

# 国際会議 Plant and Animal Genome XXVIIに参加して

## 1. 会議の概要

アメリカ合衆国のカリフォルニア州サンディエゴ市で毎年開かれているPlant and Animal Genome (通称PAG)は、農林水産関連分野におけるゲノム解析(アグリゲノム)の世界最大規模の国際会議です。27回目となる今回は、2019年1月12日から16日にかけて開催されました。多種多様な生物種や解析技術を対象とした204件(うち23件は企業)のワークショップ登録、1,247件のポスター発表登録、2,497件の公演要旨登録、研究資料等を取扱う136社の企業展示が行われ、主催者の発表では、合計3,697名の参加登録があり、日本からは国別で全体の5番目に多い79名が参加しました。

## 2. 林木におけるオミクス解析の一般化

生物の体内にある遺伝情報や転写産物、たんぱく質などの基本単位に着目して、その全てを網羅的に解析する研究分野は「オミクス」と呼ばれます。PAGでは、林木に関するワークショップも行われ、この中で、育種の効率化や加速に向けた基礎情報を得るため林木にもオミクスの解析を応用した研究等、合計15件の口頭発表および26件のポスター発表が行われました。

この中で、針葉樹に関しては、アメリカのNeale博士らが中心となり進めてきたマツ科3種(テータマツ、ベイマツおよびサトウマツ)やセコイア2種の遺伝情報の全て(ゲノム)を解析するプロジェクトの進捗や、スウェーデンのBaison博士らによるオウシュウトウヒの材質に関連した形質の遺伝子座の検出などが報告されました。林木育種センターから参加した三嶋、平尾および永野の3名も、それぞれ、カラマツとグイマツの完全長遺伝子配列の収集、スギの完全長遺伝子配列の構築およびスギの成長と材質の予測モデルに関して、オミクス解析の成果を取り入れた発表を行いました。

ポプラ、ヤナギもしくはユーカリなどの早生樹に関しては、針葉樹よりもオミクス解析が進んで

おり、すでに公開されている参照可能なゲノム配列を用いて転写産物や遺伝子の修飾を網羅的に解析し、材質、低温応答性、病害抵抗性などの形質と関連のある機能遺伝子を探索する研究の成果が報告されました。また、アメリカのNagle博士のように、光を波長ごとに分けて撮影するハイパースペクトラルカメラを利用して、複数検体について表現型を高速に取得する取り組みも紹介されました。

このように、対象とする樹種の特性或研究の規模によって程度は異なるものの、林木においても様々なオミクス解析が行われています。

## 3. 網羅的解析を可能にする解析技術の発展

林木を含む様々な生物種を対象に広くオミクス解析が行われるようになった背景には、例えば、一度の解析で数千億単位の塩基もしくは十万塩基を超える長さの配列を出力する塩基配列解析装置、配列をつなぎ合わせるプログラム、配列の差異を検出する技術、画像やセンサー等により表現型や環境データを大規模・高解像度に取得する技術、また、これらの大量のデータの解析を可能にするコンピューターなど、多方面にわたる解析技術の発展が大きく関わっています。これら日進月歩の解析技術をいち早く林木の育種に取り入れるためにも、PAGでの情報収集は大いに役に立っています。次回のPAG XXVIIIは、同会場にて2020年1月11日から15日にかけて行われる予定です。

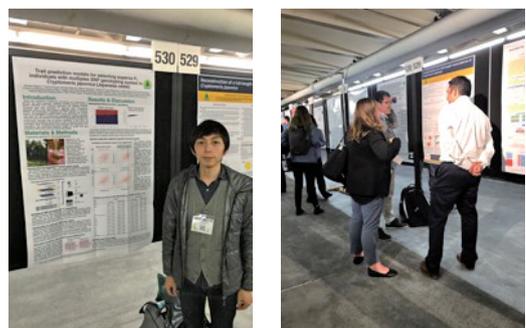


写真:ポスター発表会場の様子

(育種部 育種第一課 永野 聡一郎)