

記者会見のお知らせ

(2015 年日本育種学会第 127 回秋季大会における発表課題)

1. 発表日時：平成 27 年 3 月 12 日（木）14:00～15:00

(本記者発表に関わる記事の解禁は、3 月 12 日の発表後 17:00 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）

3. 出席者

日本育種学会幹事長 熊丸 敏博

（九州大学・大学院農学研究院 附属遺伝子資源開発研究センター 教授）

日本育種学会庶務幹事 岩田 洋佳

（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 21 日（土・祝）、22 日（日）に玉川大学（東京都町田市）で行われる日本育種学会 2015 年春季大会で発表予定のものです。合計 246（口頭発表 106 題、ポスター発表 140 題）の講演課題の中から選定された 7 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いたします。

発表タイトル：

(1) イネゲノムを網羅的に読み解くことで、迅速に農業有用遺伝子が推定できる

(2) ‘ソメイヨシノ’の起源を解明

—‘ソメイヨシノ’が人為的に育種され、原木候補を示唆する証拠を発見した—

(3) 大豆のコンバイン収穫に欠かせない遺伝子 *pdh1*～大豆栽培の世界的な普及を促進した遺伝子の正体とは

(4) ダイコンの臭い、辛み、黄色化に関与する遺伝子を同定

—臭わないダイコンが短期間で育成可能に—

(5) 低カロリー米の開発に向けた難消化性澱粉を多く含む変異体系統の育種

(6) 難消化性澱粉を多く含む変異体系統の選抜と低カロリー米の開発に向けて

(7) DNA の違いをもとに、将来できる果実の性質を予測して選抜する

～カンキツの品種育成の効率化に向けた新技術の応用～

※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：

岩田 洋佳（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：03-5841-8156 または 5069

FAX：03-5841-5068 または 5069 E-mail: aiwata@mail.ecc.u-tokyo.ac.jp

1. 話題

イネゲノムを網羅的に読み解くことで、迅速に農業有用遺伝子が推定できる

2. 学会講演タイトル

日本のイネ品種を用いた GWAS 解析

3. 発表者

矢野 憲司¹、安益 公一郎¹、竹内 秀征¹、池田 真由子¹、山崎 将紀²、吉田 晋弥³、北野 英己¹、平野 恒¹、松岡 信¹ (1.名古屋大学 生物機能開発利用研究センター、 2.神戸大学大学院 農学研究科 附属食資源教育研究センター、 3.兵庫県立農林水産技術総合センター)

4. 発表概要

我が国にイネが渡来して以降、全国至る所でその地域に適した品種が選抜され、生産力が高く食味が良い品種が育成されてきました。その過程で生じる遺伝的変異が、日本人にとって有益な形質に影響する場合、それは後代へ残され蓄積されます。その結果、日本に現存するイネ品種の DNA の違い（多型）を網羅的に調べることで、形質の違いをもたらす遺伝子候補を予想することが可能になります。この方法はゲノムワイド関連解析（GWAS 解析）と呼ばれ、現在ヒトの疾患や家畜の経済形質に関与する遺伝子を予測する技術として広く用いられています。

今回、私たちは、遺伝背景が比較的保存されていると予測された日本のイネ 198 品種を GWAS 解析に用いることで農業有用遺伝子の推定を効率的に行うことができるか検証しました。

5. 発表内容

私たちは、日本のイネ 198 品種のゲノム配列を解読し、合計 787,940 個に及ぶ膨大な数の DNA 多型（SNPs（1塩基多型）や INDELs（挿入・欠損多型））を検出しました。この DNA 多型情報を基に品種間の関係性を測るため、分子系統樹を作成したところ、複数の系統群を形成することが分かりました（図 1）。この系統樹のなかで、「コシヒカリ」と「日本晴」は、その祖先品種であるとされ

ている「愛国」と「旭」の系統群に属することが明らかとなり、今回の系統樹が品種間の遺伝的な関係性を表していることが確認されました。

次に、今回の GWAS 解析の有効性を調べるため、一株当たりの穂の数（一株穂数）について解析を試みました。図 2 の横軸はイネの 12 本の染色体の物理的位置、縦軸は各 DNA 多型が形質（穂数）と連鎖する有意性の程度（P 値を対数変換した数値）を示しています。この結果、第 4 番染色体の長腕の端に高いピークが検出され、この付近に一株穂数を制御する遺伝子が座乗している可能性が示唆されました。そこで、この付近に座乗する DNA の変異を網羅的に調べたところ、収量形質に対して多面効果を示すことが報告されている *NARROW LEAF1* (*NAL1*) に一つのアミノ酸変異 (Hys→Arg) を起こす DNA 多型がありました。また、この多型に着目すると、198 品種は 2 つのグループ（ハプロタイプ）に分けることが出来ました（図 5）。*NAL1* は、葉の幅（葉幅）や一穂に付く種子の数（一穂着粒数）も制御することが知られています。そこで、これらの形質についても GWAS 解析を行った結果（図 3, 4）、予想通り *NAL1* 座乗位置にピークが検出されました。この結果は、日本の品種において *NAL1* 遺伝子が一株穂数や一穂着粒数というイネの収量を制御する農業上重要な形質を制御することを示唆しています。さらに興味深いことに、水稻と陸稲に分けて *NAL1* の違いを調べると、水稻ではハプロタイプ A が多く、陸稲ではハプロタイプ B が多いことがわかりました（図 6）。これは、原因遺伝子として予測される *NAL1* が水稻と陸稲を特徴付ける一つの要因であることを示唆しています。

以上の結果は、日本のイネを用いた GWAS 解析による迅速な候補遺伝子の絞り込みが有効であること表しています。今回は、一株穂数や一穂着粒数という収量形質に着目した解析を発表しましたが、これ以外の農業上重要な形質についても同様の方法で解析を進めているところです。

