

【話 題】

植物および動物ゲノム国際学会 (Plant & Animal Genome XXI) に参加して

能勢 美峰^{*1}

はじめに

Plant & Animal Genome XXI (植物および動物ゲノムに関する学会) は、2013年1月12~16日にかけてアメリカのサンフランシスコにある Town & Country Hotel において行われた。この国際学会は毎年この時期に開催されており、今回で21回目になる。植物から動物までの幅広い生物種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。口頭発表 718 件で構成された 158 にも及ぶワークショップ、1,019 件のポスター発表、120 以上の企業による研究機材や試薬などの展示が行われ、大変規模の大きい大会であった。林木関連では、ユーカリが 13 件、ポプラが 13 件、マツが 16 件、トウヒが 5 件、その他が 10 件の発表があった (表-1)。

マツのゲノム研究

林木研究で特に目立ったのがアメリカで行われている針葉樹ゲノムプロジェクト「PineRefSeq」に関する発表であった。このプロジェクトはアメリカのカリフォルニア大学と他 8 機関が主体となって進められており、3 種類の針葉樹、テーダマツ (*Pinus taeda*)、シュガーパイン (*P. lambertiana*)、ダグラスファー (*Pseudotsuga menziesii*) の、①信頼性の高いリフェレンスとなるゲノム配列を得ること、②発現遺伝子のシーケンス情報を収集すること、③林木のデータベースの構築、を目的として進められている。

全ゲノム配列解析では、ゲノムの複雑性をいかに克服するかが課題となっていた。そこで、全ゲノムショットガン法に加えて、ホスミドライブラリーを用いた解析が進められており、発表時点で推定されているテーダマツのゲノムサイズは約 22 Gb であった。

テーダマツとシュガーパインでは、部位ごと (雄花、

雌花、針葉、根、材と樹皮など) や時期ごとに発現する遺伝子のシーケンス情報が収集されている。今後も、20 種類に及ぶ様々なストレスを与えた状態で発現する遺伝子情報の収集が行われる予定である。

テーダマツの連鎖地図作成も進められている。SNP (一塩基多型) マーカーを主とする 2,382 個の DNA マーカーを用いて解析したところ、12 連鎖群で構成され、全長は 1,458 cM だったと報告している。1 マーカーあたりの遺伝距離は平均 0.612 cM となり、テーダマツにおいて最も密度が高いものが作成された。

トウヒのゲノム研究

カナダではゲノムプロジェクト「SMarTForests」によってトウヒを主とした針葉樹のゲノム研究が進められている。ホワイトスプルース (*Picea glauca*) のゲノム解析や、ゲノミックセレクションのための RNA シークエンスを用いた SNP 探索、高密度マップの作成が進められている。

Natural Resource Canada らのグループは、ホワイトスプルースの材質のゲノミックセレクションを行っていた。30 年生の約 1,700 個体の材質を SilviScan で解析し、次世代シーケンス (illumina) によって明らかになった 2,500 遺伝子座 7,000 個の SNP を用いて解析している。その結果、単独で影響する SNP は 400 個、複数のものは 600 個存在し、それぞれ形質の 1.1~3.3% を説明すると報告していた。

また、北米ではゾウムシ (white pine weevil; *Pissodes strobe*) によるトウヒの被害とともに、キクイムシ (mountain pine beetle; *Dendroctonus ponderosae*) による被害が報告されている。このキクイムシは、近年、これまでの宿主であったコントルタマツ (*Pinus contorta*) から新たにバンクシアナマツ (*Pinus Banksiana*) にも広がっていることから、樹種による防御反応の違いについて研究が

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

¹ のせ みね 森林総合研究所林木育種センター

行われていた。これらの病害虫の研究において、防御に関連するホルモン濃度（アブシジン酸やジャスモン酸）、光合成の評価（気孔コンダクタンス）、分布の環境影響の評価（水分環境）、マイクロアレイによる時系列的な遺伝子発現解析、モノテルペンをはじめとする防御関連遺伝子のファンクショナルゲノミクスなど、多方面からのアプローチを用いた防御や抵抗性反応のメカニズム解明が進められていた。

