



成果の
利活用

スギのゲノム解読が進み、大量な情報が蓄積されることによって、有用な形質に関連する遺伝子についてゲノム上を網羅的に探索する「走査」が可能になりました。ゲノム情報をもとにして有用形質を支配する遺伝子の特定や優れた形質を示すクローンの遺伝子タイプを明らかにすることができるため、社会のニーズにあったスギの遺伝資源からの探索や、優れたスギを作出するための材料選びなどに利活用することができます。

要旨

スギの有用な形質を将来にわたって有効に利活用するために、それらの形質が環境変動に対して安定的か、それらの形質にはどのような遺伝子が関与しているのかを調べました。熊本、千葉、茨城で育成したスギ、約 1,200 本を伐採して成長量や材の様々な形質を測定したところ、成長に優れた個体は試験地が違って成長が良いなど、クローンとしての特性は植栽した場所にかかわらず比較的維持されていたため、遺伝要因が形質を制御していることが確認されました。その一方で、材のたわみにくさ、辺材の含水率、心材および辺材の容積密度について、全個体の平均値には明らかな試験地間の違いがあり、生育環境の違いも形質に影響を及ぼしていることがわかりました。

これらの形質に関与する遺伝子を膨大な DNA 情報を利用して試験地ごとに探索したところ、その種類や数は試験地によって異なり、環境の違いが遺伝子の発現にも影響を及ぼしている可能性が考えられました。環境の変化に影響を受けない無花粉形質については、その原因となる遺伝子 MS3 および MS4 のゲノム上の位置が明らかになり、無花粉個体を選抜するためのマーカーが開発されました。

形質の多くは複数の遺伝子に支配される量的な形質で、遺伝的な制御は受けるものの、環境の変化を受けて関与する遺伝子も実際の形質も変動することが明らかになりました。今後さらに、遺伝子と環境要因との関係について研究を進めることで、環境変動に伴う有用形質の将来予測につなげていきます。

有用遺伝子の特定に向けた スギ全ゲノム走査

スギの有用な形質を未来に活かして利用するために、環境の変化による形質の変動をとらえるとともに、それら形質の発現に関与する遺伝子を膨大なゲノム情報から探索しました。

研究代表者

樹木分子遺伝研究領域 松本 麻子



▼プロフィール

樹木分子遺伝研究領域において、樹木の遺伝的多様性や遺伝構造に関する研究を行っている。

担当研究機関

森林総合研究所（樹木分子遺伝研究領域、木材加工・特性研究領域、九州支所）、新潟大学、東京大学、熊本県林業研究指導所、千葉県農林総合研究センター森林研究所

問い合わせ先 TEL 029 - 829 - 8377（相談窓口）



表紙写真（左）：丸太ヤング率を測定した材、（右）：熊本試験地での伐倒の様子

ISSN 1349-0605

森林総合研究所交付金プロジェクト研究 成果 No.74

「有用遺伝子の特定に向けたスギ全ゲノム走査」

発行日 平成 30（2018）年 9 月 14 日

発行者 国立研究開発法人 森林研究・整備機構 森林総合研究所

〒305 - 8687 茨城県つくば市松の里1番地

電話 029 - 873 - 3211（代表）

※本誌掲載記事及び写真の無断転載を禁じます。



国立研究開発法人 森林研究・整備機構
森林総合研究所
Forestry and Forest Products Research Institute



背景と目的

日本のスギ人工林の多くが現在伐期を迎え、伐採、収穫後の造林が各地で進められています。再造林でどのようなスギを植えるかについては、将来を見すえてしっかり検討する必要があります。これまでも成長や材質などに優れたスギが積極的に造林に用いられています。

その一方で、その優れた特性がどこで育っても安定しているのか、特に地球温暖化などに伴う環境変動が予想される今日では不明な点も多く、期待どおりのスギに育つのかはよく分かっていません。成長や材質などのような建材に求められる形質だけでなく、花粉症対策やバイオマス燃料など新たな利用目的に関係する有用形質が、環境変化にどのように応答し、期待した特性を発揮することができるかは重要な問題です。この問いに答えるために、本課題では遺伝学的視点から生育環境の違いを考慮した実験デザインを組み、スギの有用形質の評価と膨大なゲノム情報を用いた遺伝子探索を行いました。

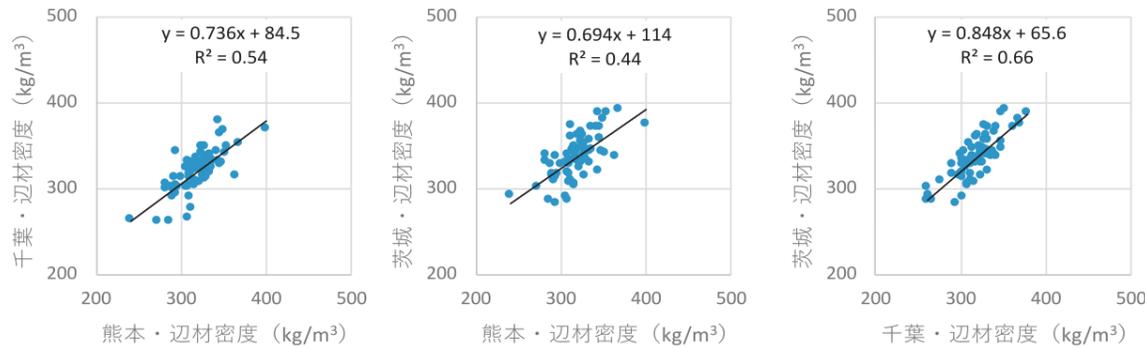


図1 試験地間のクローンの関係の例

熊本、千葉、および茨城の試験地に植えた同一クローンの辺材密度を比較すると、ある試験地で高いクローンは別の試験地でも高く、低いクローンは低いという傾向がみられました。

