

巨大なゲノムをもつ針葉樹 4 種のゲノム解読に成功 ～時間のかかる林木育種の効率化・加速化へ～

令和4年11月30日

公益財団法人 かずさ DNA 研究所
国立研究開発法人 森林研究・整備機構 森林総合研究所 林木育種センター

かずさ DNA 研究所と森林総合研究所 林木育種センターは共同で、カラマツ・スギ・ヒノキ・コウヨウザンのゲノムを解読しました。

日本の森林面積は国土の約 67%で、世界でも有数の森林国です。スギなどの針葉樹は木材生産などのため、林業用の樹種として広く利用されています。また、気候変動の対策のひとつである二酸化炭素の吸収源としても期待されています。しかし、これらの樹種は世代時間が長いため、品種改良（育種）には膨大な時間を必要とします。そこで、育種に要する期間の短縮を目的として、カラマツ・スギ・ヒノキと、早生樹として注目されているコウヨウザンの 4 樹種のゲノムを調べました。

最新の DNA 配列解析技術を利用して、ヒト（約 30 億塩基）の 3~4 倍、モデル植物であるシロイヌナズナ（約 1.3 億塩基）の約 100 倍にあたる 85 億塩基（ヒノキ）から 135 億塩基（カラマツ）の DNA 配列を高精度に明らかにしました。



これら 4 樹種のゲノム情報は、育種の効率化・

加速化のための遺伝学的な情報の基盤となります。また、ゲノム情報を活用した森林管理やそれぞれの樹種のゲノム編集研究への活用、さらには針葉樹を含む裸子植物から被子植物がどのような進化の途を辿ったのかを知るための手がかりになることが期待されています。

研究成果は bioRxiv において、11月17日（木）にオンラインで公開されました。

論文タイトル :Haplotype-resolved de novo genome assemblies of four coniferous tree species

著者 :Kenta Shirasawa , Kentaro Mishima, Hideki Hirakawa, Tomonori Hirao, Miyoko Tsubomura, Soichiro Nagano, Taiichi Iki , Sachiko Isobe and Makoto Takahashi

掲載誌 :bioRxiv

DOI: <https://doi.org/10.1101/2022.11.16.516598>

1. 背景

日本の森林面積は国土の約 67%であり、世界でも有数の森林国です。そのうち約 4 割がスギ・ヒノキ・カラマツ等の針葉樹が造林^{*1}された人工林です。戦後の森林復旧や需要の拡大により人工林が増大しましたが、その後の木材輸入の自由化により安い輸入木材に押され、採算が合わないために放置された荒廃林も多くあります。最近は、世界的な木材需要の高まりに伴う輸入木材の価格高騰によって、再び国産材の需要が高まっています。また、近年これらの樹木は、気候変動の原因となっている二酸化炭素を吸収して幹などの樹体内に貯留するため、二酸化炭素の吸収源とみなされ、気候変動の対策のひとつとしても期待されています。造林用の樹種は、木材生産や造林用に適した形質（成長の早さや幹の通直性^{*2}、材質の強度、花粉が少ないまたは無い等）となるよう品種改良が行われています。しかし、針葉樹の多くは世代時間が長く、他殖性^{*3}の樹種のため、ヘテロ性^{*4}が高く、育種に時間がかかります。近年、イネ等の栽培作物ではゲノム情報の活用により、形質を支配する遺伝子の同定や形質^{*5}の予測が可能になってきました。針葉樹においてもゲノム情報があれば、より効率的にかつ最適な育種が可能になり、育種の高速化が図れるものと期待されています。

スギなどの針葉樹種は、他の栽培植物と比べてゲノムサイズが巨大です。また、ゲノムの構造においても反復配列が多いなどの特徴があり、全ゲノムの配列決定は困難とされました。しかし、ゲノム情報を得るための DNA 配列解析装置の高度化や情報解析技術の発展によって、これらの問題を克服できる可能性が出てきました。そこで今回は、育種対象樹種のうち、マツ科のカラマツ (*Larix kaempferi*)、ヒノキ科のスギ (*Cryptomeria japonica*)・ヒノキ (*Chamaecyparis obtusa*) と、最近、早生樹^{*6}として注目されているヒノキ科のコウヨウザン (*Cunninghamia lanceolata*) の 4 樹種のゲノムの決定を試みました。

カラマツは、特に材質に優れ、東北・北海道などでは重要な林業樹種として造林されています。スギは、通直性に優れ、加工しやすいという特徴から古くから林業樹種として利用されており、拡大造林期に最も植栽され、現在でも人工林面積の約 4 割を占める最も重要な林業樹種のひとつです。ヒノキは、奈良・法隆寺など古来より様々な歴史的建造物に利用されており、1950 年代の拡大造林期にはスギに次いで植林され、現在もわが国で 3 番目の造林面積^{*7}となっています。コウヨウザンは中国・台湾原産のヒノキ科の樹種で、成長の早い早生樹として近年注目されています。これらの樹種において、ゲノムが決定さ

