先端技術を活用してスギの品種改良を高速化する

林木育種センター 高橋 誠、平岡 裕一郎、三嶋 賢太郎、能勢 美峰、坪村 美代子、

大平 峰子、花岡 創、山野邉 太郎、高島 有哉、星 比呂志

森林バイオ研究センター 平尾 知士 九州育種場 栗田 学、武津 英太郎、倉本 哲嗣

東北育種場 井城 泰一 九州大学 渡辺 敦史、田村 美帆

佐賀県林業試験場 宮崎 潤二、挽地 あい子 大分県農林水産研究指導センター 佐藤 嘉彦 宮崎県林業技術センター 古澤 英生、世見 淳一 鹿児島県森林技術総合センター 宮里 学

要旨

スギをはじめとする林木の品種改良とその普及には、これまで長い年月が必要でした。それは成長や材質等の系統評価*のために、試験地等でスギの系統を数十年にわたって実際に育成する必要があったためです。また、その後の優良品種の普及にも長い期間が必要でした。そこで、スギの品種開発とその後の普及に要する期間を短縮するために、ゲノム情報を利用した評価手法を開発し、さらにその開発品種を施設内でさし木によって速やかに増殖する技術を開発しました。今後、この高速育種技術によりスギの品種開発とその後の普及に要する期間を大幅に短縮できるようになります。

これまでの林木育種

林木の品種改良(育種)では、成長の旺盛さ、木材に加工した時の性質(材質)に関係する特性、花粉(雄花)が少ないことといった様々な形質について、特性を調査し、優れた個体を優良品種として開発してきましたが、これらの形質を正しく評価するには、試験地等でスギ系統を実際に一定の期間育成する必要があるため、育種には数十年に及ぶ長い年月を要してきました。また、開発品種は都道府県等の採種園や採穂園により普及しますが、採種園等の造成のための苗木(原種苗)を増殖するのにも5~7年を必要としてきました。しかし、社会から求められる品種を、より早期に開発・普及するには、育種と普及の両方に要する期間を短縮する、つまり林木育種の「高速化」を行う必要がありました。そこで、ゲノム情報を利用した育種技術開発と原種苗の促成栽培に取り組みました。

ゲノム情報を利用した林木育種

ゲノムとは、生物の設計図である DNA がもつすべての遺伝情報のことです。そして異なる個体間では、DNA の塩基配列*が少しずつ異なっています(図 1)。この DNA の塩基配列の違い(変異)をゲノム全体にわたって分析し、その DNA 変異のありさまと形質の良否の関係性を事前に調べることによって、DNA の情報から成長や材質等の形質を予測する手法が家畜や他の作物で試みられています。そこで、今回の研究では、林木の品種改良に要する期間を短縮するために、この手法を主要な造林樹種であるスギで試みました。

品種開発に要する時間を3分の1以下に短縮

成長や材質などに関係ある DNA 変異を網羅的に集め

るために、針葉や幹の木部、根等で働いている遺伝子の DNA 配列の情報を分析・収集し、約52万のDNA変異 を明らかにし、その内約3万のDNA変異を同時に調べ る分析システムを作りました。

さらに、この分析システムを使い、さまざまなスギの系統について DNA 変異を明らかにし、その DNA 変異から形質を予測する手法を開発しました。 DNA 分析による予測手法と 5 年間の育成試験を組みあわせることで、植栽後 20 年後の材積について、実際に 20 年間育成試験を行って改良した場合の約 7 ~ 9 割の改良効果が得られることが分かり、品種改良に要する期間を大幅に短縮可能であることが分かりました(図 2:精英樹集団の 2 例)。

さし木と施設内育成で普及に要する期間を約半分に

品種改良で新しい優れた個体を選抜した時、その個体は最初は1個体(原木)しかありません。その優良個体を普及するためには、さし木などにより本数をふやし、多くの原種苗を育成する必要があります。これまでは、1本の原木から約50本の苗木を増殖するのに5~7年を要してきましたが、温度や光条件などを制御できる施設でさし木の増殖・育成をすることにより(図3)、3年で100本以上の原種苗を増殖することができる技術を開発しました。これにより、普及に要する期間も短縮することができました。

本研究は、農林水産省委託プロジェクト研究「森林資源を最適利用するための技術開発」のうち「新世代林業種苗を短期間で作出する技術の開発」による成果です。

系統1 AATACGTGATTTCCGAGACTTTTCCGA 系統2 AAT<mark>A</mark>CGT<mark>T</mark>ATT<mark>T</mark>CCG<mark>C</mark>GAC<mark>T</mark>TTT<mark>A</mark>CGA 系統3 AAT<mark>A</mark>CGT<mark>T</mark>ATT<mark>G</mark>CCG<mark>A</mark>GAC<mark>T</mark>TTT<mark>C</mark>CGA 系統4 AATCCGT<mark>G</mark>ATT<mark>T</mark>CCG<mark>C</mark>GAC<mark>T</mark>TTTCCGA 系統5 AAT<mark>A</mark>CGT<mark>G</mark>ATT<mark>T</mark>CCG<mark>C</mark>GAC<mark>G</mark>TTT<mark>A</mark>CGA 系統6 AAT<mark>A</mark>CGT<mark>G</mark>ATT<mark>G</mark>CCG<mark>C</mark>GAC<mark>G</mark>TTTC</mark>CGA

図1 DNA 変異の例

図に示したように系統1から6のように複数の系統の DNA を分析し て塩基配列を比較し、系統間で DNA が異なる箇所(DNA 変異がある 箇所;図中、黄色で示した個所)の情報を収集します。

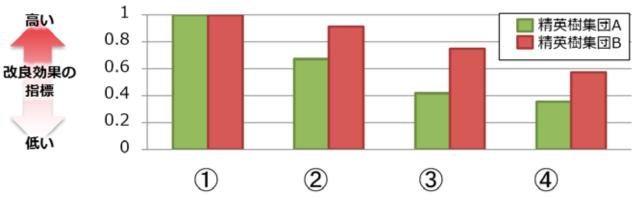


図 2 DNA 変異から形質を推定した場合の改良効果

①実際の20年次の材積とDNA変異の情報を使って選抜した場合の改良効果、②実際の5年次の成長とDNA 変異の情報を使って選抜した場合の改良効果、③ DNA 変異の情報のみを使って選抜した場合の改良効果、④ 実際の5年次の成長の情報のみを使って選抜した場合の改良効果、②の方法で選抜した場合、最良の方法(①) による改良効果の約7~9割の改良効果が得られる。





図3 左) さし木の増殖・育成に用いた施設の外観、右) 施設内でのスギの苗木の育成

※については、巻末の用語解説をご覧ください。