

日本の林業を支えるヒノキ・スギ・コウヨウザンの染色体レベルのゲノム解読に成功！

～巨大なゲノムから読み解く針葉樹の進化と、林業を加速させる品種改良に期待～

令和8年8月10日

かずさDNA研究所（白澤健太室長、青柳優太特任研究員）は、森林総合研究所林木育種センター、九州大学と共同で、ヒノキ、スギ、コウヨウザンの巨大なゲノムの解読に成功しました。

スギやヒノキに代表される「針葉樹」は、建築材や内装材をはじめ、さまざまな木材製品に利用される重要な森林資源です。最近では、成長の早いコウヨウザンも新たな造林樹種や木材資源として注目されています。しかし、これらの樹木の品種改良には、数十年にわたる長い時間がかかります。この時間を大幅に短縮するカギとして期待されているのが、生物の設計図ともいえるゲノム情報です。



本研究では、ヒノキ（87 億塩基対）、スギ（96 億塩基対）、コウヨウザン（134 億塩基対）の3種の巨大なゲノムのすべての染色体について、高精度な塩基配列の決定に成功しました。3種の樹木が持つ11本の染色体のうち3本の染色体でDNAの並び順が入れ替わっていることがわかり、このことは、3種が進化の過程で分かれてきた背景を理解する重要な手がかりになると考えられます。

本研究成果は、優れた特徴を持つ木を「苗木の段階でDNA情報を手がかりにして」選ぶための技術開発の重要な基盤となり、林業における品種改良の効率化に貢献することが期待されます。

論文名：Chromosomal evolution and speciation inferred from chromosome-scale genome assemblies in three Cupressaceae species

掲載誌：*DNA Research*

DOI: 10.1093/dnares/dsag010

著者：Kenta Shirasawa, Yuta B. Aoyagi, Kentaro Mishima, Hideki Hirakawa, Tomonori Hirao

研究費：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)、日本学術振興会の科研費 (JP22H05172 and JP22H05181)、かずさ DNA 研究所

問い合わせ先

<研究に関すること>

公益財団法人 かずさDNA研究所 植物ゲノム生物学研究室 室長

白澤 健太 (しらすわ けんた)

TEL : 0438-52-3935

E-mail : shirasaw@kazusa.or.jp

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

育種部 育種第一課長

三浦 真弘 (みうら まさひろ)

E-mail : miura_masahiro320@ffpri.go.jp

国立大学法人 九州大学大学院農学研究院 教授

平川 英樹 (ひらかわ ひでき)

E-mail : hirakawa.hideki.274@m.kyushu-u.ac.jp

<報道に関すること>

公益財団法人 かずさDNA研究所 広報・教育支援グループ

TEL : 0438-52-3930

E-mail : kdri-kouhou@kazusa.or.jp

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 育種企画課

TEL : 0294-39-7002

E-mail : ikusyu@ffpri.go.jp

国立大学法人 九州大学 総務部 広報課

TEL : 092-802-2130

E-mail : koho@jimu.kyushu-u.ac.jp

背景

スギやヒノキなどの「針葉樹」は、建築材や内装材をはじめ、さまざまな木材製品に利用される重要な森林資源です。日本では、スギやヒノキを中心とする針葉樹の人工林が主要な森林資源となっており、最近では、成長が早いコウヨウゼンも新たな造林樹種や木質資源として注目されています。これらの樹木の品種改良には、数十年にわたる長い時間がかかります。この時間を大幅に短縮するカギとして期待されているのが、生物の設計図ともいえるゲノム情報です。かずさ DNA 研究所と森林総合研究所林木育種センターは、2022 年にスギ、ヒノキ、コウヨウゼンを含む針葉樹 4 種のゲノム塩基配列の概要版を発表しました^[1]。

本研究では、ヒノキ科 3 種に着目し、最新の解析技術を使うことで染色体レベルでの高精度なゲノム解読に挑みました。

[1] 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～

<https://www.kazusa.or.jp/news/pr20221130/>

1. 研究成果の概要

最新の DNA 解析技術を組み合わせることで、ヒノキ（87 億塩基対）、スギ（96 億塩基対）、コウヨウゼン（134 億塩基対）という、ヒト（約 32 億塩基対）よりはるかに巨大なゲノムを染色体ごとに正確に並べ、高精度なゲノム解読に成功しました。

3 種の樹木が持つ 11 本の染色体を比較したところ、8 本は共通していましたが、残り 3 本（2 番、6 番、9 番）の染色体で、DNA の並び順が入れ替わっていることがわかりました（図 1）。この染色体の構造の違いは、3 種が進化の過程で分かれてきた背景を理解する重要な手がかりになると考えられます。

