



遺伝子発現を活用した森林病虫害診断の可能性

道総研 林業試験場 保護種苗木部 保護グループ 和田尚之

研究の背景・目的

森林での病虫害被害を軽減させるためには被害木や被害リスクの高い衰弱木を早期に発見することが重要ですが、これまで早期の診断はほとんどできていませんでした。被害木を早期に発見する手法として遺伝子発現に着目し、樹木の葉の遺伝子発現情報をもとに病虫害が識別できないか検討しました。

遺伝子発現情報

遺伝子発現情報は、様々な生命活動のもととなる情報です。病虫害や樹木の健康状態など、その時の状況に応じて遺伝子の発現パターンは常に変化しています（図1）。

そのため、病虫害被害時の特徴的な遺伝子発現パターンが分かれば、その情報を利用して病虫害を識別することができます。また、遺伝子発現は外見症状が現れる前に変化するため、初期の発現変化をとらえることで早期診断に活用できる可能性があるほか、遺伝子発現解析は葉1枚から可能で、樹木への負担なく解析できるという利点もあります。

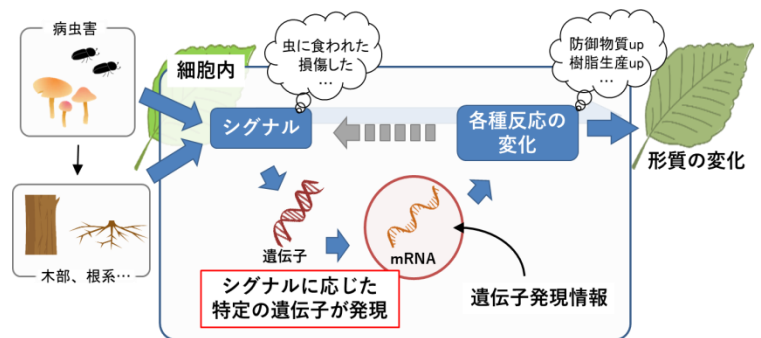


図1：遺伝子発現情報の模式図

研究の成果

遺伝子発現を活用してカラマツにおけるキクイムシ被害の識別を試みました。陸別町において葉での遺伝子発現を被害の有無で比較したところ（図2）、被害部位ではない葉でも遺伝子発現パターンに変化がみられました（図3左）。さらに、発現に変化がみられた遺伝子の一つを豊頃町のカラマツでも調べたところ、陸別町同様キクイムシ被害を受け枯死した個体で高い発現量を示しました（図3右）。



図2：陸別町のキクイムシ被害木（左）と遺伝子発現解析に使用した葉（右）

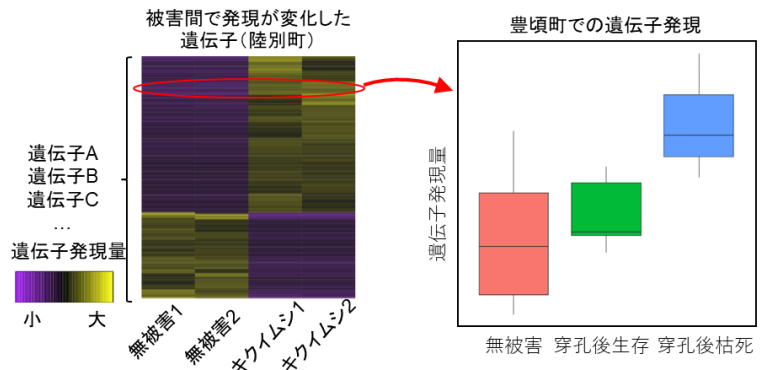


図3：陸別町でキクイムシ被害時に発現が変化した遺伝子（左）とそのうちの1つの遺伝子の発現量を異なる地域（豊頃町）で被害形態別に測定した結果（右）

複数の地域で、遺伝子発現をもとにキクイムシ被害を識別することができ、遺伝子発現によって病虫害を識別できる可能性が見えてきました。今後は衰弱木の検出やならたけ病などの識別にこの技術の応用を目指していきます。