

針葉樹の巨大なゲノムを

解読する

林業研究部門 樹木分子遺伝研究領域

主任研究員 内山 憲太郎

温帯から亜寒帯において、主要な林業樹種となっているマツ科やヒノキ科の針葉樹は、どれもとても大きなゲノム（染色体中の全DNAのこと）を持っています。例えば、日本のスギのゲノムは、約110億対の塩基^(注1)をもって

おり、これは約3.9億対の塩基をもつイネのゲノムの約28倍にあたります(図1)。ご存知のように、DNAは生物の設計図です。このDNAの塩基配列を読み解くことで、複雑な生命現象や進化の歴史、環境応答のメカニズムなどを明らかにできます。しかし針葉樹のゲノムはあまりにも巨大なので、これまでそれを読み解くことは、ほとんどできませんでした。そこで、針葉樹のゲノムの中から、特定の領域に由来する数万のDNA断片を取り出し、その塩基配列を一度に読む手法を開発しました。具体的には、特

定の塩基配列の部位でDNAを切断する「制限酵素」とよばれる酵素を用いてゲノムをバラバラにし、できたDNAの断片のうち、特定の長さのものの塩基配列を次世代シーケンサーと呼ばれる新型シーケンサーで一度に読み解くという方法を用いました(図2)。

制限酵素には様々な種類があり、それぞれ切断する塩基配列の部位が異なります。手始めに、作物で利用されている制限酵素をスギに試したところ、数百万以上のDNA断片ができてしまい、次世代シーケンサーを使っても読み解くことができませんでした。そこで、約40種類の酵素の中から切断する部位の少ない2種類を選びましたが、それでもまだDNA断片が多すぎました。最終的に、この2種

類を組み合わせ、数万程度のDNA断片をゲノムの特定の領域から取得することで、その塩基

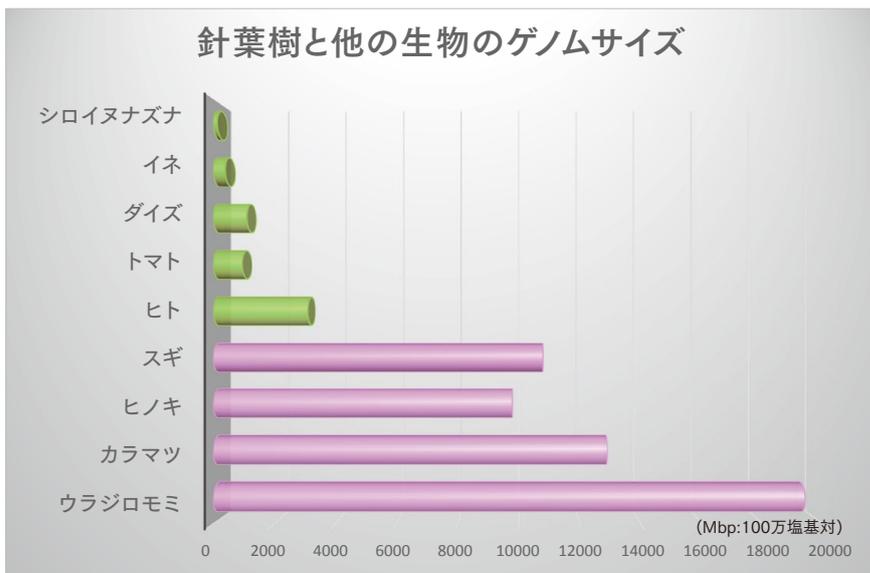


図1 針葉樹と他の生物のゲノムサイズ(染色体中の全塩基対の数)の比較
 ピンクで示した針葉樹(スギ、ヒノキ、カラマツ、ウラジロモミ)のゲノムサイズは90～200億塩基対であるのに対して、ヒトを含む他の生物のゲノムサイズは3.9～31億塩基対であり、針葉樹はとても大きなゲノムを持っていることが分かる。