コウヨウゼンはヒノキやスギより巨大なゲノムをもちますが、染色体のいくつかの領域で遺伝子が増えていることがわかりました（図 2）。増えた遺伝子の機能を調べると、環境適応などに関わる遺伝子が何度もコピーされて増えたことが判明しました。

2. 期待されること

本研究成果は、成長が早い、病気に強い、木材として優れているといった特徴を持つ木を「苗木の段階で DNA 情報を手がかりにして」選ぶための技術開発に貢献すると期待されます。これにより、長い年月を要する林業における品種改良を大きく効率化できる可能性があります。また、無花粉スギなどの有用な品種をより効率的に開発するための基盤データとして活用されることも期待されます。さらに、本研究で得られたゲノム情報は、太

古の地球で針葉樹がどのように進化を遂げてきたのか、生命の歴史を解き明かす重要な手がかりになります。

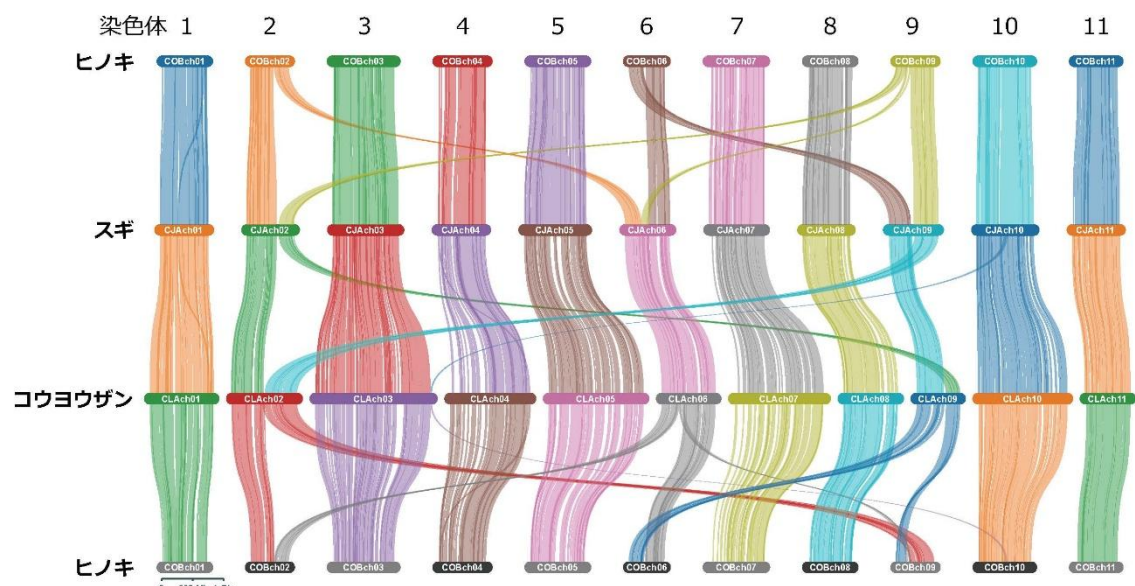


図 1. ヒノキ、スギ、コウヨウザンがもつ 11 本の染色体の DNA の並び順を線でつないで示した

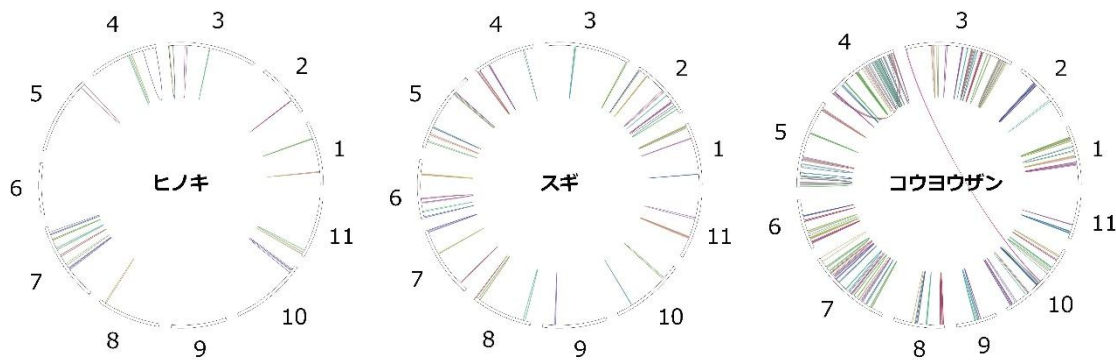


図 2. ヒノキ、スギ、コウヨウザンの染色体の中で遺伝子が増えたことを線で示した