

スギのゲノム情報を用いて優良な苗を作る

森林遺伝研究領域 内山 憲太郎、森口 喜成¹⁾、木村 恵²⁾、上野 真義、伊原 徳子、
松本 麻子、二村 典宏、篠原 健司³⁾、津村 義彦
林木育種センター 三嶋 賢太郎、坪村 美代子、井城 泰一、高橋 誠、渡辺 敦史⁴⁾
九州大学 舘田 英典
東京大学 岩田 洋佳

1) 現：新潟大学、2) 現：林木育種センター、3) 現：理化学研究所、4) 現：九州大学

要 旨

林木の育種は形質の評価までに数十年の時間が必要です。またスギでは花粉症が社会問題となっています。これらの問題を改善するために、スギのゲノム全体の遺伝子型を調べ形質との関連を明らかにする手法を用いて、短期間で成長が早く材質のよいスギ品種の選抜が可能な育種モデルの作成を行いました。また、無花粉スギの遺伝子（雄性不稔遺伝子）の染色体上の位置を特定し、無花粉スギの選抜のための DNA マーカーの開発を行いました。これらの基盤情報により、育種に必要な時間が大幅な短縮され、無花粉で成長の良いスギ品種が開発・普及されることが期待されます。

スギのゲノム基盤情報の構築

スギの DNA 変異情報（SNP マーカー）を、スギのゲノムの 11 万カ所について収集しました。これらの DNA マーカーからゲノム全体をカバーできるように、代表的な 3,570 遺伝子からなるスギの遺伝子地図（高密度連鎖地図）を作成しました。また有用遺伝子をスギのゲノム中から効率的に単離するための DNA ライブラリー（平均約 13 万塩基からなる DNA 断片を集めたもの、BAC ライブラリー）を作成しました。

有用な遺伝子の特定

関東のスギ精英樹、約 500 個体を用いて雄花着花性、発根性、材質の測定を行いました。これらの精英樹それぞれについて、6,000 の DNA マーカーで遺伝子型を解析し、取得した形質データとの関連解析（ゲノムワイドアソシエーション解析）を行い、これらの形質に関係する遺伝子の染色体上での位置の推定を行いました。この結果、雄花、発根性、材質に関連する数十の遺伝子が検出されました。これらの情報は優良な種苗の作成に有効に活用することができます。

無花粉スギ遺伝子の特定と選抜 DNA マーカーの作成

これまでに発見されている無花粉スギは *ms-1* という遺伝子を保有する個体です。この遺伝子がスギの遺伝子地図の第 9 番目の連鎖群（染色体）にあることを明らかにして、無花粉スギの選抜するための DNA マーカーを作成しました。これを目印にすることで芽生えのうちから無花粉スギを選抜していくことができるようになりました。

効率的な林木育種のモデル

精英樹の形質データと遺伝子型データを用いて育種を効率的に行うモデルを開発しました。従来の形質だけを指標にした育種法に比べ、約 2 倍の効率で効果が期待されるモデルができました。このモデルだけで世代を促進させるだけでなく、途中で形質を再評価してモデルを一度見直すことでさらに育種効率が良くなります。これらの成果は新たな林木の育種法として今後、急速に普及することが期待されます。

本研究は、生物系特定産業技術研究支援センター イノベーション創出基礎的研究推進事業「スギ優良個体の選抜のためのゲノムワイドアソシエーション研究」による成果です。

ゲノム基盤整備

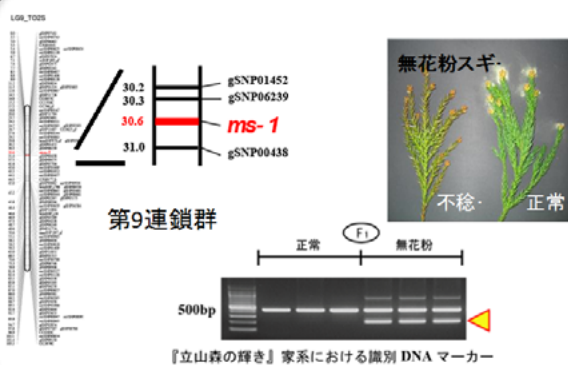


SNPタイピング 高密度連鎖地図 (3,570 遺伝子座) BACライブラリー (368,256クローン)

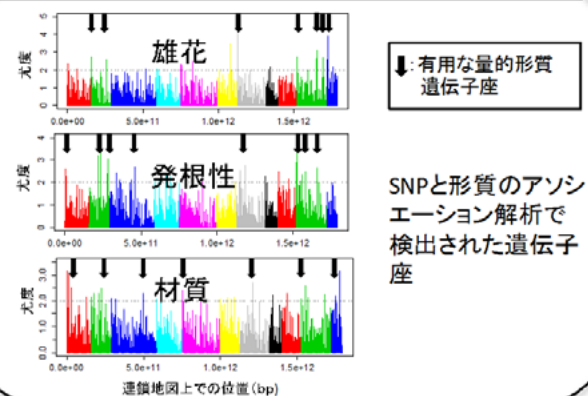
形質調査



花粉を作らない個体の選別マーカー



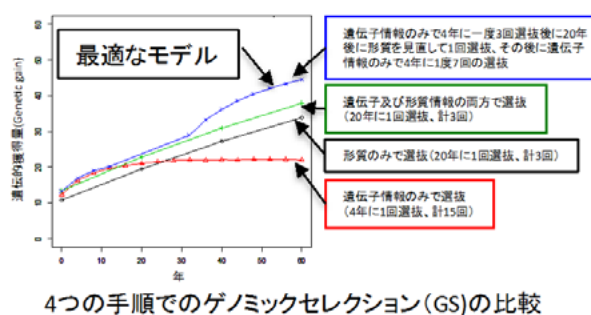
形質に関する遺伝子の位置の推定



今後の展開方向・見込まれる波及効果

1. 無花粉スギの効率的な生産
2. 成長や形質のよいスギ作出のため新たな育種法
3. ヒノキなどの他の針葉樹への応用

効率的な選抜方法の決定



GSのシミュレーション解析