6. 注意事項

本研究は、JSPS 科研費 26252001 の助成を受け行われたものです。

7. 問い合わせ先

名古屋大学 生物利用開発利用研究センター 植物分子育種分野

矢野 憲司

〒464-8601 名古屋市千種区不老町 TEL: 052-789-5225 FAX: 052-789-5226

E-mail: yano.kenji@c.mbox.nagoya-u.ac.jp

8. 添付資料

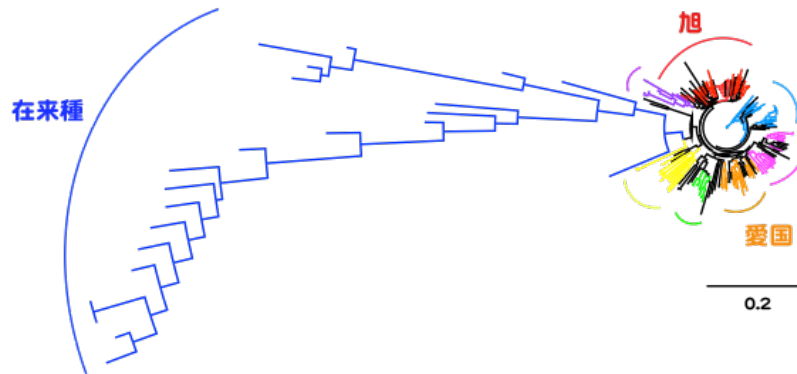


図 1. イネ 198 品種の分子系統樹

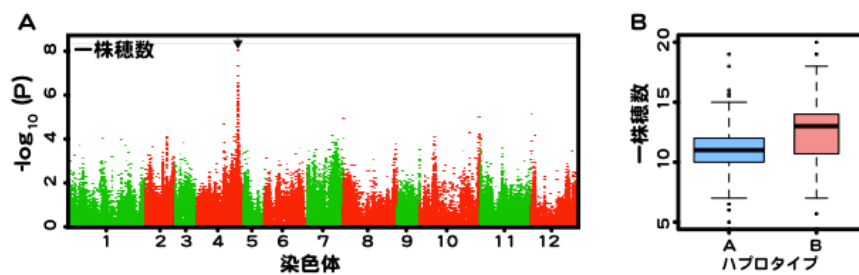


図 2. 一株穂数における GWAS 解析 (A) マンハッタンプロット、(B) ボックスプロット

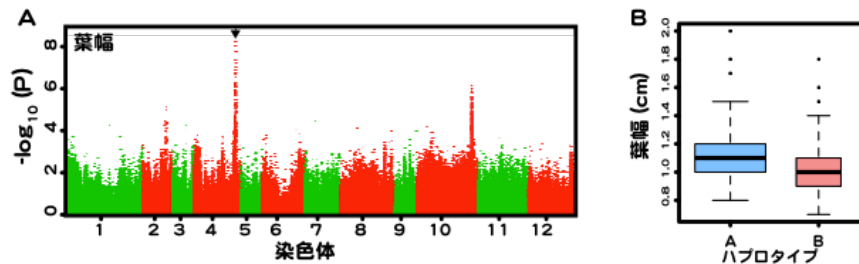


図 3. 葉幅における GWAS 解析 (A) マンハッタンプロット、(B) ボックスプロット

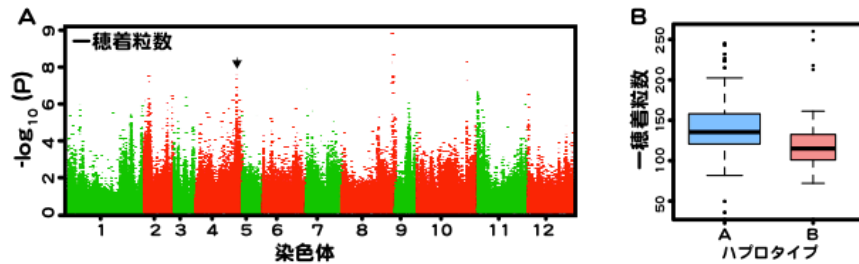


図 4. 一穂着粒数における GWAS 解析 (A) マンハッタンプロット、(B) ボックスプロット

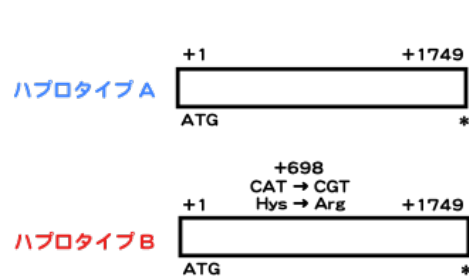


図 5. 198 品種内に存在する 2 つの *NAL1* ハプロタイプ

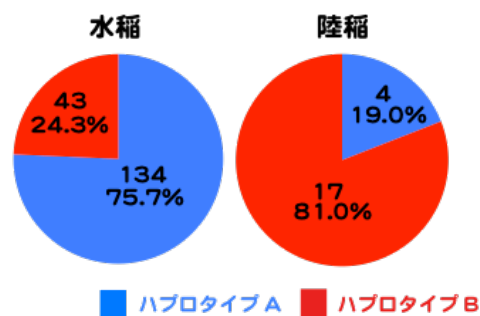


図 6. 水稲と陸稲における *NAL1* ハプロタイプ割合

1. 話題

‘ソメイヨシノ’の起源を解明

— ‘ソメイヨシノ’が人為的に育種され、原木候補を示唆する証拠を発見した—

2. 学会講演タイトル

上野公園の‘ソメイヨシノ’原木候補について

3. 発表者

中村郁郎，土屋有沙，高橋弘子，真壁壮（千葉大学大学院園芸学研究科）

4. 発表概要

日本の春を彩るソメイヨシノは、いっせいに咲き、いっせいに散る群桜が醍醐味である。これは1本の原木から接ぎ木により増殖されたクローンであることがなせる業である。では、ソメイヨシノは、いつ、どこで、どのように作られたのであろうか？

ソメイヨシノの起源については、「エドヒガンとオオシマザクラ」の雑種であって、自然交雑によって生じたと考えられてきた。しかし、この度、上野恩賜公園にある小松宮像の周辺にあるコマツオトメを含む6本のエドヒガン系樹木の自家不和合性遺伝子の遺伝子型（ハプロタイプ）を解析した結果、ソメイヨシノの兄弟であることが明らかになった。小松宮像は、旧寛永寺の鐘楼堂の敷地に立っているが、兄弟のサクラが自然に敷地の端に等間隔に並んで生えることは考え難いので、この結果は、人為的に交配を行なって得た実生を鐘楼堂の周りに植えた人物がいたことを示唆している。ソメイヨシノの兄弟が植えられていることは、ソメイヨシノの原木も同時に植えられたに違いない。小松宮像の周辺には、4本のソメイヨシノが生えているが、植栽位置を考慮することにより、原木候補を推定することができた。また、ほかの3本と一緒に旧寛永寺の正門に向かってアーチ状に植えられていることは、この人物の育種目標が「群桜に適した品種」であることを示している。

本研究の結果は、2本の親木の間の相反交雑によって得られた実生を旧寛永寺の鐘楼堂の周りに植え、その中からソメイヨシノが選抜されたことを示唆しているので、最初の1本（原木）が上野公園に現存していると考えられる。2本の親木を並べて植えても、虫に受粉を頼ると相反交雑の実生を確実に得ることはできないので、メンデルの法則の発見（1865）以前に交配技術を持つ人物がいたと考えられる。この人物を特定する資料は存在しないが、本研究で得られた交配育種の証拠は、明治時代の分筆・園芸家の前田曙山の「江戸中期の染井の植木職人が作出した」との伝聞（曙山園芸 1911）と一致するので、伊藤伊兵衛政武（1667～1757）である可能性が高い。この交配技術の開発が江戸時代の「変化アサガオ」などの園芸文化の隆盛に大きく貢献したと考えられる。上野恩賜公園の小松宮像周辺は、ソメイヨシノの選抜育種場であり、植物の交配育種に関わる世界で最古の歴史遺産であると思われる。

5. 発表内容

ソメイヨシノ (*Prunus ×yedoensis* ‘Somei-yoshino’) は、江戸期に染井の植木職人が「吉野桜」の名前で売り出したとされ、その発祥は諸説あり明確になっていない。千葉大の中村ら (2007) は、*PolA1* 遺伝子第19イントロンおよび葉緑体DNAの多型解析を行い、「ソメイヨシノは、コマツオトメのような栽培品種のエドヒガンを母親にオオシマザクラを父親に起源した」との仮説を報告した。千葉大の安藤敏夫ら (2008) は、コマツオトメは、ソメイヨシノと同じ自家不和合性遺伝子 (*PyS1*) を含むこと、両者の葉緑体 *rpl16* 遺伝子の塩基配列が異なることを見出した。この結果は、コマツオトメがソメイヨシノの親ではなくて、片親が共通の兄弟のような関係にあることを示唆している。本研究では、上野公園にあるコマツオトメ周辺のエドヒガン系樹木の不和合性遺伝子を解析したところ、ソメイヨシノが人為的に作出され、原木候補を推定する証拠を発見することができた。

材料および方法

上野公園の小松宮像周辺にあるコマツオトメおよびエドヒガン系樹木の葉よりCTAB法を用いてゲノムDNAを抽出し、中村ら (2007) の方法を用いて、*PolA1* 遺伝子の第19イントロンのハプロタイプ (遺伝子型) の解析を行った。また、上村ら (2008, 2009) の報告に従い、葉緑体の *rpl16* 遺伝子および不和合性遺伝子のハプロタイプを解析した。

結果および考察

上野公園の小松宮像周辺には、ソメイヨシノ (133, 134, 136, 138) のほかにコマツオトメ (135) と 5 本のエドヒガン系樹木 (141~145) が植栽されている (第1図)。ソメイヨシノが持つ2個の不和合性遺伝子 (*PyS1*, *PyS2*) を特異的に増幅するプライマーを用いて、これらの樹木のハプロタイプを解析したところ、*PyS1PyS2* の個体が2個体 (142, 145)、*PyS1PyS3* の個体が3個体 (141, 143, 144) 認められた (第2図)。サクラの場合、不和合性遺伝子が2個とも偶然に一致する可能性は著しく低く、この結果は、ソメイヨシノを含む 7 個体が兄弟の関係にあることを示唆している (第3図)。これらの個体の *PolA1* 遺伝子、不和合性遺伝子、*rpl16* 遺伝子のハプロタイプを解析した結果を第4図に示した。本研究で得られた結果を総合すると、ソメイヨシノを含む 6 個体は、2つの親木の間の相反交雑により作出されたと考えられる (第5図)。また、コマツオトメは、交雑の際の花粉の混入により生じたと思われる。