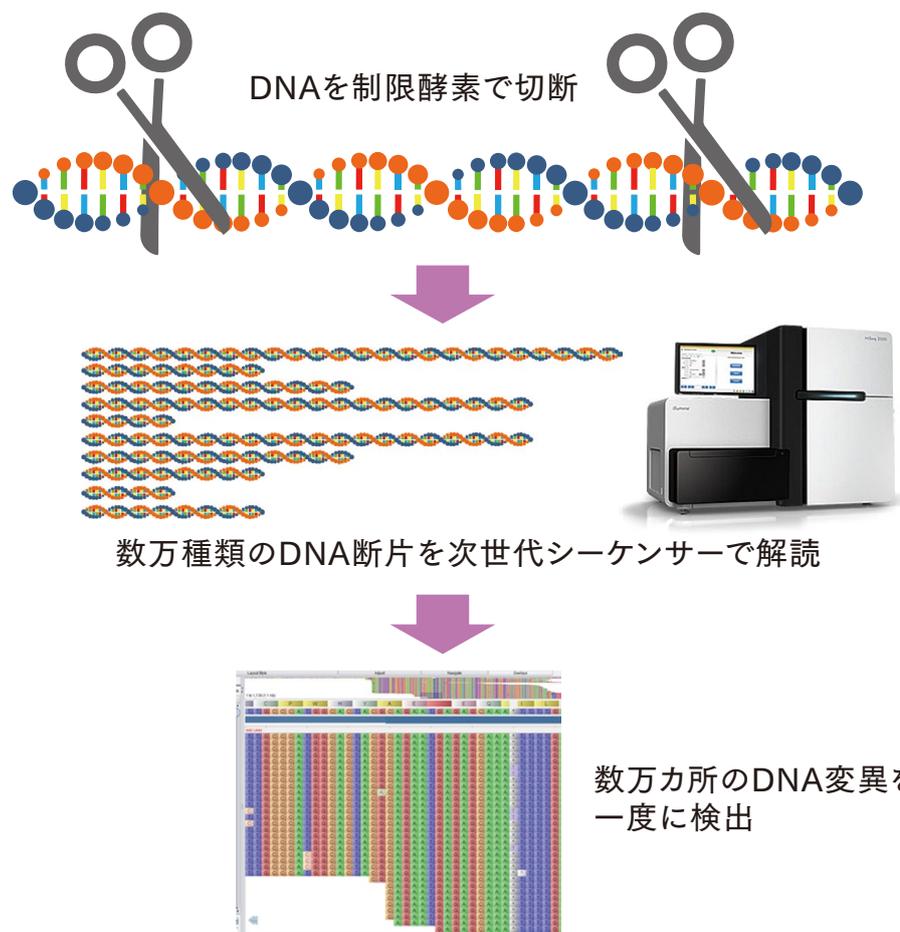


図2 大量のDNA塩基配列の変異を一度に検出する方法

特定の塩基配列を認識してDNAを切断する酵素でDNAをバラバラにし、切断されたDNAの塩基配列を次世代シーケンサーで解読する。ゲノム内の様々な場所を一度に読み取ることができるため、特定の形質に関わる遺伝子付近の遺伝的変異も検出可能となる。



写真1 南限の鹿児島県屋久島(左)と北限の青森県鱒ヶ沢(右)のスギ

スギの天然分布の中で、最も多雨かつ高温な環境に適応しているヤクスギと、多雪で低温環境に適応している鱒ヶ沢のスギ。ヤクスギの葉が開いているのに対し、多雪に適応した鱒ヶ沢のスギの葉は閉じてスレンダーになっている。この環境の異なる場所に生育している2個体の間では、ゲノム内に2万カ所以上の遺伝的変異を検出できた。これらの遺伝的変異の中に、スギの環境適応の秘密が隠されていると考えられる。

配列を読み解くことができました。そして、塩基配列が分かった領域を手がかりにして、その周辺の塩基配列を調べる手法を使い、スギの巨大なゲノムの全体が分かるようになりました。

スギは南は屋久島から、北は青森まで分布しており、幅広い気象条件の場所に生育しています(写真1)。今回、開発した方法を用いてスギの巨

大なゲノムを読み解くことで、スギがこのような幅広い環境にどうやって適応しているのか、温暖化に強いスギを育てるにはどうしたら良いのかなどの問いに、遺伝子レベルから答えるための道が開かれたと考えています。

(注1)塩基 A(アデニン)、T(チミン)、G(グアニン)、C(シトシン)の4種類