

# 日本産樹木の DNAバーコード データベースの構築



写真1 保管されている DNA サンプル  
9000個近いDNAサンプルが保管されている。

## DNAバーコードとは

生物種が異なれば、その生物の持つ遺伝子の塩基配列も異なります。塩基配列はATGCの4つの文字列で表現され、これらの塩基を異なる4つの色で示したものが、商品についているバーコードに似ていることから、DNAバーコードと呼ばれることがあります。特定の遺伝子領域のDNAバーコードをデータベース化しておけば、分類の専門家でなくても塩基配列から生物種の同定が可能になりますし、原型を失ってしまった生物の破片や動物の糞からでも、DNAさえ抽出できれば種の同定が可能になります。日本の貴重な天然資源の塩基配列をデータベース化することで、国内外の研究者が利用できる研究基盤を拡充することに繋がります。



図1 DNAバーコードのイメージ図  
生物種からDNAを抽出し、バーコード領域の塩基配列を取得しデータベース化する。

**日本産樹木種DNAバーコードデータベース**  
森林総合研究所では、日本産樹木種を対象にDNAバーコードデータベースの充実化を行っています。DNAバーコードのデータベースに用いるサンプルは、DNAの塩基配列だけでなく証拠となるさく葉・押し葉・標本も一緒に登録します。私たちが採取した大部分のサンプルでは、同研究所の木材加工・特性研究領域と協力し、木材標本も同時に採取しています。そうすることで、DNAの塩基配列を元に見視による同定ミスの可能性を検討できるようにになり、より確実なデータベースと

することが出来ます。生物種のどの遺伝子領域をDNAバーコードとして用いるかは、International Barcode of Life (IBOL) と呼ばれる国際的コンソーシアムによって決められており、植物では葉緑体DNAの rbcL, matK, trnH-psbA の3つの領域が推奨されています。

日本には103科361属、約1000種の在来樹木が分布しています。私たちは、日本各地からデータベース用のサンプルを収集し、これまでに、834種、6216個体のDNAから、葉緑体DNAの rbcL, matK, trnH-psbA の3つの遺伝子領域の塩基配列を合計1万4404配列取得しています。属レベルの識別能力(異なる属間で塩基配列が一致しない確率)は、1領域のみでは96~99%、3つの領域をあわせると100%でした。種レベルの識別能力(異なる種間で塩基配列が一致しない確率)は、1領域のみでは57~79%、3つの領域をあわせると99%でした。これらのデータは国際的なDNAバーコードデータベースであるBOLD (Barcode of Life Database) およびGenBankに登録され、一部のデータを除き、すでに公開されています\*。

## バーコードデータの利用と今後の課題

主要な日本産樹木種に対してDNAバーコードデータベースを構築することができました。また、それらは高い識別能

# 研究者の横顔

## Q1. なぜ研究者に？

「となりのトトロ」で木や森が好きになり、「風の谷のナウシカ」で生態系に興味を持つようになりました。さらに、高校時代に読んだレイチェル・カーソンの「沈黙の春」から、自分でも何か地球環境問題に対して行動したいと刺激を受け、このころから漠然と研究者を目指していたと思います。



鈴木 節子 *Suzuki Setsuko*

樹木分子遺伝研究領域

## Q2. 研究の魅力・醍醐味は？

世の中でまだ知られていない事実を世界で一番に知ることができる点です。面白い結果が出ると、早くみんなに知らせたい！！と思っています。



吉丸 博志 *Yoshimaru Hiroshi*

樹木分子遺伝研究領域

## Q3. 若い人へ

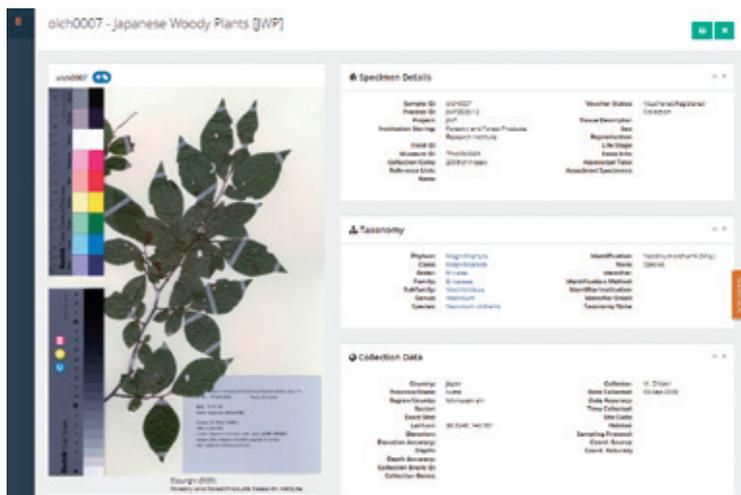
自身の努力はもちろん大事ですが、良い師、良い仲間に出会い、一緒に楽しみながら研究できる環境を得ることも重要だと感じています。

(鈴木)



吉村 研介 *Yoshimura Kensuke*

研究情報科



標本データ



塩基配列データ

図3 BOLDに登録されたDNAバーコードデータの一例

標本データと塩基配列データがあわせて登録されている。

\*同データは、森総研のForestGEN (<https://forestgen.ffpri.go.jp/en/index.html>)にも登録のうえ、2021年12月末に公開予定。

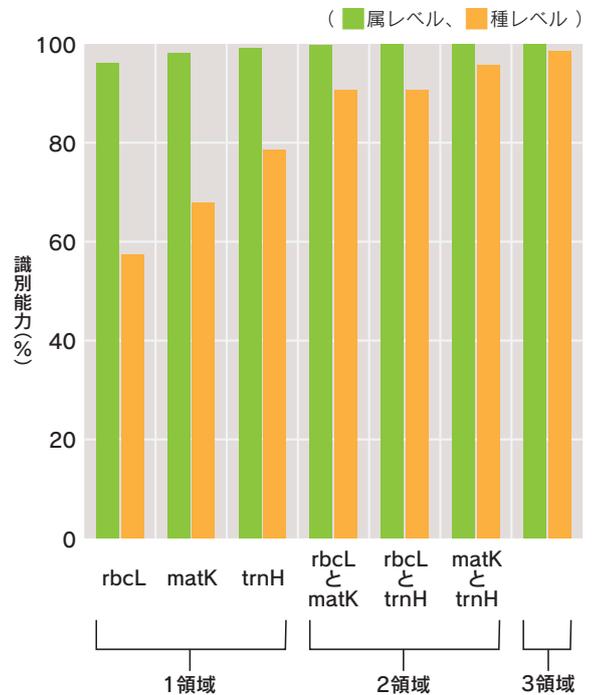


図2 DNAバーコード領域ごとの識別能力

属レベルでは100%、種レベルでも3つの領域をあわせることで、ほぼ確実に同定することができる。

謝辞  
 サンプル採取においては研究所内外の共同研究者や大学演習林の先生方のご協力をいただきました。この場をお借りして御礼申し上げます。  
 力があることが明らかとなりました。これらのデータはすでに、系統分類解析、希少動物や有害動物の餌となる種の同定などに使われています。しかし、特定の地域、特に南西諸島のサンプリングが不十分であることや、識別能力が科によっては低いものもありました。未採取種のサンプリングとDNAバーコード領域の追加が今後の課題です。