



DNA 情報からスギの表現型を予測するモデルの開発と改良

林木育種センター:永野 聡一郎・安田 悠子・平尾 知士・松下 通也・三嶋 賢太郎・高橋 誠
 林木育種センター東北育種場:井城 泰一 林木育種センター関西育種場:高島 有哉
 宇都宮大学:石栗 太 静岡県立農林環境専門職大学:平岡 裕一郎

林 木は成長して交配可能になるまでの期間が長く、育種に長い年月を要します。どのような交配を行えば望ましい性質をもつ個体を得られるのか、DNA 情報を利用して早期に予測できれば、育種の期間を短縮できます。このため、個体の遺伝子型から形質を予測する技術の開発を進めてきました。スギの遺伝子が乗っている染色体全体を網羅するように取得した多数の DNA 変異の情報から、成長や材質などの形質を予測する統計モデルを作成し、モデルの予測精度に影響する要因を調べました。その結果、形質によって、全ての個体を対象とした場合よりも遺伝的な類似性を考慮したモデルで予測した方が高い予測精度を得られる場合があることがわかりました。

成 果

■ 長い期間を必要としてきた林木育種を効率的に

林木は成長して交配可能になるまでの期間や、材質などの形質を測定できるようになるまでの期間が長くなるため、育種にも長い年月を必要としてきました。林木育種事業が始まって60年以上になりますが、現在スギでは第二世代の選抜を進めつつ、それと並行して第三世代の選抜にむけて選抜集団の育成を進めているところです。このように長い期間を必要とする林木育種を効率的に進めるためには、あらかじめ個体のもつ遺伝的な特性を評価したうえで交配を設計し、どのような交配を行えば望ましい性質をもつ個体を得られるのかを予測することが重要です。

■ 多数の遺伝子変異の情報から形質を予測する

例えば、一組の遺伝子によって決まる形質であり、その遺伝子が予め分かっているならば、両親のその遺伝子の変異を解析して遺伝子型を把握したうえで交配することで、子の遺伝子型から形質を予測することは比較的容易に行うことができます。しかし、多数の遺伝子が関わっている形質の場合にはどうでしょうか。もし関係する遺伝子が明らかになっていて遺伝子の変異を全て把握できていたとしても、その組み合わせ次第で個体の遺伝子型は幾通りにもなり、子の遺伝子型から形質を予測するのは難しくなることが予想されます。ましてやスギなどの林木では機能がわかっていない遺伝子が大半です。このため、スギの遺伝子が乗っている11対の染色体を網羅するように約二千の一塩基多型を取得し、その遺伝子型から成長や材質などの形質を予測するモデルを作成しました。材料として用いたのは、茨城県日立市の育種集団林に植栽されたスギ第一世代精英樹を親とする後代 (F1) 集団576個体です。実際の個体の形質の実測値とモデルによる予測値との相関係数を予測精度としてモデルの当てはまりの良さを検討しました。

■ モデルの予測精度に与える 遺伝的な類似性の影響

まず全個体を対象として形質予測のための統計モデル

を作成し、次に主成分分析により集団の遺伝的な類似性を考慮して得られた3つのグループ(図1)について、各グループを対象として予測モデルを作成しました。その結果、全個体を対象としたモデルでは、成長形質である樹高や胸高直径よりも材質関連の形質の予測精度が高い傾向がありました(図2)。また、遺伝的な類似性を考慮したモデルでは、グループによって傾向は異なるものの、材質関連形質を中心として全個体を対象とした場合よりも予測精度が向上しました(図2)。このことは、多数の DNA 情報を用いて表現型予測を行う際に、集団内の遺伝的構造を考慮することが重要であることを示唆しています。今後、さらに解析を進めることで、親系統の遺伝的な類似性を考慮して、効率的な交配の設計を行うことができるようになることが期待されます。

研究資金と課題

本研究は、本研究所の実施課題「高速育種のための DNA マーカー等の開発」による成果です。

専門用語

育種: 品種改良を行うこと。

一塩基多型: DNA などの特定の塩基配列のうち一塩基のみ他の種類の塩基に入れ替わった状態。

形質: 生物の形や色や生理的な特性などの性質。

主成分分析: 多くの変数がある場合にそれを比較的少数の主成分とした変数として要約するためのデータ解析の手法。第一主成分と第二主成分は、それぞれ元になった多数のデータを一番目と二番目に説明する要約された変数。