本研究の結果は、ソメイヨシノの起源が、従来の仮説の「エドヒガンとオオシマザクラの雑種」ではなくて、明確な育種目標を抱いた人物が、より複雑で人為的な交雑を行い、ソメイヨシノを選抜したことを示している (第6図)。コマツオトメが生えている場所は、旧寛永寺の鐘楼堂の跡地であるので、ソメイヨシノの兄弟の実生を敷地の端に沿って等間隔に植えた人物がいたならば、当然、ソメイヨシノの原木も一緒に植えたと思われる。4本のソメイヨシノ (133, 134, 136, 138) の植栽位置を検討すると、136番のみが敷地の端に植えられているので、ソメイヨシノの原木候補である可能性が高いと思われる。残り3本のクローンを植えたのは、群桜としての評価および苗木を販売するためのディスプレイ用であったと考えられる。

6. 発表雑誌

未詳。

7. 注意事項

本研究で解析した上野恩賜公園のソメイヨシノの樹齢は、樹木医の一般的な推測によると、100 年程度だそうです。しかし、実際の樹齢は、切って年輪を数えないと分かりませんし、ソメイヨシノの原木の生長を観察した人もおりません。明治時代に入ってから、上野公園でソメイヨシノの選抜育種が行われたとすると、確実に記録に残っていると思います。また、戊辰戦争の際は、鐘楼堂の周りは焼け残ったとの証言もあります。そのため、ソメイヨシノが育種されたのは、少なくとも今から約 150 年前の明治維新 (1867 年) より以前であったと考えられます。

8. 問い合わせ先

千葉大学 大学院園芸学研究科 植物細胞工学研究分野

中村郁郎

〒271-8510 千葉県松戸市松戸 648

電話/fax: 047-308-8852, e-mail: inakamur@faculty.chiba-u.jp

9. 用語説明

遺伝子型: 一对の遺伝子の組合せを遺伝子型、特に一方の遺伝子型をハプロタイプと呼ぶ。

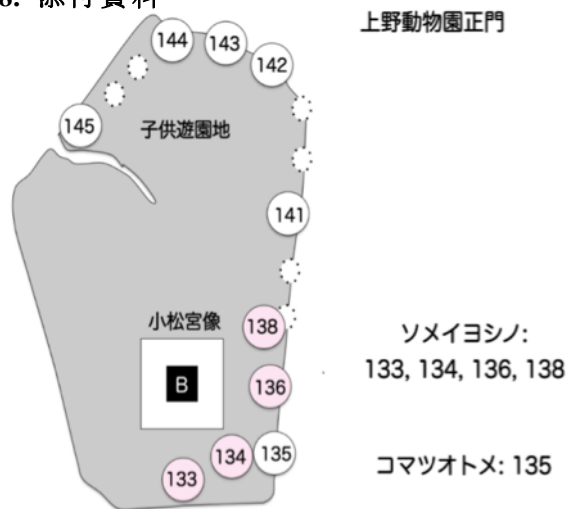
PolAI 遺伝子: リボゾーム RNA を合成する RNA ポリメラーゼ I の最大サブユニットをコードする遺伝子。核ゲノムに 1 個のみ存在する重要な遺伝子であるが、3' 領域に種に特異的な塩基配列を含むことが判明している。

rpl16 遺伝子: 葉緑体 DNA 上のリボゾームタンパク質の遺伝子。サクラの葉緑体 DNA は、母親から子へ伝達される。

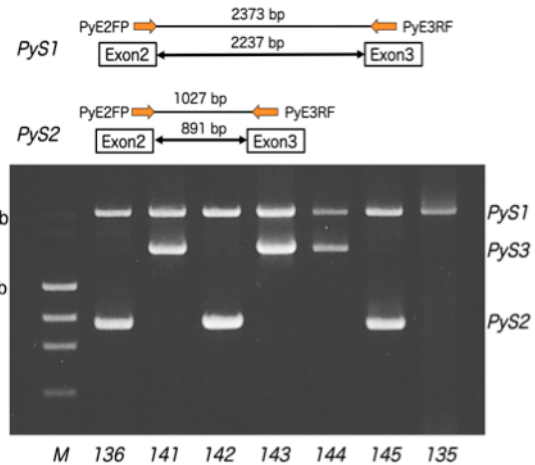
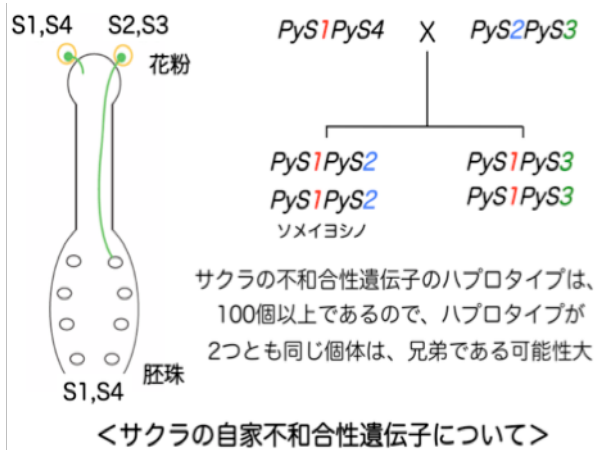
自家不和合性遺伝子: 自家不和合性とは、自身が持つ 2 つの遺伝子型と同じ遺伝子型を含む花粉の受精を拒む現象である。そのため、自家不和合性遺伝子の 2 つの遺伝子型が同じ個体が偶然に生じる可能性は著しく低い。2 つの遺伝子型が同じ複数個体と同じ場所に存在する場合は、同じ両親の間の交雑によって生じた兄弟であると考えられる。

相反交雑: 相反交雑とは、2 つの両親の間で、♂と♀を逆にした 2 通りの交配を行うことであり、植物の品種改良において一般的な手法である。相反交雑を確実に行うためには、放任受粉ではなく、人為的な受粉操作が必要である。

8. 添付資料

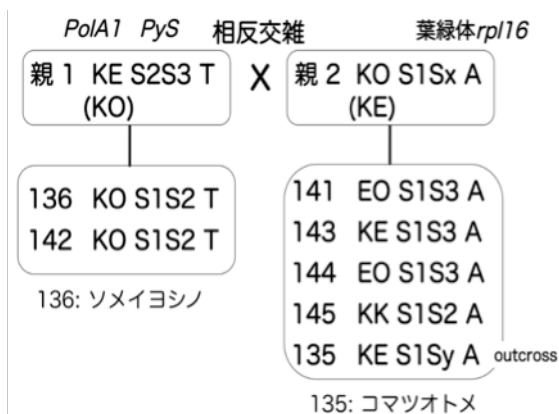
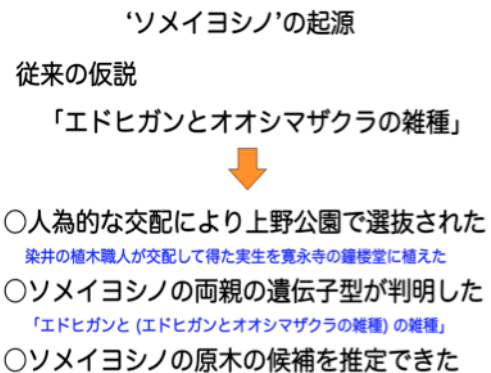


第1図 上野恩賜公園のエドヒガンの配置

第2図 ソメイヨシノの不和合性遺伝子 (*PyS1*, *PyS2*) を特異的に増幅するプライマーを用いたPCR増幅

第3図 サクラの自家不和合性遺伝子の遺伝様式。胚珠 (♀) の遺伝子型と同じ遺伝子型の花粉 (♂) は、受精できない。

	核	葉緑体	不和合性 遺伝子
Line	<i>PolA1</i>	<i>rpl16</i>	<i>PyS</i>
136	KO	T	S1S2
135	KE	A	S1Sx
141	EO	A	S1S3
142	KO	T	S1S2
143	KE	A	S1S3
144	EO	A	S1S3
145	KK	A	S1S2

第4図 エドヒガン系樹木の*PolA1*, *rpl16*, 不和合性遺伝子のハプロタイプ解析. K: コマツオトメ (135)とソメイヨシノ(136)に共通, E: エドヒガン特異的, O: オオシマザクラ特異的第5図 ソメイヨシノ両親のハプロタイプ推定
両親の KO と KE は、逆の組合せも可能

第6図 ソメイヨシノの起源について (まとめ)

