

平成 24 年 3 月 14 日

## 記者会見のお知らせ

(2012 年日本育種学会第 121 回春季大会における発表課題)

1. **発表日時**：平成 24 年 3 月 21 日（水曜）11：15～12：00  
（本記者発表に関わる記事の解禁は、3 月 21 日の発表後 14：00 からとさせていただきます）
2. **発表場所**：東京大学弥生講堂アネックス・エンゼル研究棟講義室（別紙参照）  
（東大農学部正門入って左 [http://www.a.u-tokyo.ac.jp/yayoi/plan\\_annex.html](http://www.a.u-tokyo.ac.jp/yayoi/plan_annex.html)）
3. **出席者**  
日本育種学会幹事長 草場 信  
（広島大学・大学院理学研究科 附属植物遺伝子保管実験施設 教授）  
日本育種学会庶務幹事 伊藤純一  
（東京大学・大学院農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻 准教授）

### 4. 発表内容の紹介

育種学は作物の品種改良の技術基盤とその理論を追究する学問領域です。日本育種学会（会員数約 2,000 名）は、その育種学に関する研究および技術の進歩、研究者の交流と協力、および知識の普及をはかることを目的として活動しています。

本発表内容は 3 月 29 日（木曜）、30 日（金曜）に宇都宮大学（栃木県宇都宮市）で行われる日本育種学会 2012 年春季大会で発表予定のものです。合計 281 の講演課題の中から選定された 2 課題について発表させていただきます。どうぞよろしくお願いたします。

**発表タイトル：**

- (1) 重要形質の遺伝子座を迅速に同定できる MutMap 法のイネゲノム育種への適用
- (2) 携帯端末を活用した圃場でのイネ形質評価の効率化

※詳細は別紙をご参照ください。講演要旨集は当日配布いたします。

**問い合わせ先：**

伊藤 純一（東京大学・大学院農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻 准教授）  
電話：03-5841-5064; 090-3814-9655  
FAX：03-5841-5063 E-mail: [ajunito@mail.ecc.u-tokyo.ac.jp](mailto:ajunito@mail.ecc.u-tokyo.ac.jp)

