

国際学会 Plant & Animal Genome XXVI に参加して

1. はじめに

2018年1月13日から17日にかけて、アメリカ合衆国カリフォルニア州サンディエゴ市において、国際学会 Plant & Animal Genome XXVI が開催されました。この学会は、森林樹種を含む幅広い動植物種を対象としたゲノム研究について発表される学会です。26回目にあたる本大会では、3,000人を超える参加者が集まり、7件の基調講演と2,000件以上の研究発表、100社以上の企業による研究機器等の展示が行われました(写真1)。林木育種センターからは三嶋、平尾、福田の3名が参加し、それぞれ「カラマツにおける完全長 EST 取得と形成層帯及び針葉の年周における遺伝子発現解析」、「クロマツにおけるマツノザイセンチュウ抵抗性遺伝子の単離」、「スギの不定根形成における遺伝子発現解析」に関する研究発表を行いました。



写真1 基調講演の様子

2. ゲノム解析技術

分子育種についてのワークショップでは、ゲノミックセレクション(ゲノム情報を利用した優良個体の選抜手法)に関する数多くの研究成果が報告されました。この選抜手法が様々な種において進展している背景には、ゲノム解析技術の発達があることが伺えました。特に、NRGene社が提供する DeNovoMAGIC のように新規のアセンブリ技術(短い DNA 断片を塩基配列情報の相同性に基づいて繋ぎ合わせる技術)も開発されており、多くの注目を集めていました。シーケンサー(塩基配列情報を得るための機器)についても、一度により多量の、あるいは、より長い塩基配列情報が得られるようになっており、アセンブリの精度が向上することが期待されます。また、本大会に合わせて、Illumina 社から比較

的安価なシーケンサーである iSeq 100(約200万円)が発表されたように、様々な目的、規模のゲノム研究に対応する形で、分析機器の多様化が進んでいるという印象を受けました。

3. 森林樹種におけるゲノム研究

森林樹種におけるゲノム研究を対象としたワークショップでは、ブラジルの Grattapaglia 博士より、ユーカリにおける研究事例をもとに、栽培作物などとは異なる特徴(生育する環境、個体の大きさ、世代の長さ、ゲノムサイズの大きさなど)を有する森林樹種を対象としたゲノミックセレクションに際して、データを収集するための集団の造成や遺伝子型情報と表現型情報を結びつける予測モデルの構築などにおける要点について発表がありました。

針葉樹種において最もゲノム研究が進んでいるテダマツについて、一分子シーケンサーを利用した分析により、70,064個の遺伝子を特定するとともに、大規模な SNP 探索から 84,769個の高精度な SNP マーカーを開発したという発表がありました。その他にも、ゲノム配列において機能的により重要であるとされるエクソン(タンパク質をコードする領域)を集中して分析することにより、効率よくゲノムデータを充実させることのできるエクソームシーケンスや、細胞内の微細な構造を採取することが可能な技術であるレーザーマイクロダイセクション法を適用して単一の染色体レベルでシーケンスを行うことにより、アセンブリの精度を高める試みなど、ゲノムデータの充実に向けた研究についても報告されました。

4. おわりに

本学会では、森林樹種を含めた様々な生物種におけるゲノム研究やその成果を利用した育種に関する最新技術の動向など、スギなどの育種においても大いに参考となる多くの情報を得ることができました。次回は、2019年1月12日から17日にかけて、本年と同じ会場において開催される予定となっています。

(育種部 育種第一課 福田 有樹)