

公益社団法人 国土緑化推進機構「緑と水の森林ファンド」助成事業

森林遺伝育種学会
第 15 回シンポジウム

日本列島に分布する
森林樹木の集団ゲノミクス

令和 8 年 (2026 年) 3 月 19 日 (木)

筑波大学

プログラム

■ 開催日 2026年3月19日(木)

■ 開催場所 筑波大学 3A棟 3A209教室

■ 講演プログラム

9:00-9:10 開会のご挨拶：高橋 誠(学会長)

趣旨説明：戸丸信弘(名古屋大学大学院生命農学研究科)

9:10-9:35 共通圃場研究で明らかになった海岸環境に適した形質に関連する

遺伝子のカシワからミズナラへの浸透

永光輝義(森林総合研究所)

9:35-10:00 全ゲノム解析から探る海洋島固有種の起源・集団動態と性表現進化：

ムラサキシキブ属における研究事例

増田和俊(東京大学大学院理学系研究科)

10:00-10:25 日本産針葉樹全種の遺伝的多様性統合解析

陶山佳久(東北大学大学院農学研究科)

高橋大樹(九州大学大学院農学研究院)

(休憩 10:25-10:35)

10:35-11:00 ブナにおける気候勾配に関連した自然選択の推定

頼 承筠・戸丸信弘(名古屋大学大学院生命農学研究科)

11:00-11:25 気候変動と遺伝的オフセット：スギ集団ゲノミクスによる将来適応評価

内山憲太郎(森林総合研究所)

11:25-12:00 総合討論

開催趣旨

戸丸信弘（名古屋大学大学院生命農学研究科）

わが国の森林樹木を対象とした集団遺伝学でも、すでに、次世代シーケンサーを利用し、ゲノムワイドな多数の多型データ（主に SNP）を取得して解析する「集団ゲノミクス」の時代に突入している。盛んに行われてきたマイクロサテライトを用いた研究は、過去のものになりつつある。森林樹木のような非モデル生物にも集団ゲノミクスの研究が行われるようになった一つの要因は、RAD-seq や MIG-seq などの方法が開発されたからである。このような方法は、ゲノムの一部をシーケンスして多型データを得る「ゲノム縮約解読法」と呼ばれている。将来的には、参照ゲノム配列を利用して、全ゲノムをリシーケンスして多型データを得て解析する「全ゲノム解析法」が主流になることが期待されているが、この方法を利用した研究も出始めている。森林樹木の集団ゲノミクスの研究によって、これまで解明が困難であったどのようなことが解明された（される）のであろうか。

本シンポジウムは、日本列島に分布する森林樹木を対象とした集団ゲノミクスの分野において、どのような研究が行われ、どのようなことが解明されてきたかなどの研究情報を共有し、将来展望を考える場としたい。

講演要旨

共通圃場研究で明らかになった海岸環境に適した形質に関連する遺伝子のカシワからミズナラへの浸透

永光輝義 (森林総研)

北日本では、ミズナラ *Quercus mongolica* var. *crispula* (Blume) H. Ohashi が内陸に、カシワ *Q. dentata* Thunberg が海岸に生育する。カシワの分布北限の北海道北部では、両者の雑種カシワモドキ *Q. × angustilepidota* Nakai が海岸に生育し、交雑帯を形成している。予備的な ddRAD-seq による 2,772 座位の SNP 遺伝型から、その交雑帯は F₁ より後代からなる雑種でももに構成され、それらの雑種はランダムに交雑したゲノム背景を持つことがわかった。北海道北部の海岸と内陸に造られた、これら 3 分類群の約 30 年生個体の共通圃場で、遺伝的浸透と形質関連遺伝子を推定した。

