

巨大ゲノム科学技術が展開する中で

生物機能開発部長 山本千秋

2000年6月、人の生命の設計図であるヒトゲノムの全塩基配列、約30億対の解読作業がほぼ終了したというニュースが世界を駆け巡った。米欧日の首脳が3極で同時発表しており、21世紀の生命科学とバイオテクノロジーの予想しがたい展開の先触れ的できごとといえよう。

しかし、全塩基配列の決定はゲノム科学の出発点でしかない。今後、解読されたゲノム情報に基づく遺伝子やその産物であるタンパク質の構造と機能の解析が本格的に進むことになる。生命科学と情報分野の融合領域である生命情報科学（バイオインフォマティクス）やバイオテクノロジーの産業化に向けた技術開発も急速に発展するであろう。我が国においても欧米との差を詰めるべく大型予算が次々と組まれている。ヒトゲノムの塩基配列が解読され新しい段階に入ったことで、ポストゲノム時代などといわれるが、大部分の生物種のゲノム解析はこれからである。食料の持続的生産や環境保全など深刻化する地球規模の問題の解決には、育種やゲノム操作による画期的な新品種の開発や環境修復機能を持つ生物の開発等が必要であり、有用な動植物及び微生物のゲノム研究は極めて重要である。

森林総合研究所の生物機能開発分野では、主として森林の生きた植物と微生物を対象に、生物の持つ優れた機能を解明しその新たな利用技術を開発する研究を行っている。そのなかでゲノム関連研究としては、主要針葉樹の高密度遺伝地図の作成とDNA標識による優良個体選抜法の高度化、樹木及びきのこの成長・分化あるいは限界環境応答に関連する遺伝子の単離と機能解明、林木及びきのこのに適した遺伝子導入技術の高度化と安定的な形質転換系の開発、森林微生物が持つ環境浄化機能の解明等に取り組んでいる。上位目標を例示すれば、DNA標識を用いた家系内選抜法の確立による育種年限の大幅短縮、花粉を飛ばさないスギや高機能性成分含有きのこの新素材の作出、森林微生物の遺伝的改変による環境浄化機能の強化等である。

主に扱う材料が遺伝変異の大きい野生種であり、一筋縄で解は得られない。研究対象や手法を共有する研究者が少ないので、課題の重点化による勢力の集中や国内外の研究者との連携が求められる。遺伝子組換え生物体（GMO）の産業的利用に当たっては、環境や健康に対する安全性の確保と国民への理解促進が決定的に重要であり、安全性の評価に関する調査研究を並行して進める必要がある。

諸外国における遺伝子組換え林木の野外植栽条件は、開花前に花芽又は植物体を除去するか野生集団から隔離するというもので、組換え林木の実用例はいまだ聞かない。林木は長年月にわたり制御困難な環境下におかれるので、組換え体による生態系の遺伝的かく乱には特に注意しなければならない。研究成果を現場に返すまでの道のりは遠いが、巨大ゲノム科学に埋没せず、森林の植物や微生物でも「森」にふさわしいゲノム関連の成果情報を発信していきたいと考えている。