1. 話題

大豆のコンバイン収穫に欠かせない遺伝子 *pdh1*～大豆栽培の世界的な普及を促進した遺伝子の正体とは

2. 講演タイトル

ダイズの脱粒性を左右する裂莢性 QTL のマップベースクローニング

3. 発表者

船附秀行^{1,2}、鈴木雅也³、廣瀬亜矢¹、稲葉大貴³、山田哲也⁴、羽鹿牧太⁴、片山健至⁵、佐山貴司⁶、石本政男⁶、藤野介延³ (¹農研機構北海道農業研究センター、²農研機構近畿中国四国農業研究センター、³北海道大学大学院農学研究院、⁴農研機構作物研究所、⁵香川大学農学部、⁶農業生物資源研究所)

4. 発表概要

大豆は世界で最も生産量の多いマメ科の作物です。元来、中国、日本、朝鮮半島などアジアの一部の地域で栽培されていたに過ぎませんが、20 世紀以降、北米や南米を中心に爆発的に栽培面積が増えました。タンパク質や脂質など栄養分に富むことに加え、大規模栽培に適した作物へと品種改良されたのもその大きな要因です。大規模栽培ではコンバイン収穫が前提となりますが、収穫前や収穫作業時に莢が割れて豆が畑に落ち、損失が出ることが大きな問題となります。こうした損失を防ぐため、アメリカなどの大豆の主要生産国では、莢を割れにくくする（難裂莢性）遺伝子が利用され、品種改良されてきましたが、その正体は不明でした。一方、日本では、伝統的に比較的小規模で栽培され、手刈りやバインダーで収穫されていたため、収穫損失の問題は小さく、難裂莢性を備えた品種は少数でした。しかし、近年、日本でも大豆栽培の大規模化が進み、コンバイン収穫に適した品種が求められるようになってきました。そこで発表者らは、効率的かつ迅速に難裂莢性を日本の品種に導入することを可能にするため、難裂莢性遺伝子の特定に取り組みました。その結果、思いもよらぬ遺伝子の一塩基多型（SNP）が難裂莢化をもたらしていたことがわかりました。

5. 発表内容

難裂莢性遺伝子がどのようなメカニズムで莢を割れにくくしているのかわからなかったため、マップベースクローニング法により、難裂莢性遺伝子の特定を目指しました。この方法は、多数の系統（あるいは個体）と高密度の DNA マーカーを使った遺伝解析により、目的の遺伝子が存在すると思われるゲノム領域をせばめていき、1 つの遺伝子にたどりつくというものです。発表者らが到達した遺伝子は、形成性操作タンパク質（注 1）の設計図となっており、易裂莢性系統と難裂莢性系統では、一塩基多型（SNP）（注 2）がありました。易裂莢性系統では、正常な形成性操作タンパク質ができるのに対し、難裂莢性系統では、途中で終止コドン（注 3）が生じ、このタンパク質の機能が喪失していたのです。難裂莢性の遺伝子が劣性だったので、これを *pdh1*、優性の易裂莢性の遺伝子を *Pdh1* と名付けました。*Pdh1* が活発に働いている組織や時期の解析から、この遺伝子は、細胞壁を強固にする働きのあるリグニンの性質に影響を及ぼしていることが推定されました。

次にどのようにしてこの遺伝子が裂莢性に関与しているのかを調べました。大豆の莢は、2 つの莢殻

が接着して、袋のようになり、その中に豆を包含しています（添付資料図1）。成熟して乾燥すると、その縫合部（莢殻どうしが接着している線状の部位）が裂けて、莢が割れることから、この部位が注目されます。実際にモデル植物のシロイヌナズナでは、その縫合部が離れにくくなって難裂莢化した、何種類かの突然変異体が見られています。それぞれの原因遺伝子が明らかになっていますが、それらの遺伝子に形成性操作タンパク質遺伝子は含まれておらず、また大豆では組織観察でも縫合部に差異は認められませんでした。そこで、発表者らは、縫合部ではなく、莢殻を引き離そうとする力に着目しました。大豆の莢殻は乾燥するとねじれて内側に巻こうとします。これが引き離す力になっていると考え、この性質について難裂莢性系統と易裂莢性系統で比較してみると、難裂莢性系統でねじれが小さいことがわかりました（添付資料図2）。リグニンの性質が変わったことで、莢殻の物性も変化し、乾燥時のねじれに影響を及ぼしたことが示唆されました。

野生の植物は子孫を広い範囲に残すため、種子を飛散させる機能を持っています。莢殻をねじれさせ莢を割る遺伝子 *Pdh1* も野生の大豆には必要だったと考えられます。しかし、コンバイン収穫や乾燥地帯での収穫には大敵で、いつしか突然変異により発生した *pdh1* を含む個体を親として品種改良が行なわれ、アメリカなどの多くの品種に導入されたものと推定されます。現在の日本の主要品種で、*pdh1* を持っているものは少数派ですが、今回、*pdh1* を特定できたことで、迅速に難裂莢化を図ることが可能になりました。実際、これまでに、この研究の過程で開発した DNA マーカーを用いて、裂莢しやすい主要品種の「フクユタカ」や「サチユタカ」を難裂莢化した「フクユタカ A1」や「サチユタカ A1」が育成されています。

6. 発表雑誌

Molecular basis of a shattering resistance boosting global dissemination of soybean.

Funatsuki H, Suzuki M, Hirose A, Inaba H, Yamada T, Hajika M, Komatsu K, Katayama T, Sayama T, Ishimoto M, Fujino K.

Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 2014 111(50):17797-802. doi: 10.1073/pnas.1417282111.

7. 注意事項

2014 年 12 月 2 日に、農研機構等よりプレスリリース済みです。

農林水産省の「新たな農林水産政策を推進する実用技術開発事業（2006～2009）」及び「新農業展開ゲノムプロジェクト（2008-2012）」、JSPS 科研費 24580017（2012-2014）、さらに参画各機関の運営費交付金により得られた成果です。

8. 問い合わせ先

農研機構近畿中国四国農業研究センター 企画管理部 船附秀行

〒721-8514 広島県福山市西深津町 6 丁目 1 2 - 1

TEL 084-923-5231 FAX 084-923-5215

E-mail funazki@affrc.go.jp

9. 用語解説

1) 形成性操作タンパク質：形成性操作タンパク質の役割が最初に明らかにされたのは低木広葉樹のレンギョウで、抗菌性や抗酸化性を有する植物防御成分であるリグナンを選択的に生成するのに必要なことが示されました。また、細胞壁の構成成分であり、細胞・組織を堅くするリグニンの生成や蓄積にも DIR タンパク質が関与していることが知られています。易裂莢性遺伝子は、正確には、形成性操作様タンパク質 (Dirigent-like protein ; DIR タンパク質に似たタンパク質) 遺伝子で、稲や大豆などで、それぞれ数十の遺伝子をもつことがわかっていますが、その役割が解明されているものはごくわずかです。

2) 一塩基多型 (Single nucleotide polymorphism; SNP)：遺伝子の塩基配列が 1 カ所だけ違っている状態を指します。すなわち、その遺伝子の最終産物となるタンパク質の設計図が異なることになります。ただし、その設計図の違いが生物の性質に及ぼす影響は様々です。結果的に生成されるタンパク質のアミノ酸配列に違いがなく、全く影響のない場合、微妙にタンパク質の性質が変わり生物の性質が少し違う場合、タンパク質の機能の有無を決定していて、大きな影響がある場合などがあります。

3) 終止コドン：遺伝子上の連続した塩基 3 つの配列 (コドン) で 1 つのアミノ酸を指定していますが、終止コドンには対応するアミノ酸がなく、生合成を停止する暗号となっています。易裂莢性の遺伝子では 183 個のアミノ酸からなる形成性操作タンパク質の設計図になっていますが、難裂莢性の遺伝子は SNP のところで終止コドンが生じ、30 個のアミノ酸からなるタンパク質しか作られず、形成性操作タンパク質の機能が失われています (添付資料図 2 参照)。

10. 添付資料



図 1. 大豆の莢の構造

1	91	549	(番目)
<i>Pdh1</i> : <u>ATG</u> <u>GGT</u> <u>GTC</u> . . . <u>TGC</u> <u>AAG</u> <u>CAC</u> . . . <u>TGG</u> <u>TGA</u>			(塩基配列)
メチオン グリシン バリン . . . システイン リジン ヒスチジン . . . トリプトファン 終止			(アミノ酸)
1	↑ 183		(番目)
	SNP の場所		
	↓		

pdh1: ATG GGT GTC . . . TGC TAG CAC
 メチオン グリシン バリン . . . システイン 終止
 1 30 (番目)

図2. 裂英性に関わる遺伝子とその産物のタンパク質の配列. 3つの塩基配列が1つのアミノ酸（タンパク質を構成する要素）の暗号になっている. *Pdh1*と*pdh1*は、一塩基多型（SNP）により、塩基配列で示されるタンパク質の設計図が書き換わっている. すなわち、*pdh1*は、*Pdh1*の91番目の塩基がAからTに変化したことによって、アミノ酸をそれ以上付加しないようにする暗号の「終止コドン」になっている. そのため、183個のアミノ酸から構成されるタンパク質になるべきところ、30個のアミノ酸から構成されるタンパク質になり、果たすべき機能が欠如している.