成長や材形質は環境と遺伝の両方の影響を受ける

熊本、千葉、茨城の試験地で約10年間育成したスギ（交配家系147クローン約1,200本）を2015年より伐採して樹高、幹の太さ、材のたわみにくさ（ヤング率）、含水率、容積密度を測定しました。これらは量的形質と言われる形質で、成長に優れたクローンはどこで育っても成長が良いというように、測定した全ての形質でクローンの特性が比較的維持されていることがわかりました（図1）。

一方で、各試験地での全クローン個体の平均値を比較すると、ヤング率、辺材の含水率、心材・辺材の容積密度では明確な差が見られ、同じ遺伝情報をもつクローンを育てても環境によって形質発現が影響を受け、測定値が変わると考えられました（図2）。

続いて各形質に関与する遺伝子を見つけるために、形質値とゲノム上に散在する3,730のDNAマーカーとの関連を解析しました。その結果、形質値に影響する遺伝子の数やゲノム上の位置は試験地ごとに様々で、生育環境の違いは形質発現に関与する遺伝子の働きにも影響を及ぼしている可能性が示唆されました（図3）。

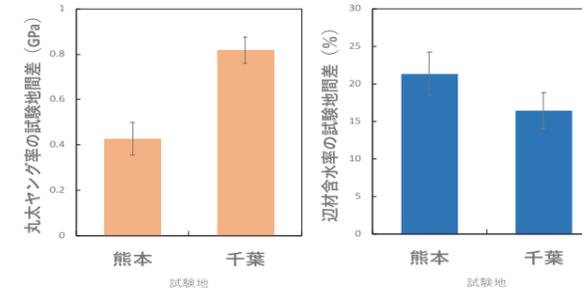


図2 有用形質を試験地ごとに比較した例

左図は、熊本と千葉の試験地のクローンごとの丸太ヤング率と辺材含水率を茨城の試験地と比較した結果です。

各試験地の全クローン個体の平均値を比較すると、丸太ヤング率、辺材含水率などでは、試験地間に有意差がある(P=0.00)という結果が得られました。

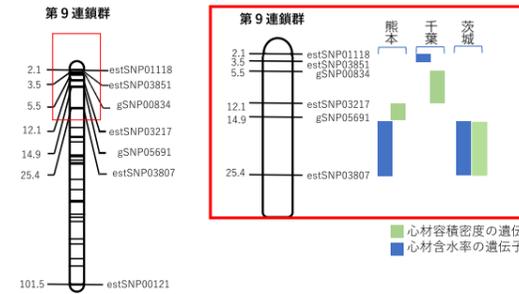


図3 連鎖地図上で検出された形質発現に関連する遺伝子の例

各試験地で第9連鎖群の上部に心材含水率、心材容積密度に関連する遺伝子が検出されました。

連鎖群の右側はゲノム情報から開発したDNAマーカー、左側の数値は連鎖群の最上端のマーカーを出発点とした時の各マーカーの位置を示します。距離の単位はcM(センチモルガン)です。

ゲノム情報の収集と無花粉の原因となる遺伝子のゲノム上の位置の特定

成長や材質のような形質とは異なり、無花粉（花粉が正常に生産されない）という形質は環境の影響を受けません。どのような場所で育成しても無花粉スギが花粉を着けるスギに変わることはありません。そのため、林業からアプローチする花粉症対策として、無花粉形質の利用はとても効果的です（写真）。無花粉の原因となる遺伝子（雄性不稔遺伝子）が特定できれば、時間と労力をかけて花粉の有無を確認せずに無花粉個体を選抜する技術開発が可能になります。この課題では、第2、第3世代と呼ばれる新型のDNAシーケンサーを用いてスギのゲノム塩基配列を網羅的に解読しました。集積された10万を超えるDNA情報を利用して雄性不稔遺伝子を探索した結果、これまでに遺伝情報のなかった雄性不稔遺伝子、MS3とMS4のゲノム上での位置を突きとめることができました（図4）。さらに、MS4を持つ個体を選抜するためのDNAマーカーの開発にも至りました。原因となる遺伝子の位置が特定されたことで、無花粉個体の検出が容易になるとともに無花粉になるメカニズムの解明にもつながります。



写真（左）：スギの枝に着いた多くの雄花
（右上）：無花粉スギの雄花断面
花粉粒が認められない。
（右下）：正常なスギ雄花断面
花粉粒が詰まっている。

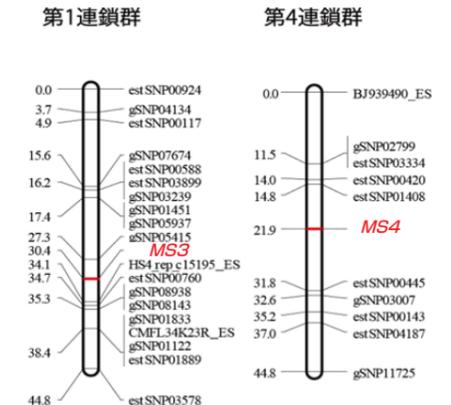


図4 無花粉形質の原因となる遺伝子MS3とMS4の基盤連鎖地図上の位置