精英樹: 林木の形質が特に優れている個体。

統計モデル: 収集したデータを統計学的な観点で抽象化し、データが得られた背景にある事象を説明するための要素の組み合わせ。

変異: 遺伝子の配列が変化すること、または変化した状態。

林木: 林業に用いる樹木。

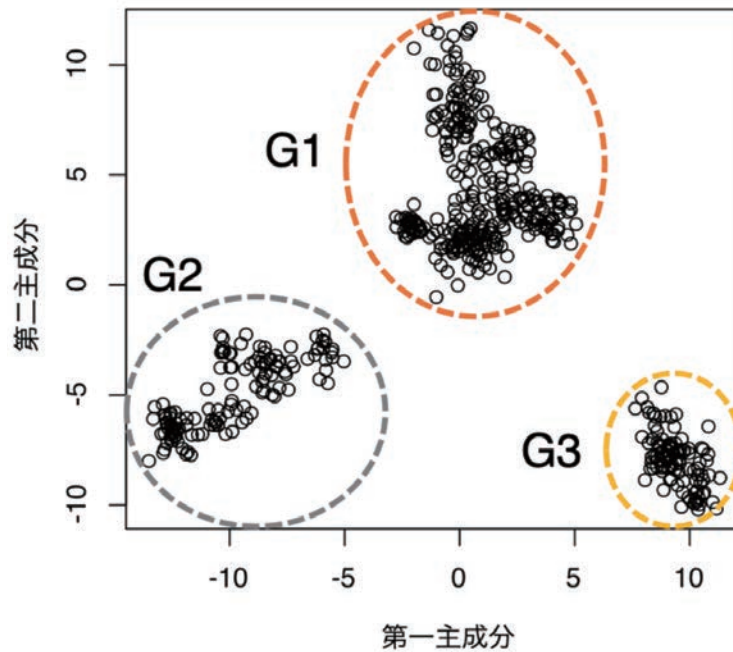


図1 解析対象576個体の遺伝的な類似性

主成分分析により解析対象の精英樹雑種第一代集団は遺伝的に類似する三つのグループ(G1、G2、G3)に分かれることがわかりました。

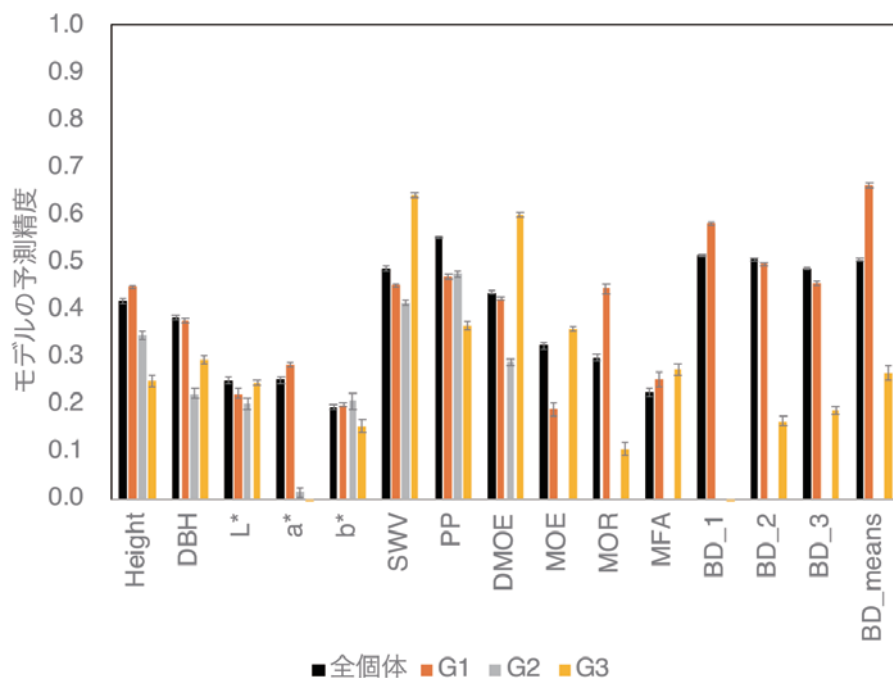


図2 遺伝的多型を用いた形質予測モデルの予測精度

黒色、橙色、灰色、黄色のバーはそれぞれ、全個体、G1、G2、G3を用いた統計モデルの形質ごとの予測精度(n=10、平均値±標準誤差)を表します。各形質は次の通りです;Height、樹高;DBH、胸高直径;L*・a*・b*、材色;SWV、応力波伝播速度;PP、ピロディン陥入量;DMOE、動的ヤング率;MOE、静的曲げヤング率;MOR、静的曲げ強度;MFA、ミクロフィブリル傾角;BD_1・BD_2・BD_3・BD_means、1-5年輪・6-10年輪・11-15年輪・1-15年輪平均の各容積密度数。