

遺伝子の発現情報を利用した樹木のストレス診断技術の提案にむけて

(平成 19 年 4 月の森林学会で発表する内容の要旨です)

発案までの経緯

気候変動や酸性降下物などによる環境負荷など、外的環境要因が林木の成長に与える影響は、これまで以上に多様かつ複雑になっています。育林や保全管理、衰退現象への対策など、これらの指針を得るためには、樹木の成長と環境の関係を正しく理解する必要があります。これまでの研究によって、林木の環境応答や衰退に関する様々なメカニズムが数多く解明されてきました。また、環境モニタリング技術や林木の生理的な評価手法が向上し、それぞれの詳細がわかるようになってきました。しかし個々の林分については、成長の環境支配や衰退原因の実態を評価するなど、野外で環境と樹木生理の因果関係を簡便かつ精度良く評価する手法はなく、これまでのメカニズム研究の成果が森林管理に生かし切れていない状況にあります。そこで我々は、環境要因と樹木の成長の因果関係を評価するための指標を遺伝子発現情報に求め、この「環境生物指標」の確立を目指した遺伝子発現の研究に取り組むことにしました。

ストレス診断とは？

ストレス診断とは広義に環境応答も含めて①樹木のストレスの状態（生物情報）を評価すること、②ストレスの原因となる外的環境（環境情報）を評価することの2つに大別できます。我々が意味するストレス診断とは、①と②の両方、ならびに両者の因果関係が分子生理生態学的な裏付けをもって評価することをさします。

遺伝子発現情報と環境生物指標

遺伝子発現とは、DNAにある遺伝子が mRNA を転写してタンパク質を翻訳する過程です。ここでは、測定の簡便性などの理由により mRNA 量の変動を対象とした解析をさします。植物片から抽出して得られる全 RNA には、様々な役割を担う遺伝子の mRNA が含まれます。その中には、外的・内的環境シグナルの受容、機能の発現調節、これらの間のシグナル伝達など、それぞれの役割を果たす遺伝子の発現情報が含まれます。よって、もしも林木の機能発現調節とストレス状態・原因を指標する遺伝子の発現パターンが分子生理生態学的な裏付けをもって解明されれば、林木の mRNA 量の網羅的解析による環境生物指標に基づいたストレス診断技術の確立が期待できます。なお、遺伝子発現の網羅的解析では、数万の遺伝子発現の同時解析を可能にしたマイクロアレイ解析法が技術的な裏付けとなります。

生態評価モデル樹木 ～ブナが候補たる理由～

診断技術の開発には、モデルとなる樹木が必要です。ブナは冷温帯を広く優占する樹木で、ブナ林に対する森林生態系機能に寄せる期待は大きいです。一方で、衰退現象の顕在化が報告され、その対策が求められている樹種でもあります。同属のヨーロッパブナなどを含めると、ブナは広葉樹のなかで森林生態系機能と生態生理学的な研究が最も進んでいる樹種のひとつです。ブナとヨーロッパブナでは遺伝子の塩基配列の相同性が高く、当面のところ塩基配列情報を共有できる可能性が高いです。したがって、研究蓄積と実用の両面から、ブナは生態系評価モデル樹木として適していると考えています。

当面の課題

(1) ブナ完全長 cDNA ライブラリーの作成と ESTs 解析

遺伝子発現解析では、cDNA クローンとその塩基配列情報を必要とします。我々は、ブナ天然林の樹冠で開芽から落葉まで採取した葉と数種のストレス処理を行った葉から抽出した全 RNA をまとめ、平均化の処理を経て作成した完全長 cDNA ライブラリーを保有し、現在、網羅的に塩基配列を解読しています。

(2) 指標性遺伝子の探索

目的にあった指標性遺伝子を明らかにするためには、遺伝子発現の実態把握と環境応答特性の解明が基礎情報として不可欠です。ストレス状態の指標性遺伝子では、健全、ストレス防御、衰退・老化誘導の3種類の指標性遺伝子を求めて、候補となる各種遺伝子の発現実態をブナ樹冠で調べています。

おわりに

ここでの提案は、林木における遺伝子発現研究の新たな位置づけを明示し、遺伝子発現データの統合と情報化の指針を示すものと考えています。