図3. 人工的に裂英させた後に乾燥条件下に置いた場合の *pdh1* 型と *Pdh1* 型の英殻のねじれ.

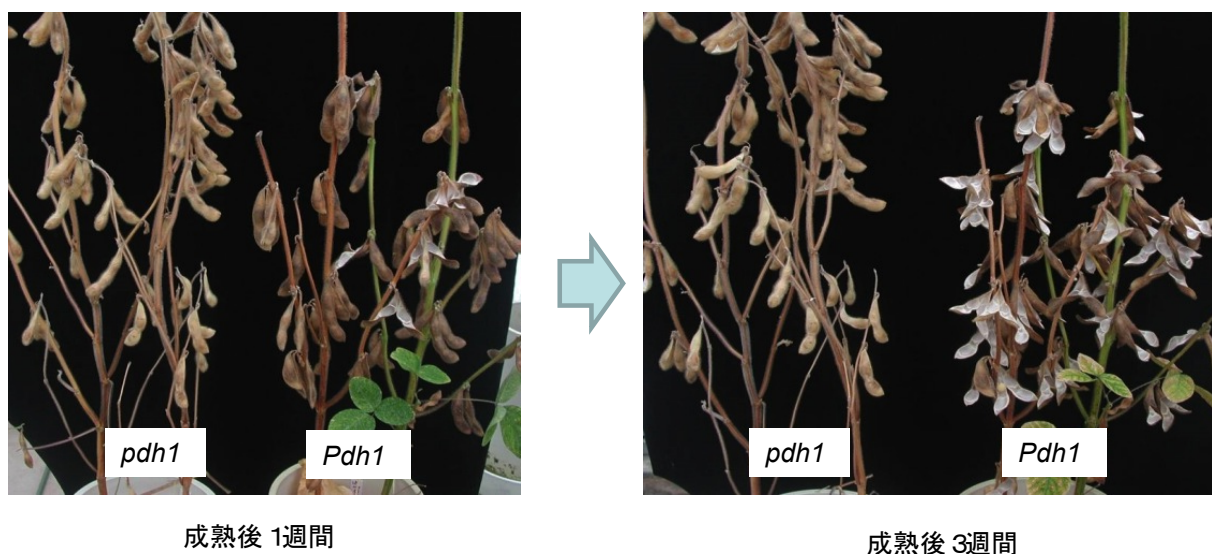


図4. 乾燥条件下での難裂英性遺伝子 (*pdh1*) をもつ品種と易裂英性遺伝子 (*Pdh1*) をもつ品種の裂英程度の差.

1. 話題

ダイコンの臭い、辛み、黄色化に関与する遺伝子を同定
—臭わないダイコンが短期間で育成可能に—

2. 学会講演タイトル

ダイコンにおけるグルコラファサチン合成酵素遺伝子の同定

3. 発表者

柿崎智博¹、北柴大泰²、Li Feng²、Zou Zhongwei²、吹野伸子¹、小原隆由¹、西尾剛²、石田正彦¹(1. 農研機構・野菜茶業研究所、2. 東北大学大学院)

4. 発表概要

ダイコンに多く含まれるグルコシノレート的一种グルコラファサチンは、ダイコン特有の食味を特徴づける重要な成分です。グルコラファサチンは、植物組織が壊れるとラファサチンと呼ばれる辛み成分(イソチオシアネート)に変化します。大根おろしが辛いのはこのラファサチンの作用によるものです。しかし、ラファサチンは化学的に不安定なため、保存中に分解が進み、におい成分(いわゆる”たくあん臭”)や、黄色色素へと変化します。従来、たくあん漬の香りは好ましいものにとらえられていましたが、最近では消費者の嗜好性の変化に伴ってそのにおいが敬遠される傾向にあり、食生活の変化と相まってたくあんの消費は大きく減少しています。また、業務・加工用途において需要の多い冷凍大根おろしでは、保存期間中にたくあん臭(臭い)や黄変が発生して品質が低下し、大きな問題となっています。

こうした背景から、野菜茶業研究所では加工しても臭いや黄変の発生しないダイコンの育成に取り組み、においの原因となるグルコラファサチンを含まない品種「だいこん中間母本農 5 号」を育成しました(石田ら 品種登録番号 22662)。この品種を用いて製造したたくあん漬や冷凍大根おろしでは、臭いや黄変の発生がほとんどないことがわかっています。しかし、このグルコラファサチンを欠失する性質は単因子劣性に遺伝することがわかっていたましたが、その原因となる遺伝子は不明でした。

そこで私たちは詳細な遺伝解析を行い、一つの遺伝子に生じた突然変異によりグルコラファサチンが欠失することを世界に先駆けて明らかにしました。さらに欠失型の遺伝子と正常型の遺伝子を識別できる DNA マーカーを開発しました。これまで、欠失型のダイコンの選抜には、収穫した根の成分分析によりグルコラファサチン含量を測定しなければならなかったため長い時間を要していましたが、開発した DNA マーカーを用いることにより、極めて効率的に選抜することが可能となります。

5. 発表内容

「だいこん中間母本農 5 号」の兄弟系統でグルコラファサチンを欠失した「NMR154N」と、グ

ルコラファサチンを含有する「HAGHN」の交雑 F₂ および F₃ 集団を用いて、ポジショナルクローニング法による原因遺伝子の絞り込みを行いました。その結果、グルコラファサチン合成酵素遺伝子 *glucoraphasatin synthase* (*GRS*) を同定しました。「NMR154N」と「HAGHN」の *GRS* 遺伝子の配列を比較すると、「NMR154N」型の *GRS* 遺伝子にはレトロトランスポゾンが挿入されており、正常な *GRS* タンパク質が生産されていない可能性があることがわかりました。さらに「NMR154N」とは由来の異なる欠失系統である「MD47N」においても *GRS* 遺伝子への挿入変異が認められ、遺伝子発現量が低下していました。次に本来グルコラファサチンを含有しないシロイヌナズナへ *GRS* 遺伝子を導入したところ、グルコラファサチンが蓄積することがわかりました。「NMR154N」はグルコラファサチンを含有しない代わりに、別種のグルコシノレートであるグルコエルシンを蓄積します。シロイヌナズナも同様にグルコエルシンを蓄積します。*GRS* 遺伝子を発現しているシロイヌナズナではグルコエルシン量が減少していたことから、*GRS* はグルコエルシンを基質としてグルコラファサチンを合成していることが推察され、これまで不明であったダイコンのグルコラファサチン合成経路の一端を解明することができました。

次に *GRS* 遺伝子への挿入変異を検出できる DNA マーカーを開発し、3 つのダイコン固定系統をそれぞれ「NMR154N」と交配した分離集団においてマーカー遺伝子型とグルコラファサチン含量を比較しました。その結果、すべての組合せにおいて DNA マーカー遺伝子型が「NMR154N」であればグルコラファサチンを含有しないことがわかりました。現在この DNA マーカーを用いて欠失形質を有した実用品種の育成を進めています。

