

報道関係者各位

日本産樹木種の 70%以上を網羅する DNA バーコードライブラリーを公開 －生態系保全など幅広い活用が可能－

ポイント

- ・DNA バーコーディングは、データベースにある既知種の DNA 配列と照合することで、生物の種を同定する手法です。
- ・今回、日本産木本植物種の 70%以上を網羅する DNA 配列のデータベース「DNA バーコードライブラリー」を作成・公開しました。
- ・木本植物種の同定が容易になり、学術研究だけでなく生態系保全や花粉症対策などさまざまな場面で活用できます。

概要

国立研究開発法人森林研究・整備機構森林総合研究所らの研究グループは、日本在来の木本植物種（樹木やつる植物）のうち70%以上（800種以上）を網羅するDNA配列のデータベース「DNAバーコードライブラリー」を作成し、ForestGENで公開しました。これは、国内の生物分類群のなかで最も包括的なDNAバーコードライブラリーのひとつです。

DNAバーコーディングは、特定の遺伝子領域の塩基配列に着目して、DNAバーコードライブラリーにある既知の種のDNA配列と照合することで、生物の種の同定を行う手法です。しかし、その実現のためには、生物種と塩基配列とが正しく対応づけられたデータベースが必須です。そこで、研究グループは、2008年から日本産木本植物を対象とした包括的なDNAバーコードライブラリーの作成に取り組んできました。

このDNAバーコードライブラリーを利用すれば、分類学の専門家でなくても木本植物種の同定が可能になるほか、個体の一部や原形を失った組織からでも同定が可能になります。また、環境中より採取されたDNAからも同定が可能となるため、基礎研究だけでなく生態系保全や花粉症対策などさまざまな場面で活用できます。

本研究成果は、2023年1月25日にMolecular Ecology Resources誌でオンライン公開されます。

背景

一般的に生物種の同定は、標本の形態学的特徴に基づいて、高度な専門知識を持つ分類学の専門家がを行います。しかし、形態学的特徴による同定では、個体の一部や原型を失った組織からは同定できないという問題がありました。そこで、近年では DNA の塩基配列をもとに、分子生物学的な手法による同定が行われるようになりつつあります。

このなかで現在、「DNA バーコード計画」と呼ばれる、地球上に生息するあらゆる生物種の遺伝子の DNA 塩基配列を解析し、データベース化しようという計画が、国際的コンソーシアム iBOL（International Barcode of Life）を中心に世界規模で推し進められています。この計画では、各生物種より DNA を抽出し、DNA 中の特定の遺伝子領域の塩基配列（植物については葉緑体 DNA 領域）を解読して、その塩基配列を 4 色のバーコードで表したもの（DNA バーコード）がデータベ

ースに登録されます（図1）。データベースであるDNAバーコードライブラリーには、形態学的特徴をもとに同定された学名や対応する証拠標本の採集地などの情報があわせて登録されます（図2）。

日本でも、すでにさまざまな分類群についてDNAバーコードライブラリーが作成されていますが、その多くが鳥類など動物を対象としたもので、植物についてはシダ植物以外ではまとまったDNAバーコードライブラリーがありませんでした。しかし、日本列島は非常に多様な植物相を有し、世界の35の植物多様性ホットスポットの1つでもあるため、日本固有の植物について包括的なDNAバーコードライブラリーが待ち望まれていました。



図1 DNAバーコード計画の概要

Specimen Details

Sample ID:	TW024057	Voucher Status:	Vouchered/Registered
Process ID:	JWP090-11	Collection:	Collection
Project:	JWP	Tissue Descriptor:	
Institution Storing:	Forestry and Forest Products Research Institute	Sex:	
Field ID:	JWP	Reproduction:	
Museum ID:	TW024057	Life Stage:	
Collection Code:	2005Saga	Extra Info:	
Reference Link:		Associated Taxa:	
Note:		Associated Specimens:	

Taxonomy

Sequence View for Process ID: JWP090-11

Specimen Details Current

Sample ID:	TW024057
Process ID:	JWP090-11
Project:	JWP
Tax Name:	Magnoliophyta, Magnoliopsida, Cornales, Hydrangeaceae, Hydrangea, Hydrangea paniculata
Taxon:	Hydrangea paniculata
Rank Name:	species
Sampling Protocol:	N/A
SNL ID:	N/A
Kingdom:	Plantae

Marker Summary

Marker Code	Sequence Length	GC	Amplification	Tree Count
trnL	628	42.5%	0%	0
atp6a	405	29.4%	0%	0
matK	796	34.5%	0%	0

Sequence Metadata

Sequence ID:	JWP090-11
Standard Code:	2021-06-21 00:00:00.000000
Sequence Name:	Forestry and Forest Products Research Institute

図2 DNAバーコードライブラリーのデータ閲覧画面（例：ノリウツギ *Hydrangea paniculata* の標本データ（奥）と塩基配列データ（手前））

内容

研究グループは、日本在来の木本植物を対象に DNA バーコードライブラリーを作成しました。日本の主要な植生、すなわち亜熱帯、温帯、亜寒帯、高山帯から木本植物の標本を採集しました。それらの標本を可能な限り低次の分類レベル（亜種または変種）まで形態学的特徴をもとに同定するとともに、DNA を抽出し、3 つの葉緑体 DNA 領域（*rbcL*、*matK*、*trnH-psbA*）の塩基配列を解読して、DNA バーコードライブラリーを構築しました。標本数は日本列島全域の 223 地点から合計 6216 個体（43 目 99 科 303 属 834 種）で、日本産木本植物の 77.3% の属と 72.2% の種を網羅しています。

