

【話 題】

国際学会 Plant and Animal Genome XXVI への参加報告

福田 有樹^{*,1,2}・三嶋 賢太郎¹・平尾 知士³

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にある Town and Country Hotel において開催された国際学会 Plant and Animal Genome XXVI に参加した。この学会は、樹木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が行われる大規模な学会であり、今回で26回目になる。今回の大会では、世界67の国・地域から3,000人を超える参加者が集まり（アメリカ合衆国外からの参加者が43%を占める）、7件の基調講演と2,000件以上の研究発表、100社以上の企業展示が行われた。なお、本学会のホームページ上で大会要旨を確認することができる (<http://www.intlpag.org/>)。本稿では、本大会において行われた研究発表のなかから、3つのテーマに基づいて、その概要についていくつか報告する。

樹木におけるゲノム研究

樹木におけるゲノム研究を対象とした Forest Tree ワークショップでは、20件の口頭発表と23件のポスター発表が行われた。

Embrapa Genetic Resources and Biotechnology の Grattapaglia 博士からは、ゲノム情報を用いた主な応用研究の一つであるゲノミックセレクションを、ユーカリ属において適用した事例を用いて、その暫定的なロードマップについてレビューが行われた。そのなかで示された主な要点は、以下の通りである。

(1) 対象形質に関連する遺伝的変異を網羅するためには、また、正確な表現型データを得るためには2,000個体程度を検定集団とすることが望ましい。(2) 選抜候

補木は検定集団と遺伝的に関連している必要がある。

(3) 多くの場合、10,000 から 30,000 のゲノムワイドな SNP マーカーがあれば、有効集団サイズ ($N_e=20 \sim 80$) に対して十分な予測が可能である。(4) 予測モデルは、選抜候補木と同じ育成環境及び樹齢における計測データに基づいて構築されるべきである。(5) 予測モデルは、その精度を保つために、選抜候補木に近い世代で収集された表現型データを用いて定期的に再学習されるべきである。(6) データ分析においては、 $rBLUP$ 法を基本的な手法として用いつつ、更なる代替方法を検討すると良い。(7) サンプル採取からジェノタイピング、データ解析に関する情報を明確にしておく。(8) ゲノミックセレクションを実施する前に、そのコストと精度について、従来の育種手法との比較を行っておく。

Scion の Graham 博士からは、ニュージーランドで行われているラジアータマツ (*Pinus radiata*)、ユーカリナイツ (*Eucalyptus nitens*)、ダグラスファー (*Pseudotsuga menziesii*) におけるゲノム育種について紹介があった。ラジアータマツでは49Kbのプロープから構成されるエキソームジェノタイピングパネルが開発されており、約4,500個体に対してこのパネルを用いることにより、100万以上のSNPが得られていた。最近では、成長性や材質だけでなく、乾燥耐性や葉ふりい病 (red needle cast) に対する抵抗性などを対象にした育種も行われているようであった。ユーカリナイツに関しては選抜世代が第4世代に達しており、より正確に育種価を推定することで遺伝獲得量を増加させること、育種サイクルを14年から7年に短縮することを目指した分子育種について紹介された。ダグラスファーの育種については、まだ選抜世代は第1世代であるが、遺伝学的な観点による、原種コレクションからの選抜及び局地的条件に適応した集団の構築が行われていた。

* E-mail: fukuda09@affrc.go.jp

¹ ふくだゆうき、みしまけんたろう 森林研究・整備機構 森林総合研究所林木育種センター

² ふくだゆうき 九州大学大学院生物資源環境科学府

³ ひらおとものり 森林研究・整備機構 森林総合研究所森林バイオ研究センター

ゲノム解析技術

針葉樹であるマツ属については、6件の口頭発表が行われた。ノースカロライナ州立大学の Isik 博士からは、針葉樹のなかでも比較的先進的にゲノム研究が進んでいるテダマツ (*Pinus taeda*) におけるドラフトシーケンスのバージョンアップについて発表された。この種においてこれまでに PINEMAP プロジェクトによって収集されていたシーケンスデータに、新たにエクソームシーケンスのデータが加えられ、新規の変異の検出及び DNA マイクロアレイのデザインが行われていた。SNP コールには ADT スコアリングソフトウェア (Illumina 社) が利用されており、アレイデザインのための候補 SNP として合計で 169,000 SNPs (うち、高品質とされたのは 52,000 SNPs) が得られていた。最終的に選抜された SNP 情報は、TreeGenes データベース (<https://treegenesdb.org/>) 上で確認することができる。