葉と枝の形態形質の表現型の主成分分析から、それらは生育地（海岸）に特徴的な形質（枝の太さ、毛の密度、葉の厚さ、芽鱗腋芽数）と分類群（カシワ）に特徴的な形質（葉の幅、鋸歯の形、毛の長さ、側脈間隔）に分けられた。それらの形質には表現型可塑性があり、ミズナラの雑種は海岸でカシワ的表現型を現しやすことがわかった。個体の生死とサイズから、内陸ではミズナラ、海岸では雑種とカシワの生存成長が優れており、カシワ北限より北の海岸で雑種が生き残りやすことがわかった。

ddRAD-seq による 27,495 座位の SNP 遺伝型から、両圃場のミズナラ 47 個体とカシワ 25 個体を参照し、雑種 152 個体のゲノムワイドな浸透パターンを推定したところ、カシワアリルがミズナラゲノムに深く浸透した領域があることがわかった。遺伝型から推定した座位ごとの由来と表現型の admixture mapping により、生育地に特徴的な形質に関連する座位が浸透領域にあることが示唆された。分類群に特徴的な形質のひとつ（鋸歯の形）に関連する座位は、カシワアリルがミズナラ第 7 染色体に最も深く浸透した領域にあることがわかった。

これらの結果は、枝葉形質のカシワ的表現型は海岸で有利で、その形質の関連座位が浸透領域にあることを示している。ゆえに、カシワのアリルが海岸環境の自然選択によってミズナラゲノムに浸透したと推論できる。

講演要旨

全ゲノム解析から探る海洋島固有種の起源・集団動態と性表現進化： ムラサキシキブ属における研究事例

増田和俊（東京大学大学院理学系研究科）

世界各地の海洋島に生育する植物は共通して、適応放散を起こしやすい、雌雄異株の割合が高いといった”アイランド・シンドローム”の一現象が観察される特徴を持つことから、生物進化の過程や普遍性を研究する上で注目されてきた。

小笠原諸島は東京の約 1,000km 南に位置する約 30 の亜熱帯の島々から構成される、日本を代表する海洋島の 1 つであり、独自の進化を遂げた生物が多く生育することから「東洋のガラパゴス」とよばれている。自生する植物の約 45% が固有種であり、その多くが島内で種分化したと考えられている。

中でも、ムラサキシキブ属（シソ科）は、小笠原諸島で最も多様化した分類群であり、少なくとも 5 種が水分・光条件が異なる環境に側所的に生育していることから、生態的適応による種分化が起こったことが推測されている。さらにこれらの種はすべて、両全性を基本とする本属約 140 種の中で唯一の雌雄異株であることから、島嶼移入後に性表現進化が起こった可能性が高い。このように、本属の小笠原諸島固有種群は、限られた島嶼環境において、大陸近縁種には見られない、劇的な表現型変化を伴う種分化や性表現の進化を経験している。それでは、このような生態的種分化と性表現進化はどのような遺伝的基盤のもとで進行したのだろうか？また、これら固有種群の祖先はいつ・どこから小笠原諸島へやってきたのだろうか？

これらの疑問に答えるため、発表者らは全ゲノムデータを用いた解析を進めている。本発表では、固有種群の起源および移入年代、過去の集団動態に加え、性別を決定するゲノム領域や性決定に関与する可能性のある候補遺伝子について、これまでに得られた知見を紹介する。

講演要旨

日本産針葉樹全種の遺伝的多様性統合解析

陶山佳久（東北大学大学院農学研究科）・高橋大樹（九州大学大学院農学研究院）

針葉樹は、わが国の林業および自然植生の基盤をなす重要種群である。その遺伝的多様性の把握は森林管理・保全の根幹であるが、従来研究は種ごとに異なるマーカーを用いた個別解析が主流であり、種間での相対比較や日本列島規模での包括的な分化過程の解明は困難であった。本研究では、日本産針葉樹全種（39種：分類学的に検討が必要な分類群も網羅）を対象に、統一的なゲノムワイド SNP 解析手法を用いることで、日本産針葉樹における遺伝的多様性の全体像を解明することを目的とした。

既往研究で収集された約 20,000 個体に、未着手種・地域を補完する新規サンプルを加え、全 39 種の分布域をほぼ網羅する 21,192 個体の DNA サンプルを集約した。このうち、代表的な約 10,000 個体について MIG-seq 法により SNP データを取得し、集団遺伝統計量の算出、遺伝的集団構造解析（ADMIXTURE 等）、および過去の有効集団サイズの推移や分岐年代の推定を行った。