ポプラのゲノム研究

ゲノムの全シーケンス情報が既に明らかになったポプラにおいては、Sequence capture 法などを用いたエクソンやその上流など特定領域に絞ったリシーケンスが進められていた。これにより、アソシエーション解析に用いる個体群の SNP 探索の効率化が図られている。また、ポプラはバイオエネルギーの面からセルロース系エタノールを効率良く作出できる可能性が高いことから、目的形質に関与するリグニンやセルロース合成関連遺伝子に絞ったアソシエーション解析も行われていた。

ArBorGen Inc のグループは遺伝子組換えを用いてポプラの耐寒性を向上させることに成功している。また、PrMC2-barnaseH102E カセットを組み入れることでポプラの雄性不稔化にも成功しており、大変興味深いことに、同様の結果がマツでも得られたと報告している。被子・裸子植物の両方で雄性不稔化したことから、幅広い植物種において適用できる可能性がある。

環境適応に関する研究

カナダのブリティッシュ・コロンビア大学のグループはコントロールマツと *Picea engelmannii* × *P. glauca* を温度・湿度・光の異なる人工環境下で育成し、遺伝子発現の違いを解析している。また、アメリカの USDA のグループは異なる自然環境下に植栽したダグラスファーの RNA シーケンスを行い、環境・季節・家系と発現遺伝子の関係を研究していた。

フランスの INRA のグループは、2カ所の試験地におけるユーカリ (*Eucalyptus urophylla* × *E. grandis*) の成長形質の QTL 解析を進めている。その結果、材質の QTL は試験地によって差はないが、樹高では環境によって異なっていることが報告された。

オーストラリア国立大学の J. Borevitz を中心としたグループは、モデル植物であるシロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) を用いた適応研究を進めていた。一般的にシロイヌナズナの開花時期の研究は特定の環境条件下で育成したものが用いられるが、人工気象室において気温・光（日長、波長）・湿度を制御することで各地域における年・日変化を再現し、gene × seasonal environment の局所適応の研究を行っていた。

樹木データベース

アメリカのゲノムプロジェクト「PineRefSeq」によって作成された樹木データベース「TreeGenes」が紹介された (<http://dendrome.ucdavis.edu/treegenes/>)。80 属 1268 種もの情報を扱っており、内容としては、種のカテゴリ学的情報、サンプルトラッキング情報（Forest Tree Genetic Stock Center と連携した DNA 抽出液の有無とサンプルを採取した個体情報など）、遺伝子情報（シーケンス、遺伝子型、プライマーなど）、連鎖地図、形質（抵抗性、樹高など）、関連文献、関連施設や研究者情報などが登録されている。また、TreeGenes のデータを扱った検索サイト「CartograTree」では、GIS を用いて、個体の位置情報や気象情報なども知ることができる (<http://dendrome.ucdavis.edu/cartogratree/>)。

終わりに

全体の傾向としては、次世代シーケンサーを用いていかに効率よくゲノムや RNA シーケンス情報を収集し、それらをどのようにしてアソシエーション解析やゲノミックセレクションに結びつけて行くのか、というものであった。先行して行われている針葉樹のテーダマツやホワイトスプリースの研究に続き、いずれ日本の主要林業樹種であるスギにおいてもアソシエーション解析の成果が出てくるであろう。しかし、関連遺伝子を特定した後、その情報をどう利用していくのか？また、どのようなメカニズムでその遺伝子が働き、どのような環境下で機能を発揮するのか、更なる情報が求められてくる。育成に時間のかかる林木を扱うにあたり、アソシエーション解析後の、先を見越した研究戦略が求められているように感じた。