日本育種学会 第121回講演会プログラム  
2012年春季 宇都宮大学

|              |                             |  |   |  |                                      |                                     |  |                                    |
|--------------|-----------------------------|--|---|--|--------------------------------------|-------------------------------------|--|------------------------------------|
| 3月28日<br>(水) | 午後                          | 幹事会 15:00-18:00 (農学部 14号館中棟西側2F 大会議室)  |   |  |                                      |                                     |  |                                    |
|              |                             | 第1会場<br>教育D棟<br>2101教室   | 第2会場<br>教育E棟<br>2102教室                          | 第3会場<br>教育F棟<br>2103教室                     | 第4会場<br>教育F棟<br>2204教室               | 第5会場<br>教育F棟<br>2104教室              | 第6会場<br>教育A棟マルチ<br>メディア教室1             | 第7会場<br>教育A棟マルチ<br>メディア教室2         |
| 3月29日(木)     | 午前                          | ゲノム解析・<br>DNAマーカー<br><br>101-108<br>10:00-12:00  | ゲノム解析・<br>DNAマーカー<br><br>201-208<br>10:00-12:00 | 品種育成・<br>育種法<br><br>301-308<br>10:00-12:00 | 抵抗性・耐性<br><br>401-408<br>10:00-12:00 | 発生<br><br>501-508<br>10:00-12:00    | 遺伝資源<br><br>601-608<br>10:00-12:00     | 変異創成<br><br>701-708<br>10:00-12:00 |
|              | 午後                          | 総会・学会賞授賞式 13:30-14:30 (農学部 3101教室)   |   |  |                                      |                                     |  |                                    |
|              |                             | 学会賞受賞講演 14:45-17:00 (農学部 3101教室)   |   |  |                                      |                                     |  |                                    |
|              |                             | 学会賞<br>14:45-15:20 ◎イネ実験系統群の作出とゲノミクス研究における利用<br>吉村 淳 (九州大学大学院農学研究院)<br>15:20-15:55 ◎高品質「安代りんどう」ブランド品種群の育成と海外展開<br>安代リンドウ開発合同育種チーム (八幡平市花き研究開発センター)<br>奨励賞<br>16:10-16:35 ◎アブラナ科植物における分子遺伝学研究基盤の構築と育種学的研究<br>諏訪部 圭太 (三重大学大学院生物資源学研究科)<br>16:35-17:00 ◎穀物における選抜遺伝子および農業形質関連遺伝子の解析手法の開発<br>山崎 将紀 (神戸大学大学院農学研究院 附属食資源教育研究センター) |   |  |                                      |                                     |  |                                    |
|              | 懇親会 17:30-19:30 (大学会館 生協食堂) |  |   |  |                                      |                                     |  |                                    |
| 3月30日(金)     | 午前                          | ポスター奇数番号 9:00-10:30 (体育館)  |   |  |                                      |                                     |  |                                    |
|              |                             | ポスター偶数番号 10:30-12:00 (体育館)   |   |  |                                      |                                     |  |                                    |
|              | 午後                          | 第1会場<br>教育D棟<br>2101教室   | 第2会場<br>教育E棟<br>2102教室                          | 第3会場<br>教育F棟<br>2103教室                     | 第4会場<br>教育F棟<br>2204教室               | 第5会場<br>教育F棟<br>2104教室              | 第6会場<br>教育A棟マルチ<br>メディア教室1             | 第7会場<br>教育A棟マルチ<br>メディア教室2         |
|              |                             | ゲノム解析・<br>DNAマーカー<br><br>109-120<br>13:00-16:00  | ゲノム解析・<br>DNAマーカー<br><br>209-220<br>13:00-16:00 | 品種育成・<br>育成法<br><br>309-317<br>13:00-15:15 | 抵抗性・耐性<br><br>409-420<br>13:00-16:00 | 発生<br><br>509-517<br>13:00-15:15    | 遺伝資源<br><br>609-613<br>13:00-14:15     | 変異創成<br><br>709-714<br>13:00-14:30 |
|              |                             |  |   | 育種情報・<br>データベース<br>318-320<br>15:15-16:00  |                                      | 増殖・生殖<br><br>518-520<br>15:15-16:00 | 収量・<br>バイオマス<br>614-618<br>14:15-15:30 | 品質成分<br><br>715-720<br>14:30-16:00 |
|              |                             | グループ<br>研究集会<br>(1)  | グループ<br>研究集会<br>(2)                             |  | グループ<br>研究集会<br>(3)                  | グループ<br>研究集会<br>(4)                 |  |                                    |

1. 発表タイトル：

「重要形質の遺伝子座を迅速に同定できる **MutMap** 法のイネゲノム育種への適用」

2. 発表者：

○阿部陽<sup>1</sup>・吉田健太郎<sup>2</sup>・高木宏樹<sup>2</sup>・小杉俊一<sup>2</sup>・夏目俊<sup>2</sup>・Muluneh Tamiru<sup>2</sup>・落合祐介<sup>2</sup>・佐々木力<sup>1</sup>・寺内良平<sup>2</sup> (1 岩手県農業研究センター, 2 岩手生物工学研究センター)

3. 発表概要：

我々はこれまで、イネ品種「ひとめぼれ」に EMS 突然変異処理をした 12,000 系統の突然変異系統を作出するとともに、これら突然変異系統と次世代シーケンサーを利用して、迅速に突然変異の原因遺伝子を同定する「**MutMap** 法」を開発してきました。今回、イネ育種上重要な形質である食味（お米のアミロース含有率）の改良を目的として、僅かな低アミロース性を示す有用な変異系統を見出し、「**MutMap** 法」によって迅速にその原因遺伝子領域を明らかにしました。この結果は、「**MutMap** 法」が様々な形質において、小さな差の原因となる遺伝子の変異を迅速に明らかにできる育種上極めて有効な手法であることを示しており、イネだけでなく様々な作物育種の進展に大きく貢献することが期待されます。

