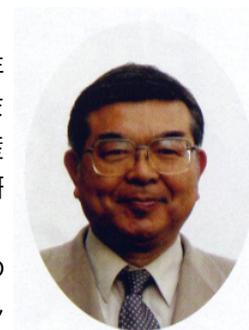


生物資源の時代へ向けた生物機能開発研究

研究管理官 林 良興



最近の大方の未来予測によれば、化石エネルギー資源の枯渇に伴い2040年頃から社会発展の停滞と、飢餓、疾病、貧困等社会不安が増大するという。それまでに残された時間は40年を切ってしまった。そこで、化石資源に代わって再生産可能な生物資源の利用が期待され、そのための分子生物学やバイオテクノロジー研究の発展が急がれている。

生命科学の先端では、ヒト、ショウジョウバエ、シロイヌナズナ、イネなどの全ゲノム情報が昨年中にほぼ解読され、研究開発の主要な関心はポストゲノムとして遺伝子やタンパク質の機能解明、動物では特に分化全能性を持つ胚性幹細胞の技術開発等に移っている。植物では、シロイヌナズナ的全遺伝子配列の6割、14,600個の遺伝子の解読が理化学研究所と、かずさDNA研究所から報告された。

来るべき事態に備え陸上の最大のバイオマス資源である樹木の生物機能を活用する技術開発のため、この先10数年の間に何をすべきであろうか。樹木の分子生物学的研究は様々な制約から遅れているが、樹木の生物機能を利用していくためには、分子生物学的ベースに立脚した物質生産技術、目的に応じた組換え体の作出技術や育種技術の開発などが必要である。シロイヌナズナのように発生、分化、成長、遺伝などの生物学的特性がよく解明されたモデル植物が樹木においても求められている。

生物機能研究分野では13年度までにスギゲノムの共優性マーカーを多数開発して、11本の基本染色体と関連させた高密度遺伝子連鎖地図を完成させた。これをさらに発展させ、スギについても全ゲノムを解読することにより樹木のタンパク質の機能の推定や、様々な遺伝子の機能解明が期待できる。しかし、スギのゲノムサイズはヒトのその約3倍あり、そのゲノムの解読は大変困難である。一方、ポプラのゲノムサイズはヒトのその約1/6で、全ゲノムの解読を行うには適当と考えられる。同時に、形態形成、細胞壁の構築、肥大成長、心材形成、二次代謝成分の生成など樹木の特徴的な機構について、細胞生理学、生化学、分子生物学的な解明が必要であろう。これらの基盤に立ち、組換え樹木のデザインや樹木からの有用物質生産について確固たる展望を持った技術開発が可能となろう。生物機能研究分野では、ポプラのバイオマス生産に及ぼすジベレリン（植物ホルモン）の効果や細胞壁形成に果たす必須微量元素であるホウ素の役割等の生理学・生化学的な解明でも成果を上げており、「スギゲノム高密度連鎖地図の完成」の成果とともに13年度の研究成果として選定した。

森林総研は樹木に関して遺伝子から分子、細胞、個体、遺伝、生態レベルにいたる生物階層全体にわたる研究者を擁している。勿論、全ゲノムの解読を目指すには企業等を含めた外部機関との連携・協力を頼らざるをえないが、これらの所の研究勢力の相当数を来るべき困難な時代のために組織的・計画的に集中させて当たってやっけていくことが必要となるであろう。