

東南アジア熱帯雨林で重要な林業樹種におけるゲノム選抜育種導入の可能性

Possibility to introduce genomic selection into tree breeding for important timber species distributed in the tropical rainforests of Southeast Asia

東南アジア熱帯雨林の重要な林業樹種(フタバガキ科樹種)を対象に遺伝子連関解析を行い、ゲノム推定モデルを構築することで、形質の評価に長期間を要していた林木の遺伝的な改良期間を短縮できる。中央カリマンタンに設定されたフタバガキ次代検定林は、強い連鎖不平衡によりゲノム選抜モデルの作成に適しており、成長に関して、選抜した遺伝子座で高いゲノム遺伝率が検出されたことから、成長に関するゲノム選抜が有効であることが示唆された。

Genetic improvement is significantly shortened by genome-wide association studies and genomic prediction models, compared with conventional selection schemes. The dipterocarp progeny trial at central Kalimantan shows strong linkage disequilibrium and is found suitable for creating a genomic selection model. The selected loci shows higher genomic heritability, indicating the effectiveness of genomic selection for tree growth.

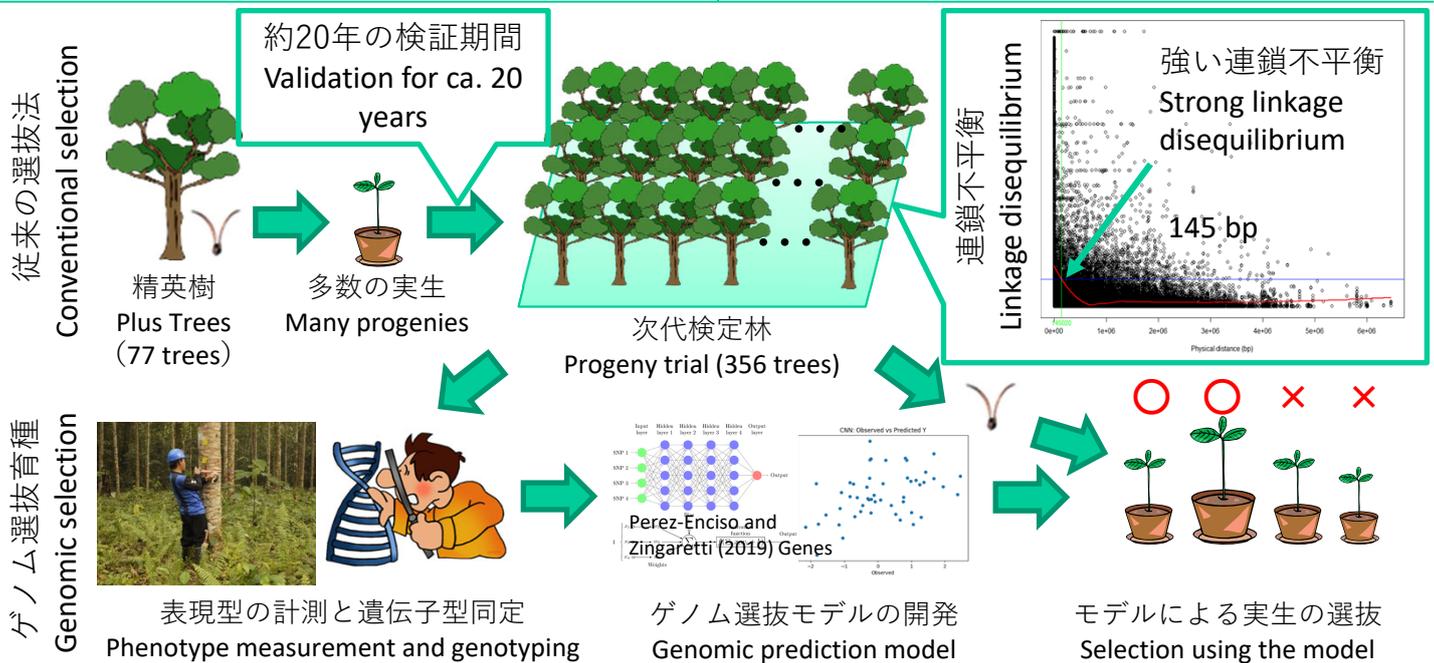


図1 本研究に用いた次代検定林の遺伝的性質とゲノム選抜育種を用いた場合の工程

Fig. 1. Genetic characteristics of the progeny trial in this study and genomic selection

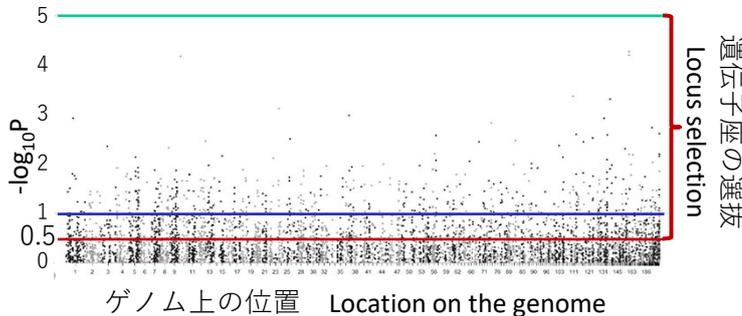


図2 間伐後の樹高に対して各遺伝子座が示す連関

Fig. 2. Genetic association between tree height after thinning and genotype of each loci

表1 遺伝子型から算出したゲノム遺伝率
Table 1. Genomic heritability estimated from genotypes

	ゲノム遺伝率 Genomic heritability 全遺伝子座 All loci	ゲノム遺伝率 Genomic heritability 選抜遺伝子座 Selected loci
樹高 Tree height	0.313	0.573
幹直径 Trunk diameter	0.292	0.615