れれば、育種の効率化・高速化のための基礎的な遺伝学的情報を提供できます。また、学術的にもゲノミクス、樹木生理学、森林管理・集団遺伝学の進展に貢献し、樹木のゲノム編集などの新たな技術開発のための基盤情報として役立つことが期待されます。

2. 研究成果の概要

- ① カラマツ・スギ・ヒノキ・コウヨウザンのゲノム DNA 配列を、より長く正確に決定できるロングリード技術^{*8}を利用して解読しました。今回決定した DNA 配列はゲノムの 99%以上をカバーし、植物が共通に持っている遺伝子のうち約 9 割が含まれている精度の高いリファレンスゲノム^{*9}を構築することができました。
- ② 得られた配列情報は、データベース BreedingTrees-by-Genes で公開することにより、それぞれの樹種のリファレンスゲノムとして、育種および学術研究の基盤情報となります。（データベース URL: <http://btg.kazusa.or.jp>）
- ③ これら 4 樹種のゲノム情報は、育種の効率化・高速化のための基礎的な遺伝学的情報の基盤となるだけではなく、遺伝子配列情報を活用した森林管理やゲノム編集研究への活用、さらには裸子植物と被子植物がどのような進化の途を辿ったのかを知る手がかりになると見込まれます。

3. 将来の波及効果

- ① 今後の解析により、全国各地に造林された樹木のゲノム中の遺伝的変異を知ることができ、遺伝的多様性に配慮した品種開発が行えるようになると期待されます。
- ② 針葉樹は約 3 億年前の石炭紀に登場した古い種群のため、その後に登場した被子植物とのゲノム比較により、植物の進化研究に新たな知見を提供できます。
- ③ 針葉樹は巨大かつ複雑なゲノム構造を有しているため、今回行なったゲノム決定の手法は、同様の問題を持つ他種に技術的知見を提供できます。

本研究は、農林水産研究推進事業委託プロジェクト研究「炭素貯留能力に優れた造林樹種の効率的育種プロジェクト」（JPJ009841）、および、日本学術振興会の JSPS 科研費（22H05172 and 22H05181）の助成を受けて実施しました。

用語解説

- *1 造林：林業用語で「森をつくり、育てること」。
- *2 通直性：樹木の幹の形質のひとつで、幹がまっすぐなこと。
- *3 他殖性：他家の受粉によって生殖を行うこと。
- *4 ヘテロ性：生物は父親と母親から由來した遺伝子を一対持っている。これを対立遺伝子と呼ぶ。両親から同じ種類の対立遺伝子を引き継いでいるものをホモ接合型と呼び、異なる種類の対立遺伝子を受け継いでいる場合をヘテロ接合型と呼ぶ。針葉樹などのゲノムでは、異なる種類の対立遺伝子によって構成されている割合が高い。
- *5 形質：生物がもつ体の形や特徴のこと。
- *6 早生樹：早く成長する樹種の総称。
- *7 造林面積：1 年間に林業として植栽した森林の面積。1 位 スギ、2 位 カラマツ、3 位 ヒノキ（令和2年度実績）出典：森林・林業統計要覧 2022
- *8 ロングリード技術：現在の DNA 配列解析技術では、数百塩基程度の比較的短い塩基の配列解析を可能とするショートリードの解析装置と、1 万塩基程度の比較的長い塩基の配列解析を可能とするロングリードの解析装置の 2 つのタイプの解析装置が利用されている。ロングリード技術は、後者の解析装置を利用した配列解析を指す。
- *9 リファレンスゲノム：その生物種を代表するゲノム配列であり、その生物種の個体間を配列で比較するための参照配列として用いられる配列情報のこと。

参考となる図や写真



問い合わせ先

<報道に關すること>

かずさ DNA 研究所 広報・研究推進グループ

森林総合研究所林木育種センター育種企画課

<研究に關すること>

かずさ DNA 研究所 植物ゲノム・遺伝学研究室

主任研究員 白澤 健太 (しらさわ けんた)

森林研究・整備機構森林総合研究所 林木育種センター 育種部

育種第一課長 栗田 学 (くりた まなぶ)

同時発表：林政記者クラブ、農政クラブ、農林記者会、文部科学省記者会、科学記者会、
千葉県政記者会、千葉民間放送テレビ記者クラブ、木更津記者クラブ、
茨城県政記者クラブ、日立市役所記者クラブ