6. 発表雑誌

準備中

7. 注意事項

本研究は、農林水産省委託プロジェクト「ゲノム情報を活用した農産物の次世代生産基盤技術の開発プロジェクト(HOR-1006)」の支援を受けて実施されました。

特願 2014-226635 「機能欠損型グルコラファサチン合成酵素遺伝子及びその利用」

8. 問い合わせ先

(独)農業・食品産業技術総合研究機構 野菜茶業研究所

野菜育種・ゲノム研究領域 主任研究員 柿崎智博

〒514-2392 三重県津市安濃町草生 360

TEL/FAX:050-3533-4605

E-mail: tkaki@affrc.go.jp

9. 用語説明

グルコシノレート

主にアブラナ科植物に含まれる含硫二次代謝産物の総称。前駆体や側鎖修飾の種類によって百数十種が知られている。植物体における組成は植物種により多様であるが、ダイコンではグルコラファサチンが総グルコシノレートの 90%以上を占める。植物組織が破壊されると内在性の酵素であるミロシナーゼにより、辛み成分であるイソチオシアネートに加水分解される。グルコラファサチンの物質名は 4-メチルチオ-3-ブテニルグルコシノレートである。

西町理想

埼玉県西町で「練馬尻細」と「秋づまり」の雑種より成立したとされる白首大根。根形は胴太りせず先端がつまっており、肉質は緻密。品質が良く煮食、漬物いずれにも用いられる。現在では多くの種苗メーカーより種子が販売されている。

DNA マーカー

品種や系統間の塩基配列の違いを表す目印。変異の種類に応じて様々な検出方法が開発されている。表現型の変化をもたらす変異を直接 DNA マーカーとすることができれば、個体の形質を測定すること無く目的の形質を有する個体を選抜することが可能となり、育種効率が飛躍的に向上する。

ポジショナルクローニング法

多数の DNA マーカーが配置された詳細な遺伝地図と形質データを元に形質を司る遺伝子(染色体領域)を同定する方法。マップベースクローニング法とも呼ばれる。

レトロトランスポゾン

自身の DNA 配列から転写された RNA 配列を DNA へと逆転写し、このコピーをゲノムの別の場所に挿入することで転移する。自然突然変異の一つで、挿入箇所の周辺に存在する遺伝子に対して、機能欠損や発現レベルの上昇といった影響を与える場合もある。

10. 添付資料

なし(記者発表当日に配布します)

1. 話題

低カロリー米の開発に向けた難消化性澱粉を多く含む変異体系統の育種

2. 学会講演タイトル

難消化性澱粉を含む低カロリー米品種の開発. 2. BC₂F₃ 世代の生産力検定

3. 発表者

川本朋彦¹、柴田智¹、加藤和直¹、高橋竜一¹、藤田直子² (¹秋田県農業試験場、²秋田県立大学・生物資源科学部)

4. 発表概要

日本のカロリーベースでみた食料自給率は約 40%と他の主要国に比べて格段に低く、この 15 年は下げ止まっています。40%のうち、かなりの割合が国産米に由来しており、米の消費が食料自給率を大きく左右します。また、農業従事者の高齢化の問題や若い担い手の減少、コメ価格の低下など、日本の米農業は深刻な問題を抱えています。このような問題に対し、これまでにない国産米の利用法を考えることや、付加価値を付けた米の生産は、今後、重要な課題になってくると考えられています。

澱粉生合成メカニズムを解明する過程で得られた澱粉生合成関連酵素の特定の酵素が欠損した変異体米の中から、通常の米澱粉とは全く性質が異なる米があることが分かってきました。これらの中に、低カロリー米として有望である難消化性澱粉 (RS) を含むものが存在し、我々は、RS を多く含み、低カロリー化が実現可能な変異体系統を選抜しています (同大会で立木と藤田が発表する「低カロリー効果が期待できる高難消化性澱粉変異体米の澱粉特性解析」を参照)。しかしながら、これらは重要な酵素が二重に欠損した二重変異体を含み、また、元の品種が日本晴や金南風等、古い品種の混合であることから、農業形質がすぐれません。これら付加価値のある米の普及を考えた場合、農業形質向上のための育種は欠かせません。我々は、高アミロース性を示し、野生型より RS 含量が高い SSIIIa 欠損変異体 (Δ SSIIIa) およびその二重変異体 (Δ SSIIIa/ Δ SSIVb および Δ SSIIIa/ Δ BEIIb) の農業形質を向上させるため、良食味の‘あきたこまち’および超多収品種の‘秋田 63 号’と戻し交配を実施しています。最終的には、これらの品種と 4 回以上交配することを目指していますが、本発表では、高アミロース性を示す SSIIIa 欠損変異体の 3 回交配した BC₂F₃ 世代の生産力検定および澱粉の性質が変異体の性質を受け継いでいるかについて、報告します。

5. 発表内容

Δ SSIIIa に‘あきたこまち’を戻し交配した BC₂F₃ の出穂期は、標肥区で 8 月 2 日、多肥区で 7 月 30 日であり‘あきたこまち’と同程度でした。‘秋田 63 号’を戻し交配した

BC₂F₃は標肥区、多肥区ともに8月4日であり‘秋田63号’と同程度でした。成熟期は‘あきたこまち’戻し交配系で遅れる傾向が見られました。成熟期における稈長、穂長、穂数は‘秋田63号’戻し交配系は‘秋田63号’と同程度でしたが、‘あきたこまち’戻し交配系は‘あきたこまち’と若干の差異が見られ標肥区、多肥区により一定の傾向は認められませんでした。反復親と比較してBC₂F₃系統は玄米重が少なく収量性は低くなっていました。しかし、屑米重に差が見られなかったことから、収量性に影響するような登熟の低下はないと考えられました。また、BC₂F₃系統の千粒重が小さくなっており、収量性の低下に影響していると考えられました。さらに反復親と比較してBC₂F₃系統の1万粒あたり容積に差が無かったのに対し1Lあたり容積重が小さくなっていたことから容積重の減少が千粒重に影響したと考えられました。BC₂F₃系統の玄米の長さ、幅、厚さは反復親と比較していずれも差がなかったことから、反復親に類似した粒形をしていると考えられました。つまり、BC₂F₃系統の米粒は反復親と比較して容積や形に差はありませんが、容積重(比重)だけが小さくなっていると考えられます。

次に、BC₂F₃種子が、もとの変異体の澱粉性質を維持しているかどうかについて、調べた。澱粉は、アミロースとアミロペクチンからなり、アミロース含量およびアミロペクチンの構造は、澱粉の性質に多大な影響を与えます。戻し交配したBC₂F₃系統と、元の変異体であるΔSSIIIaのアミロース含量を比較してみました。ΔSSIIIaは、野生型の日本晴に比べて、アミロース含量が約1.5倍に増加する特徴があります(Fujita et al., 2007)。「あきたこまち」および「秋田63号」を戻し交配したBC₂F₃系統では、それぞれの親系統よりアミロース含量が1.4-1.6倍に増加していたことが明らかになりました。

ΔSSIIIaのアミロペクチン構造は、アミロペクチンの長鎖が減少するのが特徴です(Fujita et al., 2007)。アミロペクチンの構造解析を行ったところ、「あきたこまち」および「秋田63号」を戻し交配したBC₂F₃系統では、それぞれの親系統より、アミロペクチンの長鎖が減少する特徴が維持されていました。他の二重変異体に関しては、今後の分析が待たれますが、「秋田63号」を戻し交配したBC₂F₃系統の種子重は増大している結果が得られています(図1)。

6. 発表雑誌

藤田直子, 立木芳, 追留那緒子, 阿部美里, クロフツ尚子, 川本朋彦, 小玉郁子, 加藤和直, 佐藤健介, 高橋竜一, 伏見力(2014)新規澱粉米品種の育成に向けて~BC₂F₃種子およびBC₂F₂植物の解析~秋田県立大学ウェブジャーナル B 1: 7-11

Fujita N, Yoshida M, Kondo T, Saito K, Utsumi Y, Tokunaga T, Nishi A, Satoh H, Park J-H, Jane J-L, Miyao A, Hirochika H, Nakamura Y (2007) Characterization of SSIIIa-deficient mutants of rice (*Oryza sativa* L.); the function of SSIIIa and pleiotropic effects by SSIIIa deficiency in the rice endosperm. **Plant Physiology** 144: 2009-2023

7. 注意事項

本事業は、農林水産業・食品産業科学技術研究推進事業「難消化性澱粉構造と高水分吸収性を有する変異体米を用いた低カロリー食品の開発」（発展融合ステージ、H25-27）により実施されております。また、戻し交配に関しては、JIRCAS 熱帯・島嶼研究拠点のご協力も得て、行いました。

8. 問い合わせ先

秋田県立大学・生物資源科学部・植物生理研究室 藤田直子
〒010-0195 秋田市下新城中野字街道端西 241-438
TEL: 018-872-1650 FAX: 018-872-1681
E-mail: naokof@akita-pu.ac.jp