4. 発表内容：

我々は、イネ育種に利用する目的で、イネ品種「ひとめぼれ」に突然変異処理をした 12,000 系統の突然変異系統を作出してきました。また、これら突然変異系統と原品種との交配から得られた F<sub>2</sub> 集団と次世代シーケンサーを利用したバルク DNA 全ゲノムシーケンスによって迅速に原因遺伝子を同定する「**MutMap** 法」を開発しました (Abe and Kosugi et al. *Nature Biotechnology* 30: 174-178. 2012)。この方法は、これまで原因遺伝子の同定が困難であった形質についても、迅速に原因遺伝子領域が同定できる画期的な手法です。本研究では、食味関連形質などイネ育種上重要な形質に関連する突然変異体について「**MutMap** 法」により解析し、その結果をイネ育種へ応用することを目的として実施しました。

「ひとめぼれ」突然変異系統から、原品種「ひとめぼれ」に比べて、お米のアミロース含有率が約 1~2% 低い系統「Hit1073」などを選抜しました。食味官能試験の結果から、これら系統は僅かな低アミロース性をもつ新奇の有望な良食味遺伝子資源であることがわかりました。系統「Hit1073」を「**MutMap** 法」に適用したところ、僅

かな低アミロース性の原因遺伝子は、第 9 番染色体に座乗することが明らかとなりました。現在、この結果をもとに、ゲノム育種による極良食味品種の育成を進めています。

以上より、突然変異系統と原品種との交配後代を利用する「MutMap 法」は、F<sub>2</sub> 集団の出穂期や草姿がばらつかず安定しており、効果の小さな遺伝子の変異であっても、原因遺伝子領域を迅速に同定できることが実証されました。さらに、その結果（ゲノム情報）を直ちにゲノム育種へ利用できることから、育種上極めて有効な手法であると言えます。「MutMap 法」は、イネだけでなく様々な作物に応用できることから、世界の作物育種の進展に大きく貢献することが期待されます。

#### 5. 発表雑誌：

- ・ MutMap 法の開発については、本年 1 月に論文発表。

Abe and Kosugi et al. Nature Biotechnology 30: 174-178. 2012

#### 6. 注意事項：

- ・ MutMap 法の開発については、本年 1 月に岩手県からプレスリリース済み。
- ・ 今回は、イネの品種改良において重要な形質である食味（アミロース含有率）について MutMap 法を適用し、迅速にその原因遺伝子領域を明らかにした点が新規。
- ・ 本研究は、独立行政法人 農研機構・生物系特定産業技術研究支援センター「イノベーション創出基礎的研究推進事業」の支援を受けて実施しました。

#### 7. 問合せ先：

財団法人岩手生物工学研究センター

寺内 良平

〒024-0003 岩手県北上市成田 22 地割 174 番地 4

TEL: 0197-68-2911 FAX: 0197-68-3881

E-mail: terauchi@ibrc.or.jp

#### 8. 用語解説：

次世代シーケンサー：

従来の DNA シーケンサー（DNA 配列解析装置）に比較し、低コストかつ迅速な DNA 配列の解析ができる装置。一回の解析で数品種分のイネの全遺伝情報（ゲノム）の解析を約 2 週間で行うことができる。

**MutMap 法**（ムットマップ法、Mutation Mapping の略）：

発表者らの研究グループが開発した新しい解析手法。突然変異系統と原品種との交雑 F<sub>2</sub> 集団から、突然変異型の形質を示す 20 個体を選び、その DNA を混合する。次世代シーケンサーにより混合 DNA の DNA 配列を解読、SNP-index という独自の指標を用いて原品種の DNA 配列と比較し、変異の原因遺伝子領域を特定する。原品種との交雑であることから、従来の手法では難しかった小さな差の変異についても解析できる。

**ゲノム育種**：

形質の差を決定している DNA 配列の違いを目印として、有用な形質をもつ個体を効率良く選びだし、短時間で品種を育成する方法。イネでは全ゲノムの塩基配列が高精度に解読されており、ゲノム情報を利用した育種が可能となっているが、目的の形質に関わる遺伝子や品種間差を決めている DNA 配列の違いを明らかにすることが重要となる。

**アミロース**：

お米に含まれるデンプンの成分の一種。日本の一般的なうるち米のアミロース含有率は 15～20% 程度、もち米は 0%。アミロース含有率が低いほど炊飯米の粘りが強くなる。アミロース含有率が適度に低いお米は、適度な粘りがあり、良食味と評価される。