この DNA バーコードライブラリーの有効性を確かめるため、BLAST（塩基配列比較のため利用される計算方法）を用いて、3 つの各バーコード領域による識別能力を試験しました。*rbcL*、*matK*、*trnH-psbA* の種レベルの識別能力は、それぞれ 57.4%、67.8%、78.5%、属レベルの識別能力は、それぞれ 96.2%、98.1%、99.1% でした。種レベルの識別能力は、2 つのバーコード領域を組み合わせると 90.6%~95.8% に向上し、さらに 3 つの領域を組み合わせると 98.6% にまで上昇しました。属レベルの識別能力は、2 つの領域を組み合わせただけの場合には 99.7%~100%、3 つの領域を組み合わせただけの場合には 100% に達しました（図 3）。これらの結果から、この DNA バーコードライブラリーは、日本産木本植物の包括的かつ有効なデータベースであるとし、森林総合研究所が運用する ForestGEN（<https://forestgen.ffpri.go.jp/jp/index.html>）で検索システムを実装して公開し、その他 Barcode of Life Database（BOLD）、Genbank にも登録しました。

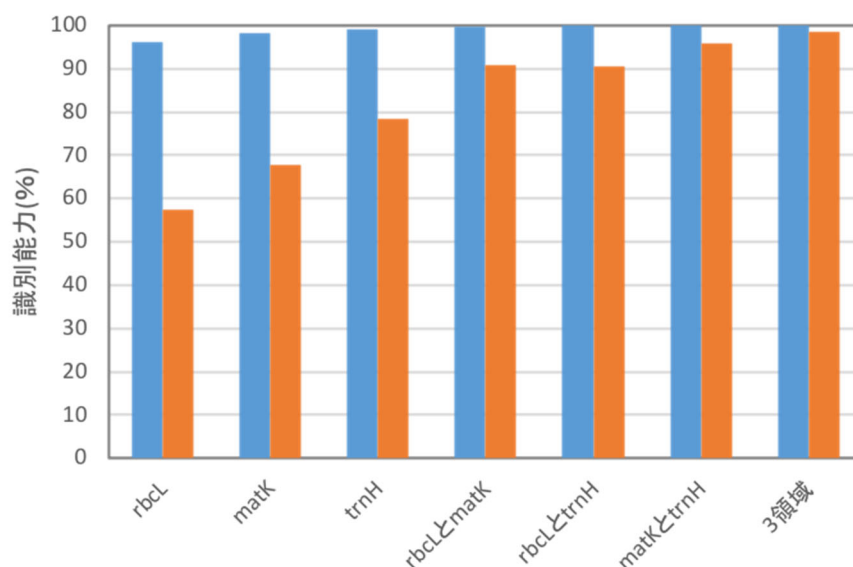


図 3 各バーコード領域、およびそれらを組み合わせることによる識別能力を表す。オレンジが種レベル、青が属レベルの識別能力を示す。

今後の展開

DNA バーコーディングによって、分類学の専門家でなくても種の同定が可能になるほか、個体の一部や原型を失った組織からも同定が可能になります。これにより、例えば、土壌堆積物から DNA を採取して分析すれば、その生態系における植物種の多様性を評価したり、過去の環境変動により失われてしまった森林の構成を明らかにしたりすることができます。また、希少動物や有害動物の糞から餌としている植物種を特定できるため、生態系内の食物網をより詳しく理解することができ、生物多様性や森林植生の保全に役立つ情報を得ることができます。さらに、空気中の花粉を採取して種の同定を行うことで花粉症の原因となる植物種や寄与の度を明らかにすること

も可能となります。

この DNA バーコードライブラリーが多くの人に利用され、多くの研究者が研究に用いた標本付き DNA 配列を登録するようになれば、データベースとして今後さらに充実していきます。

論文

論文名 A DNA barcode reference library for the native woody seed plants of Japan

著者名 Suzuki Setsuko, Kensuke Yoshimura, Saneyoshi Ueno, James Raymond Peter Worth, Tokuko Ujino-Ihara, Toshio Katsuki, Shuichi Noshiro, Tomoyuki Fujii, Takahisa Arai, Hiroshi Yoshimaru

掲載誌 Molecular Ecology Resources

DOI <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13748>

研究費 日本学術振興会「科学研究費助成事業（科研費）20248017、25292098」、国立研究開発法人森林研究・整備機構森林総合研究所「家族責任がある研究者のための支援制度」

共同研究機関

国立大学法人東北大学

お問い合わせ先

【研究に関するお問い合わせ】

森林総合研究所 樹木分子遺伝研究領域 生態遺伝研究室

主任研究員 鈴木節子

【報道に関するお問い合わせ】

森林総合研究所 企画部広報普及科広報係

Tel：029-829-8372 E-mail：kouho@ffpri.affrc.go.jp

本資料は、農政クラブ、農林記者会、林政記者クラブ、筑波研究学園都市記者会に配付しています。