TreeGenes については、コネチカット大学の Grau 博士より、その詳細について紹介された。TreeGenes は樹木のゲノム研究コミュニティにおいて、様々なニーズに対応するために設計された Web ベースの情報リソースである。このデータベースには、123 属 1,791 種の樹木におけるゲノム情報や表現型情報など数多くの有用な情報が登録されており (2018 年 5 月 14 日 現在)、Hardwood Genomics Project (<https://www.hardwoodgenomics.org/>) や the Genome Database for Rosaceae (<https://www.rosaceae.org/>) といったデータベースとデータを共有できるようになっている。さらに、地理データや環境データを統合することで関連解析や景観遺伝学的解析にも利用できるとのことであった。

Southern Institute of Forest Genetics の Islam-Faridi 博士からは、テダマツのゲノム解読におけるレーザーマイクロダイセクション法の適用の試みについて発表があった。この手法は細胞内の微細構造のみを単離することができる技術であり、単離した個々の染色体単位でシーケンスを行うことにより、得られたコンティグやスキュフォールドを直接的に連鎖群 (linkage group) に当てることができる。染色体サイズが大きい針葉樹種であるこの種においては、シーケンスに適切な状態の染色体を得ることは未だ難しいようではあったが、この手法を用いることで、ゲノム中に多くの反復構造を含む針葉樹種のゲノムアセンブリにおける複雑さを軽減することが期待できるとのことであった。

本大会においては、これまでに発表されてきた革新的なゲノム解析技術がモデル生物だけでなく、実際に多様な生物種及び育種対象動植物のゲノム研究に利用されており、それぞれの研究が大きく進展しているという印象を受けた。ゲノム解読に関連する研究 (主にスキュフォールディングに関する研究) では、より長いスキュフォールド (あるいはコンティグ) を得ることのできるライブラリ作成技術 (Dovetail 社の Hi-C ライブラリや Chicago ライブラリ) や 1 分子 DNA ゲノムマッピングシステム (BioNano Genomics 社の Irys system)、より長鎖のシーケンスが可能な一分子シーケンサー (PacBio 社の RSII や Sequel、Nanopore 社の MinION)、新規のアセンブリ手法 (Dovetail 社の HiRise、NRGene 社の DeNovoMAGIC、10X Genomics 社の SuperNova) といった分析機器や解析技術を駆使することで、これまで細切れになっていた数百 kbp 単位のゲノムスキュフォールドを数百 Mbp 単位や基本染色体数に近い Pseudo-molecule という形でゲノムを再構築できていた。

また、本大会に合わせて Illumina 社から次世代シーケンサーとしては比較的安価な iSeq 100 が発表された。この機器は、サイズが 30.5cm × 33cm × 28cm のベンチトップ型であり、Illumina 社の製品の中でも最小のシーケンサーである。そのスペックは、最大出力が 1.2Gb、1 ランあたりリード数が 400 万、最大リード長が 150bp × 2 とされている。このシーケンサーの主要なアプリケーションとしては、ターゲットリシーケンスやターゲット RNA シーケンス、ゲノムサイズが小さい生物種における全ゲノムシーケンスなどが挙げられる。さらに、Nanopore 社の展示ブースで行われていた、一分子シーケンサーである MinION のデモンストレーションには多くの人が集まっており、その関心の高さがうかがえた。このように、解析技術が進展するとともに、様々な目的・規模のゲノム研究に対応する形で、分析機器の多様化も進んでいるという印象を受けた。