表-1 森林分野の発表課題一覧

属	樹種	研究機関	国	内容	発表形式
ユーカリ	<i>Eucalyptus</i>	University of Florida 他	アメリカ	サビ病抵抗性のゲノミックセレクション	口頭
ユーカリ	<i>Eucalyptus</i>	GYDLE 他	カナダ	遺伝子解析ソフトGydlleの紹介	ポスター
ユーカリ	<i>Eucalyptus</i> 39種	GYDLE 他	カナダ	次世代シーケンシングを用いたユーカリクレードの比較ゲノム	口頭
ユーカリ	<i>Eucalyptus grandis</i>	UNESP	ブラジル	アクアポリン遺伝子の発現とプロモーター解析	ポスター
ユーカリ	<i>Eucalyptus grandis</i>	UNESP	ブラジル	alanine- glyoxylate aminotransferaseの発現解析	ポスター
ユーカリ	<i>Eucalyptus</i> 5種	UNESP 他	ブラジル	レトロトランスポゾンによる多様性評価	ポスター
ユーカリ	<i>Eucalyptus</i>	UNESP 他	ブラジル	種特異的SCARマーカーの開発	ポスター
ユーカリ	<i>Eucalyptus</i>	Instituto de Investigacao Cientifica Tropical 他	フランス	材形成におけるmiRNA	ポスター
ユーカリ	<i>Eucalyptus urophylla</i> × <i>E. grandis</i>	INRA 他	フランス	成長のQTL解析と環境影響評価	口頭
ユーカリ	<i>Eucalyptus urophylla</i> × <i>E. grandis</i>	INRA 他	フランス	高密度マップの作成	ポスター
ユーカリ	<i>Eucalyptus grandis</i>	LESV 他	フランス、南アフリカ	フェニルプロパノイドとリグニンに関連する遺伝子の単離	口頭
ユーカリ	<i>Eucalyptus grandis</i>	LESV 他	フランス、南アフリカ	フェニルプロパノイドとリグニンに関連する遺伝子の単離	ポスター
ユーカリ	<i>Eucalyptus grandis</i> + 陸上植物	University of Pretoria	南アフリカ、カナダ	CAZymeタンパクの比較ゲノム	口頭
ポプラ	<i>Populus trichocarpa</i>	Oregon State University	アメリカ	培養増殖によるメチル化の変異	口頭
ポプラ	<i>Populus</i>	University of California, Davis 他	アメリカ	染色体数の変異やγ線照射による変異体	口頭
ポプラ	<i>Populus</i> 4種	University of California, Davis 他	アメリカ	リグニン、セリロース関連遺伝子を用いたアソシエーション	口頭
ポプラ	<i>Populus deltoides</i>	University of Florida	アメリカ	アソシエーション解析に用いる集団のExomeリシーケンシング	ポスター
ポプラ	<i>Populus</i>	University of Florida 他	アメリカ	透水係数や成長に関する遺伝子の単離 (QTL解析)	口頭
ポプラ	<i>Populus</i>	US Forest Service	アメリカ	二次成長に関する制御ネットワーク	口頭
ポプラ	<i>Populus trichocarpa</i>	Virginia Tech	アメリカ	Sequence capture法によるリシーケンシング	口頭
ポプラ	<i>Populus angustifolia</i> , <i>P. trichocarpa</i>	West Virginia University 他	アメリカ	種間の比較ゲノム (SNP)	口頭
ポプラ	<i>Populus trichocarpa</i>	Rothamsted Research	イギリス	成長関連遺伝子の単離 (QTL解析)	口頭
ポプラ	<i>Populus trichocarpa</i>	Aberystwyth University 他	イギリス、アメリカ	自然集団を用いたゲノミックセレクション	口頭
ポプラ	<i>Populus trichocarpa</i>	University of British Columbia	カナダ	赤サビ抵抗性のゲノミックセレクション	ポスター
ポプラ	<i>Populus nigra</i>	INRA 他	フランス	12K BeadChip Arrayの作成	ポスター
マツ、ポプラ		ArborGen Inc	アメリカ	遺伝子組み換えによる耐寒性向上と雄性不稔化	口頭
マツ	<i>Pinus contorta</i> , <i>Pinus banksiana</i>	University of Alberta	カナダ	Mountain pine beetleに対する反応の種による違いと環境影響	口頭