9. 用語説明

- ①RS：消化酵素への抵抗性が強く、高分子のまま大腸に到達するため、食物繊維と類似した大腸環境の改善やカロリーオフの効果が有り、肥満防止や糖尿病予防等が期待されている。
- ②アミロース、アミロペクチン：澱粉は、グルコースの重合体で、 α -1,4 および α -1,6 グルコシド結合の2種類の結合から構成される。アミロースは、通常の日本の炊飯米品種では、約20%含まれており、 α -1,4 結合のみからなる直鎖状の分子である。一方、アミロペクチンは両結合を含む枝分かれ構造をしており、通常品種では、アミロースの残りの約80%を占める。もち米は、アミロペクチン100%の澱粉からなる。

10. 添付資料

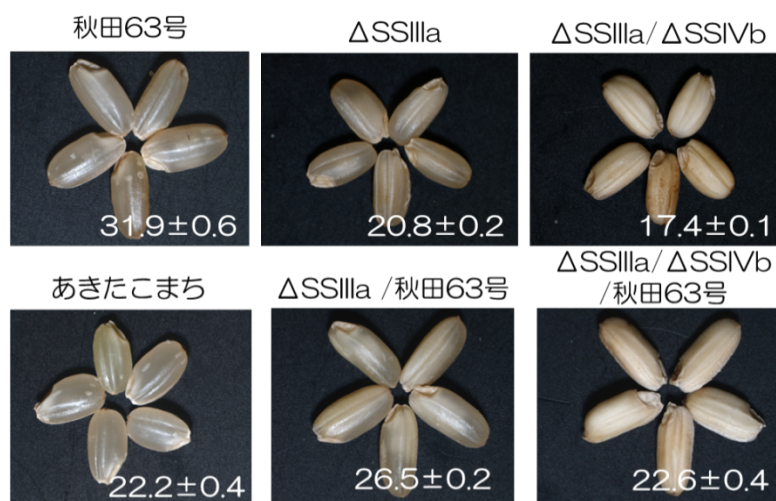


図1. 変異体に秋田63号を戻し交配した後代(BC_2F_3 種子)の玄米の形態および玄米1粒重。

1. 話題

難消化性澱粉を多く含む変異体系統の選抜と低カロリー米の開発に向けて

2. 学会講演タイトル

低カロリー効果が期待できる高難消化性澱粉変異体米の澱粉特性解析

3. 発表者

立木 芳、藤田 直子 (秋田県立大学・生物資源科学部)

4. 発表概要

日本人の特に男性の肥満人口は年々増加傾向にあり、我が国の糖尿病患者は予備軍も含めて 2000 万人以上いるといわれています。一方、日本のカロリーベースでみた食料自給率は約 40%と低く、この 15 年は下げ止まっています。低カロリー米が開発されれば、このような日本の医と農の問題の解決につながると考えています。そこで、我々は難消化性澱粉 (Resistant starch, RS) に着目しました。RS は消化酵素への抵抗性が強く、高分子のまま大腸に到達するため、食物繊維と類似した大腸環境の改善やカロリーオフの効果があり、肥満防止や糖尿病予防等が期待されています。

我々の研究室では、澱粉生合成メカニズムを解明する過程で、澱粉生合成関連酵素の特定の酵素が欠損した変異体米を多数単離してきました。これら変異体には野生型とは全く異なる新規の澱粉が胚乳に蓄積されるものがあり、構造や物性が非常にユニークであることが分かりました (図 1)。これらの変異体の中から、RS が多い変異体系統を選抜することにしました (図 2)。一般的に澱粉の成分のうち、アミロースを多く含む澱粉は RS 値が高いといわれています。

RS 値はメガザイム社の RS 測定キットで測定可能ではありますが、炊飯した、しかも高 RS 米の RS 値の測定は前例がありませんでした。そこで、まず炊飯した高 RS 候補米の RS 測定方法の検証・開発を行い、我々がもつ候補変異体系統等から低カロリー効果が期待できる米を選抜しました。さらに、選抜された高 RS 米の澱粉老化性及び澱粉構造を調べ、食味に与える影響や低カロリー化に貢献する特性について考察しました。将来的には、これらの高 RS 米を用いた低カロリー米食品の開発につなげていきたいと考えています (図 2)。

5. 発表内容

我々が開発した高アミロース性を示すスターチシンターゼ(SSIIIa)欠損変異体およびその二重変異体、インディカ米由来の高アミロース品種およびアミロペクチンの長鎖量が高い枝作り酵素(BEIIb)欠損変異体およびその二重変異体系統とコントロールとして日本晴の炊飯米を材料として用いました (図 1)。メガザイム社の RS 測定キットに従った炊飯米の RS 定量方法 (正規法)は操作過程でサンプルを丁寧に潰すことにより RS 値が測定できるこ

とがわかりました。この方法に加えて、炊飯米を消化した後に遠心分離で得られた残渣から不溶性タンパク質や脂質を除去し、その重量から RS 値を算出する方法（残渣法）を開発しました。残渣法による測定値は RS 値というよりはむしろ難消化性成分の総量を測定していることが、残渣の顕微鏡観察から明らかになりました。この 2 方法の系統間の RS 値の大小の傾向はほぼ一致していました。高アミロース系統は日本晴より高い RS 値を示しました。その中でも、BEIIb 欠損変異体系統は、突出して高い RS 値を示したため、BEIIb 欠損系統が低カロリー化を実現する米としては有望であることが示唆されました。従って、アミロース含量と同様に、あるいはむしろアミロペクチンの長鎖量の方が RS 値を高める重要な要因であると考えられます。しかし、残念ながらこれらの高 RS 米の炊飯米は官能試験において、非常にパサパサしており、炊飯米としては食味が優れませんでした。そこで、食味がすぐれない理由を明確にするため、炊飯米の老化速度を測定しました。その結果、高 RS 系統は、他の系統よりも炊飯後の温度低下に伴い、老化する速度が極端に早いことが明らかになりました。また、高 RS 系統から単離した RS の構造解析を行ったところ、通常の澱粉とは全く異なる構造であることがわかりました。アミロースおよびアミロペクチンの長鎖が老化により二重らせんを形成することで、消化酵素による分解を免れているものと考えられます。

低カロリー米食品を実用化させる今後の課題として、新しい調理法の開発があります。また、通常の米品種に比べて高 RS 変異体は、発芽率、収量、栽培特性、耐病性等の農業形質が劣るため、今後は、食味の良い、あるいは粒の大きく収量の高い品種と戻し交配する必要があります。それらの試みについては、同大会で川本らが発表する「難消化性澱粉を含む低カロリー米品種の開発. 2. BC₂F₃ 世代の生産力検定」で詳しく述べる予定です。

6. 発表雑誌

執筆中

7. 注意事項

本事業は、農林水産業・食品産業科学技術研究推進事業「難消化性澱粉構造と高水分吸収性を有する変異体米を用いた低カロリー食品の開発」（発展融合ステージ、H25-27）により実施されております。また、BEIIb 欠損変異体は九州大学から分譲されました。

8. 問い合わせ先

秋田県立大学・生物資源科学部・植物生理研究室 藤田直子
〒010-0195 秋田市下新城下野字街道端西 241-438
TEL: 018-872-1650 FAX: 018-872-1681
E-mail: naokof@akita-pu.ac.jp

9. 用語説明

- ① **アミロース、アミロペクチン**：澱粉は、グルコースの重合体で、 α -1,4 および α -1,6 グルコシド結合の2種類の結合から構成される。アミロースは、通常の日本の炊飯米品種では、約 20%含まれており、 α -1,4 結合のみからなる直鎖状の分子である。一方、アミロペクチンは両結合を含む枝分かれ構造をしており、通常品種では、アミロースの残りの約 80%を占める。もち米は、アミロペクチン 100%の澱粉から成る。
- ② **澱粉の老化**：澱粉は水と共に熱すると糊化し、糊状になる。一方、糊化した澱粉を放置すると澱粉は老化する。澱粉の老化は食品の劣化にもつながるが、切り餅が固いのは澱粉が老化しているからであり、糊化と同様、老化は食品、工業利用する上で、非常に重要な特性である。
- ③ **スターチシンターゼ(SS)、枝作り酵素(BE)**：澱粉を合成するのに必要な酵素であり、高等植物では多数の遺伝子が多数の酵素アイソザイムをコードしている。SS は、澱粉の α -1,4 直鎖を伸長し、BE は、 α -1,6 グルコシド結合の形成に関与する。

