評価することにより、多くの場合系統評価の精度が向上することが分かってきた(高橋ら 2016)。このため、このような解析手法を実際の系統評価や品種開発に順次適用し始めているところである。

検定林においては、通常 5 年次から 20 ~ 30 年次まで 5 年または 10 年ごとに定期調査を行っている。これまでは調査年次別に評価を行ってきたが、検定林間や調査年次間でアンバランスなデータを統合して解析できるような解析手法の高度化を図ることで、各精英樹の成長特性を成長曲線の形で把握できるようになった(武津・平岡 2015)。現在、このような特性評価を九州育種基本区のスギ精英樹で試行しているが、今後検定林データの蓄積を進めることで第 2 世代精英樹等の解析にも波及させていきたいと考えている。

高速育種技術の開発

これまでの林木育種では検定林等の試験地で目的形質の評価が可能な年次まで実際に生育させる必要があったため、育種には長い年月を要してきた。この課題克服に向け、DNA 分析から得られるゲノム情報を活用して育種年限を短縮するための技術開発を、現在は

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

¹ たかはしまこと 森林研究・整備機構 森林総合研究所林木育種センター

スギを対象樹種として進めている。

まず第1段階として、成長や材質、雄花着花性などに関係すると考えられる遺伝子の情報を網羅的に収集した。これにより、現段階で約3万5千の遺伝子の情報を得ることができた (Mishima et al. 2018)。これらの情報は今後の高速育種技術の開発のための基盤となる。この遺伝子情報を活用して SNP マーカーを開発し、現在精英樹の大規模ジェノタイピングを進めている。

この大規模ジェノタイピング情報と品種の成長特性等とを関連づける統計モデルの作成と、ゲノム情報とその統計モデルを用いた成長等の予測技術の開発を進めている。現在、特定の集団に限られるが、20年次の成長をゲノム情報と植栽試験による5年次の成長データから高い精度で予測できるまでになってきている (平岡ら 2016)。これにより、従来の方法では実際の林地で約20年間の育成が必要であった成長等の評価を早期に行うことが可能となるため、現在この選抜技術を事業的に展開するための実用化に向けた研究を進めている。

この他、スギでは花粉発生源対策に資する成果も得られている。無花粉スギ「爽春」の F₂ 家系を用いた QTL 解析等により、「爽春」の無花粉遺伝子の有無を高い精度で判定できる DNA マーカーを開発した (Mishima et al. 2018)。現在、このマーカーを活用して、スギ精英樹の中から無花粉遺伝子をヘテロで保有する系統のスクリーニングを進めている。新たな優良無花粉スギの作出には、ヘテロで無花粉遺伝子を持ち、花粉親になり得る優良なスギ系統が不可欠で、このマーカーはそのような個体の選抜や、交配後代からの無花粉個体の迅速な判定に役立つ。このマーカーの活用により、無花粉スギ育種の効率化・多様化が期待できる (本項で述べた以上の成果はいずれも農林水産技術会議の委託プロジェクト研究で得られた研究成果である)。

ここで紹介したスギにおける先行的技術開発のスキームを、他の育種樹種にも波及させるべく現在研究を進めており、クロマツのマツノザイセンチュウ抵抗性については、抵抗性に関与する複数のゲノム領域を明らかにできた (平尾ら 2018、この成果は、林野庁委託事業で得られた成果である)。

表現型評価の高度化

遺伝解析の精度を高めるためには、遺伝分析の高度化だけではなく、併行して表現型評価の精度も高めていく必要がある。気候変動に対応するための育種技術の開

発に向けて、気候変動下で想定される乾燥や高温といった環境ストレスに耐性を有するスギ系統を選抜するための技術開発を現在進めており、検定林調査データと全国をカバーする地形等のメッシュデータを統合したビッグデータをベイズ統計モデルにより解析し、土壌水分の違いに対する成長性の相対的な増減を系統ごとに推定する手法や、乾燥ストレス下でのスギ系統の応答性を赤外線サーモグラフィによる測定等により評価する手法といった、新たな表現型評価手法の開発に取り組んでいる (この取組みは、農林水産技術会議の委託プロジェクト研究「気候変動に適応した花粉発生源対策スギの作出技術開発」で推進している)。

本稿では、近年の技術開発の概要について述べた。現在進行形の技術開発も含め、これらの取り組みを品種開発の現場に役立てて、ニーズに対応した形での品種開発、それらの普及による優良種苗の生産を通じて、よりよい森林づくりに貢献して行きたいと考えている。

引用文献

- 武津英太郎・平岡裕一郎 (2015) 系統評価の統計解析手法の高度化. 森林総合研究所林木育種センター編, 林木育種の最前線 - 2011年度~2015年度の主要成果 - 17
- 平尾知士・山野邊太郎・大平峰子・高橋誠・星比呂志・井城泰一・岩泉正和・三浦真弘・松永孝治・渡辺敦史 (2018) より強いマツノザイセンチュウ抵抗性品種の開発. 森林総合研究所編, 平成30年版研究成果選集 42-43
- 平岡裕一郎・三嶋賢太郎・能勢美峰・坪村美代子・大平峰子・花岡創・山野邊太郎・高島有哉・高橋誠・星比呂志・平尾知士・栗田学・武津英太郎・倉本哲嗣・井城泰一・渡辺敦史・田村美帆 (2016) ゲノム情報を利用した育種高速化技術の体系化. 森林総合研究所編, 平成28年版研究成果選集 62-63
- Mishima K, Hirao T, Tsubomura M, Tamura M, Kurita M, Nose M, Hanaoka S, Takahashi M, Watanabe A (2018) Identification of novel putative causative genes and genetic marker for male sterility in Japanese cedar (*Cryptomeria japonica* D. Don). BMC Genomics 19: 277.
- 高橋誠・平岡裕一郎・武津英太郎・三浦真弘・田村明 (2016) 品種開発への前方選抜の導入. 森林遺伝育種 5: 127-133