ゲノム情報の育種への利用

近年、ゲノミックセレクションは樹木を含む様々な育種対象生物において育種を加速するための重要なツールとなり、ほぼ標準的な手法として適用されつつある。この選抜手法が多く種の適用されつつある背景には、ジェノタイピング技術とフェノタイピング技術の発展

があることがうかがえた。

前述したようなシーケンサーやアセンブリ技術の発達は、得られたリードをより長く正確にアセンブルすることを可能にするだけでなく、それに伴って、近縁種間及び個体群間の網羅的なゲノムシーケンス及びその比較解析 (Pan-genomics や Population genomics と呼ばれる) や、ハプロタイプごとのジェノタイピング (フェーシング) のような研究を進展させていた。これらの研究は、すでに全ゲノム情報が明らかにされる生物種であるイネなどの主要な栽培植物において盛んに行われており、世界的なアグリビジネス企業である Monsanto 社や Bayer 社によっても発表が行われていた。このことは、研究現場だけでなく生産現場においてもこういった最新のゲノム研究が導入され、その成果が活用されていることを示すものであると感じた。さらにゲノミックセレクションの解析手法としては、広く用いられている genomic BLUP、リッジ回帰、ベイズ的手法のほかに、機能遺伝子における多型情報 (function-associated specific trait; FAST SNP markers) を利用することで予測精度を上げる手法などが発表されていた。

フェノタイピングに関しては、様々な栽培作物においてドローン (UAV) を用いた、苗高やバイオマス量、葉の健全度のような形質の評価が行われていた。本大会においては、アイオワ州立大学の Dong 博士による基調講演でも、“plant tattoo sensor” と呼ばれる極めて小さいセンサーを使って植物体内の水分状態や窒素濃度を測定・モニタリングする技術について発表されるなど、フェノタイピング技術についても注目されていた。これらのことが示すように、育種においてゲノム情報をより有効に活用するためには、ゲノム解析技術だけでなくフェノタイピング技術の効率性や精度などの発展も同様に重要であると感じた。

また、研究で得られたゲノム情報や DNA マーカーを使った育種をサポートするシステムについても発表が行われていた。ビル&メリнда・ゲイツ財団による支援プロジェクトの一つである GOBII (Genomic Open-source Breeding Informatics Initiative) に関する発表では、

BMS (Breeding Management System) や B4R (Breeding 4 Rice system)、Cassavabase といった植物育種データベース間の相互運用を可能にするための取り組み (Breeding Application Programming Interface; BrAPI) について紹介された。BMS については、新たに Integrated Breeding Planner、Molecular Breeding Design Tool、OptiMAS、Integrated SNP Mining and Utilisation Pipeline といったゲノム研究の成果を実際の育種の現場で活用しやすくなるようなプラグインの開発が行われていた。

おわりに

筆者 (福田) は、初めて本学会へ参加したこともあり、各研究者による研究発表や 3,000 人以上の参加者が一堂に会する中で行われる基調講演は言うまでもなく、ホテル敷地内の各所で行われているミーティング、あるいは最終日に催された Closing Banquet におけるダンスパーティーなど、開催期間を通して様々な場面でその圧倒的な“パワー”を肌で感じる事ができた。

本大会におけるゲノム研究の全体的な方向性としては、画期的な進化を遂げてきたゲノム解析技術及び既にゲノム情報が整備されているモデル生物などにおいて得られた知見を駆使することによって、樹木を含むモデル生物以外の生物種においても如何にゲノム研究を進展させ、育種などにその成果を応用していくか、ということにあったように感じた。そのためには、これらの優れたゲノム解析技術を有効活用するアイデアとともに、フェノタイピング技術の発展やデータベースの整備といったものも同様に重要となっているという印象を受けた。

本学会は、林木を含む様々な生物種におけるゲノム研究に関する最新の技術や成果を知ることのできる絶好の機会であるように思う。次回は、2019 年 1 月 12 日から 16 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る。