**9. 添付資料**：

なし（記者発表当日に配布します）

**1. 発表タイトル:**

「携帯端末を活用した圃場でのイネ形質評価の効率化」

**2. 発表者:**

七夕 高也・柴谷 多恵子・堀 清純・江花 薫子・矢野 昌裕（農業生物資源研究所）

**3. 発表概要:**

圃場で生育する作物の形質調査は品種改良における大事な作業です。この作業は、圃場で生育する個体を観察し、その性質を記録し、最後は記録したデータをパソコンに入力するステップからなり、多数の個体を観察するには多大な労力がかかります。私たちは、この形質調査におけるデータの記録と入力をより短時間に効率良く進めるためのソフトウェアを開発しました。

開発したソフトウェアは、圃場で持ち運びのしやすい携帯端末（iPod touch）で動作するもので、計測作業者が簡単な操作で形質値の記録作業を効率よく進めることを可能にします。圃場で記録したデータは、簡単な操作で研究室のパソコンに読み込むことができ、データ入力作業の大幅な簡略化と日々増えていく計測データ管理の効率化に貢献します。

**4. 発表内容:**

圃場での形質調査から解析作業までにかかる作業は、圃場における「計測、調査」、「記録」および研究室におけるデータの「電子化」に分けることができます。私たちは、「記録」と「電子化」に関わる作業を効率化することを目的としたソフトウェアの開発を進めています。本発表では、携帯端末を活用したイネの出穂日調査（穂がでる時期の調査）を効率良く進めるためのソフトウェアの開発について報告します。

開発したソフトウェアは、可搬性に優れている携帯型端末 iPod touch（アップル社）で動作するもので、圃場におけるイネの出穂日データの記録管理にかかる作業の迅速化に貢献します。開発したソフトウェアを活用した際の主な利点を2つ紹介します。

**(1) タッチパネル操作によるデータ入力作業の効率化**

圃場での記録作業は、画面上のボタンを押すだけで完了し、従来の野帳（紙媒体）の筆記作業と比べて記録速度が速く、記載ミスも起こりにくくなり、記録作業の大幅な効率向上につながります。また、雨天時に紙媒体では記録作業が難しくなる状況下でも、携帯端末を防水袋に入れることで晴天時と同様の記録作業を進めることができ、従来の紙媒体の記録作業に比べて有利となる特徴のひとつです。

**(2) データの電子化作業の効率化**

圃場で記録するデータは、研究室に戻ってから携帯端末をパソコンに接続し、簡単な作業で表計算ソフトに取り込むことができ、即座に記録したデータの統計解析へと進め

ることが可能となります。

私たちは、開発したソフトウェアの利便性を、多数の育種材料の出穂日調査で確認するために、約 10000 個体のイネを対象とした出穂調査を行いました。この結果、従来の紙媒体による記録作業に比べて、圃場での筆記にかかる手間を軽減でき、記録したデータのパソコンへの入力を大幅に効率化できることを確認しました。開発したソフトウェアの導入により、多数の系統あるいは個体に対する形質調査を効率化できる見通しを得ることができました。今後は、計測する項目を増やすなど、幅広く汎用的に活用できるソフトウェアの実現に向けた改良を進める予定です。

本研究は農林水産省「新農業展開ゲノムプロジェクト」による支援を受けて得られた成果です。

**5. 発表雑誌:**

なし

**6. 注意事項:**

特になし

**7. 問合せ先:**

独立行政法人 農業生物資源研究所 農業生物先端ゲノム研究センター  
矢野 昌裕  
〒305-8602 茨城県つくば市観音台 2-1-2  
TEL: 029-838-6003

**8. 用語解説:**

**形質調査:** 作物が示す様々な特性を形質と呼び、作物の開花時期、草丈や花の色、病気に対する抵抗性などが含まれます。作物が持つ遺伝子の組み合わせによって形質値が変わるだけでなく、栽培環境の違いも形質値に影響するため、実際の育種現場や研究現場では多数の個体について形質を評価する必要があります。

**出穂日:** イネやムギなどの花序である穂が出現した日のことです。出穂日の違いは、収穫時期の早晚、収穫量、特定地域での栽培適性などの多くの農業形質に影響することから育種では最重要視される形質の一つです。

**9. 添付資料:**

なし (記者発表当日に配布します)