マツ	<i>Pinus radiata</i>	Scion 他	ニュージーランド	ゲノミックセレクションの効率化	ポスター
マツ	<i>Pinus strobus</i> , <i>P. monticola</i>	Natural Resource Canada 他	カナダ	温暖化に伴う環境適応を解析するためのSNP探索	ポスター
マツ	<i>Pinus taeda</i>	Indiana University 他	アメリカ	発現遺伝子シーケンシング情報の収集	口頭
マツ	<i>Pinus taeda</i>	North Carolina State University 他	アメリカ	遺伝子マーカーを用いた育種	口頭
マツ	<i>Pinus taeda</i>	North Carolina State University 他	アメリカ	交配家系を用いた遺伝評価、BLUP	口頭
マツ	<i>Pinus taeda</i>	Texas A&M University 他	アメリカ	複数親の交配家系によるQTL解析	口頭
マツ	<i>Pinus taeda</i>	Texas A&M University 他	アメリカ、ドイツ	ExomeシーケンシングによるSNP探索	ポスター
マツ	<i>Pinus taeda</i>	University of California, Davis	アメリカ	Fosmidシーケンシングを用いたゲノム解析	口頭
マツ	<i>Pinus taeda</i>	University of California, Davis 他	アメリカ	ゲノム解析の研究戦略	口頭
マツ	<i>Pinus taeda</i>	University of California, Davis 他	アメリカ	高密度マップの作成	口頭
マツ	<i>Pinus taeda</i>	University of Maryland	アメリカ	次世代シーケンシングデータを用いたゲノム解析	口頭
マツ	<i>Pinus taeda</i> , <i>Pinus elliotii</i>	University of Florida 他	アメリカ	種間、種内の多様性 (SNP)	口頭
マツ、トウヒ	<i>Pinus contorta</i> , <i>Picea engelmannii</i> × <i>P. glauca</i>	University of British Columbia	カナダ	異なる環境条件下における遺伝子発現	ポスター
マツ、トウヒ		University of British Columbia	カナダ	病害虫に対する防御反応	口頭
トウヒ	<i>Picea abies</i>	Norwegian Forest and Landscape Institute	ノルウェー	miRNAとエピジェネティックの関連性	ポスター
トウヒ	<i>Picea glauca</i>	Natural Resource Canada 他	カナダ	木材形質のアソシエーション解析	口頭
トウヒ	<i>Picea glauca</i> 他	Genome Science Center 他	カナダ	カナダのSMarTForestsプロジェクト紹介	口頭
クリ	<i>Castanea dentata</i>	US Forest Service 他	アメリカ	BACを用いたCyto-molecular Map	口頭
ユリノキ	<i>Liriodendron tulipifera</i> L.	Clemson University	アメリカ	連鎖地図のためのEST SSRマーカーの開発	ポスター
-	広葉樹9種	Chonnam National University 他	韓国、アメリカ	北米の広葉樹遺伝資源	ポスター
トガサワラ	<i>Pseudotsuga menziesii</i>	USDA	アメリカ	休眠期から成長期への移行に伴う遺伝子発現解析	ポスター
ヤナギ	<i>Salix purpurea</i> L.	Cornell University 他	アメリカ	次世代シーケンシングを用いたゲノム解析	口頭
-	針葉樹	Federal Research and Training Center of Forests	ヨーロッパ	針葉樹ゲノムプロジェクトProCoGenの紹介	ポスター
Callitropsis	<i>Callitropsis nootkatensis</i>	Oregon State University	アメリカ	次世代シーケンシングを用いた葉緑体ゲノム解析	ポスター
スギ	<i>Cryptomeria japonica</i>	森林総合研究所 林木育種センター 他	日本	遺伝子解析を用いたスギの伸長成長の研究戦略	ポスター
-	-	University of California, Davis	アメリカ	林木のデータベースTreeGenesの紹介	口頭
-	-	University of California, Davis	アメリカ	林木データベースの検索サイトCartograTreeの紹介	口頭