種別解析では、既知の遺伝的分布境界の再確認に加え、これまで未報告であった隠蔽種の可能性のある系統の存在や、特定地域における種間雑種形成の実態などが明らかとなった。全種を対象とした統合解析の結果では、各種の遺伝的多様性の多寡を同一指標で比較することに成功した。また、種間で共通する遺伝的境界として、津軽海峡、東北地方南部、近畿地方、トカラギャップなどが検出され、日本列島の地史的背景が各樹種の分布形成に与えた共通の影響が浮き彫りとなった。

本成果は、気候変動下における森林遺伝資源の保全優先順位の策定や、種苗の移動ガイドラインの科学的根拠など、わが国の林業・森林保全のために活用することのできる重要な基盤情報である。

講演要旨

ブナにおける気候勾配に関連した自然選択の推定

頼 承筠・戸丸信弘（名古屋大学大学院生命農学研究科）

ブナ (*Fagus crenata*) は、葉面積や開芽期などの形質において明瞭な地理的変異を示し、環境勾配に関連した自然選択による局所適応が生じていると考えられる。一方、ブナ林は急激な気候変動により分布域の大幅な減少が予測されており、将来的なブナ林の保全管理のためには、ブナ林の優占種であるブナにおいて、ブナの局所適応をもたらす遺伝的変異（適応遺伝変異）を解明する必要がある。本研究では、分布全域を網羅する 69 集団 541 個体の RAD-seq によって検出された SNP データを用いて遺伝的多様性と集団遺伝構造および自然選択の推定を行った。

まず遺伝的多様性と集団遺伝構造の解析の結果、南西集団で遺伝的多様性が低下している傾向が認められた。また、先行研究で検出された 3 系統（日本海側、太平洋北東側、太平洋南西側）に加え、本研究では日本海側系統内でも南北の遺伝的分化が認められ、2 つの系統に分化していることが示唆された。

次に、環境適応に関連する SNP の検出を試みた。pcadapt と BayeScan によるアウトライヤーの検出、さらに LFMM と RDA を用いた生物気候変数との関連解析を組み合わせた結果、気候勾配と有意に関連する候補 SNP が特定された。ブナのアノテーションデータを用いて候補 SNP が座乗する遺伝子の機能を調べたところ、ストレス耐性などの環境適応に関わる機能が推定された。これら候補 SNP の遺伝子型頻度は気候勾配に関連した地理的パターンを示した。以上の結果から、ブナの分布域において、気候勾配に関連した分化選択（divergent selection）が働いていることが示唆された。

講演要旨

気候変動と遺伝的オフセット：スギ集団ゲノミクスによる将来適応評価

内山憲太郎（森林総合研究所）

急速な気候変動の進行に対して、世代交代の遅い森林樹木がどの程度まで環境変化に応答し得るのかは、森林生態系の持続性を考える上で重要な問題である。南北に長い緯度勾配と急峻な地形、さらに多様な降水・積雪環境を併せ持つ日本列島は、樹木集団が形成してきた環境適応の空間構造を検証する上で格好の舞台である。本講演では、この日本列島の気候的・地理的多様性を背景として、日本の主要造林樹種であるスギ (*Cryptomeria japonica*) を対象に、集団ゲノミクスと将来気候予測を統合した適応評価の試みを紹介する。

全国 22 の天然林集団 (249 個体) から得られた ddRAD-seq データに基づき、約 3 万 SNP を用いて環境要因と関連する遺伝変異を抽出した。その結果、冬季気温や降水量に関連する少数の遺伝変異が、日本海側と太平洋側という列島規模の気候差に対応して、空間的に明瞭な分化を示すことが明らかとなった。さらに、機械学習手法である Gradient Forest 解析を用いることで、適応的遺伝変異の分布を規定する主要な気候要因を同定するとともに、将来の気候シナリオ下において、現在の遺伝的構成と将来環境下で求められる遺伝的構成との乖離を「遺伝的オフセット」として定量化した。

高排出シナリオでは、西日本や日本海側低地、太平洋側内陸部などで遺伝的オフセットの顕著な増大が予測され、将来の適応リスクが地域ごとに大きく異なる可能性が示唆された。本講演では、スギをモデルとして、集団ゲノミクスが過去の集団史や適応進化の解明にとどまらず、将来の森林管理や遺伝資源の扱いを考える上で、どのような予測的情報を提供し得るのかを議論したい。