

巻頭言

樹木ゲノム研究の流れは針葉樹へ向かっています

研究コーディネータ（生物機能研究担当） 田崎 清

2006年9月にSCIENCE誌でポプラの全ゲノム解読結果についての論文が掲載されました。この論文で、45,000種類の遺伝子がタンパク質をコードするという結果が明らかにされました。これら遺伝子の情報は公的なデータベースで公開されており、樹木のゲノム解析に係わる研究者にとって重要な情報源になっています。森林総合研究所では、ポプラのゲノム解読が開始されたという情報が伝わった時点で、研究の焦点をポストゲノム研究に据えることとし、ポプラから完全長cDNA情報を大量に収集する研究を開始しました。その結果、世界に先駆けて、およそ4,000種類の遺伝子の完全長cDNAの情報を収集し、この成果を2004年に論文としてまとめ、学術誌で公表することができました。完全長cDNAの情報にはタンパク質の解析や遺伝子組換えへの利用など多くの利点がありますが、この論文が出版されたときには、インターネットによるアクセスが多数あり、世界の多くの研究者から注目を集めました。



しかし、ゲノム研究の分野は動きが速く、現在ではポストポプラゲノム研究が急速に進展しています。海外の研究者らは、次の樹木ゲノム研究の対象を針葉樹に集中させています。例えば、米国ではラジアータマツ、テーダマツ、トウヒなどの針葉樹でゲノム研究の大きなプロジェクトを組み立て、遺伝子の情報を大量に収集することを目指しています。針葉樹はポプラに比べてゲノムのサイズが非常に大きいため、まずは個々の遺伝子の情報を収集することから始めようということです。そして、対象とする針葉樹は林業上、重要な樹種を選んでいきます。

森林総合研究所でも、スギを対象として既にゲノム研究を進めてきています。世界に先駆けて高密度連鎖地図を完成したのは5年以上も前のことです。この研究で開発したDNAマーカーを利用して、オモテスギとウラスギがDNAレベルで遺伝的に分化していることを証明しました。この他、スギの花粉で発現している花粉症の原因物質（アレルゲン）の遺伝子の単離や、花芽の形成に関わる遺伝子の単離など多くの成果を挙げてきています。

森林総合研究所のゲノム研究関係者は、このような成果を踏まえて、今後のゲノム研究の在り方についての討議を行いました。その結果、日本の重要な造林樹種であり、日本を代表する針葉樹であるスギのゲノム研究をさらに推進することが重要であるということで合意しました。スギのゲノム研究の成果は、雄性不稔に関わる遺伝子の同定等による花粉症対策、遺伝的多様性を維持したスギ天然林の保全に向けた技術開発、他の針葉樹のゲノムの解析等への活用が期待されます。

森林総合研究所は、今後スギのゲノム研究をより加速させていく所存ですので、皆様のご理解とご支援の程よろしくお願い致します。