10. 添付資料

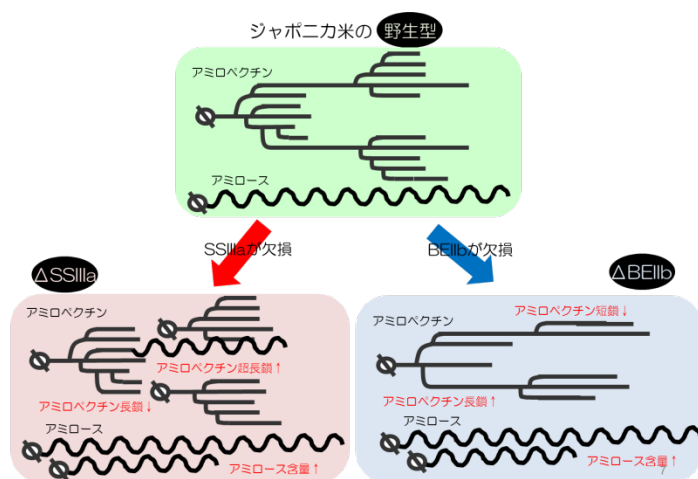


図1. 高難消化性澱粉(RS)になり得る変異体の澱粉成分・構造



図2. 秋田県立大では、難消化性澱粉を多く含む変異体米を開発し、その中から、最もダイエット性の高いものを選び、さまざまな食品に利用することを目指しています。

1. 話題

**DNAの違いをもとに、将来できる果実の性質を予測して選抜する
～カンキツの品種育成の効率化に向けた新技術の応用～**

2. 発表タイトル

**カンキツの果実形質におけるゲノミックセレクションとゲノムワイド
アソシエーション解析の可能性**

3. 発表者

南川 舞¹, 野中 圭介², 神沼 英里³, 鐘ヶ江 弘美¹, 小野木 章雄¹, 後藤 新
悟², 吉岡 照高², 今井 篤², 林 武司⁴, 中村 保一³, 清水 徳朗², 岩田 洋佳¹
(¹東京大・院農学生命科学, ²農研機構果樹研, ³遺伝研, ⁴農研機構中央農研)

4. 発表概要

カンキツの新品種育成(育種)には、主に交配育種という手法が用いられて
います。交配育種とは、既存の品種同士を掛け合わせて両親の優れた特徴を受
け継いだ子孫を選抜することです。果樹は一般に果実ができるまでに長い時間
がかかるため、新品種の育成には十数年以上の長い年月を要します。また、樹
体が大きいため、栽培・評価に広い土地が必要になり、一度に栽培・評価でき
る数が限られるため、交配で得られた子孫の中から新品種が生まれる確率は低
いのが現状です。効率よく新品種を育成するためには、優れた性質を持つ植物
体を、早い段階で確実に選抜することが非常に重要です。

カンキツの品種は様々な性質の果実を実らせます。また、遺伝子の情報を記
録する DNA 配列にも多くの違いがあります。今回研究を行ったゲノミックセレ
クションでは、複数箇所の DNA 配列の違いをもとに、果実の性質を予測して選
抜することを目的としています(図)。DNA 配列は発芽後すぐの植物体でも調
べられるため、果実ができるのを何年間も待つことなく、交配で得られた多く
の子孫の中から優秀なものを、早い段階で選抜できるようになります。本研究
では、カンキツ 106 品種を用いて、ゲノミックセレクションの可能性を評価し
ました。その結果、果実の大きさ、果肉色、果皮色を精度良く予測して選抜で
きる可能性が示唆されました。なお、今回の研究では、ゲノムワイドアソシエ
ーション解析の評価も行いました。この手法では、カンキツ品種のもつ性質(例

えば、果実の大きさ)と DNA 配列の関係を統計的に解析し、性質の違いに関わる遺伝子の検出を試みます(図)。ゲノミックセレクションでは、植物のもつ性質の予測と選抜を目的とするのに対し、ゲノムワイドアソシエーション解析では、植物の性質に関わる遺伝子を明らかにすることが目的です。解析の結果、果実の大きさや硬さに関係する可能性がある DNA 配列を明らかにできました。

これらの結果から、ゲノミックセレクションとゲノムワイドアソシエーション解析を併用することで、優秀な植物体を早い段階でより確実に選抜できるようになるだけでなく、さまざまな品種の性質の違いに関連する DNA 配列を決定することができ、カンキツの交配育種の効率化に貢献できると考えられました。

5. 発表内容

ゲノミックセレクションを行うためには、品種のもつ性質の違いと DNA 配列間の関係を数式で表した「予測モデル」を作成する必要があります(図)。本研究では、カンキツ 106 品種から収集された 17 種類の果実の性質データと 598 箇所 DNA 配列データを使用しました。果実の大きさを例に予測モデルの作成と評価の手順を説明します。まず、一部の品種を除いた残りの品種のデータを用いて、DNA 配列から果実の大きさを予測する数式モデルを作成しました。ここでは「機械学習」とよばれる方法を用いました。次に、除いておいた品種の果実の大きさを、DNA 配列から予測し、予測された大きさと実際に観察された大きさを答え合わせを行い、予測モデルの精度を評価しました。全ての果実の性質について解析を行った結果、果実の大きさ、果肉色、果皮色で精度良く予測できることがわかりました。いっぽう、ゲノムワイドアソシエーション解析では、果実の大きさや硬さに関わる可能性がある DNA 配列の違いを明らかにすることができました。今後、この DNA 配列の近傍領域を詳しく調べることで、果実の大きさや硬さに関係する遺伝子を明らかにできる可能性があります。また、これら DNA 配列は果実の大きさや硬さを効率良く選抜するためのマーカーとしても利用できます。

近年では、「次世代シーケンサー」とよばれる技術により、非常に多くの DNA 配列の違いを迅速に調べられるようになってきました。今後はこのような技術を利用してより多くの DNA 配列の違いを明らかにするとともに、予測モデルの作成に利用できるデータを増やしていくことで、ゲノミックセレクション予測モデルの精度をさらに向上できる可能性があります。また、より多くの品種を

用いたゲノムワイドアソシエーション解析により、果実の性質に関わる遺伝子の同定も可能になると考えられます。

6. 発表雑誌

準備中

7. 注意事項

本研究は、ROIS 新領域融合プロジェクトおよび次世代ゲノム基盤プロジェクトによる支援を受けて実施されました。

8. 問合せ先

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 岩田 洋佳
同研究員 南川 舞

〒113-8657 東京都文京区弥生 1-1-1

TEL: 03-5841-5068 あるいは 8156

E-mail : aiwata@mail.ecc.u-tokyo.ac.jp (岩田 洋佳)

E-mail : aminami@mail.ecc.u-tokyo.ac.jp (南川 舞)

9. 用語解説

1) DNA と遺伝子

DNA はデオキシリボ核酸という物質であり、A、T、G、C の 4 種類の塩基の並び (DNA 配列) で構成されています。遺伝子は生物の設計に必要な情報であり、DNA の一部です。DNA には、遺伝子を記憶する領域とそれ以外の領域が含まれています。

2) ゲノミックセレクション

DNA 配列の違いに基づき、植物や動物の性質を予測して選抜する育種技術です。性質の違い (例えば、果実の大きさ) と DNA 配列の違いを関係づける数式モデルを作成し、そのモデルをもとに交配で得られた子孫の DNA 配列から性質を予測して選抜します。ゲノミックセレクションを用いれば、芽生え段階でも将来できる果実の性質を予測して、優秀な植物体を選抜できます。果実の性質には、多数の遺伝子に関係するものがあることが知られていますが、この方法を用いれば、こうした性質の改良も可能といわれています。動物では乳牛の改

良等で実用化されています。

3) ゲノムワイドアソシエーション解析

様々な品種にみられる性質（例えば、果実の大きさ）の違いと DNA 配列の違いの関係を統計的に解析し、性質の違いに関わる遺伝子の検出を試みる手法です。この手法を用いれば交配実験を行うことなく、遺伝子の解析を行うことができます。ヒトの病気等の原因遺伝子の検出にも用いられている方法です。

10. 添付資料

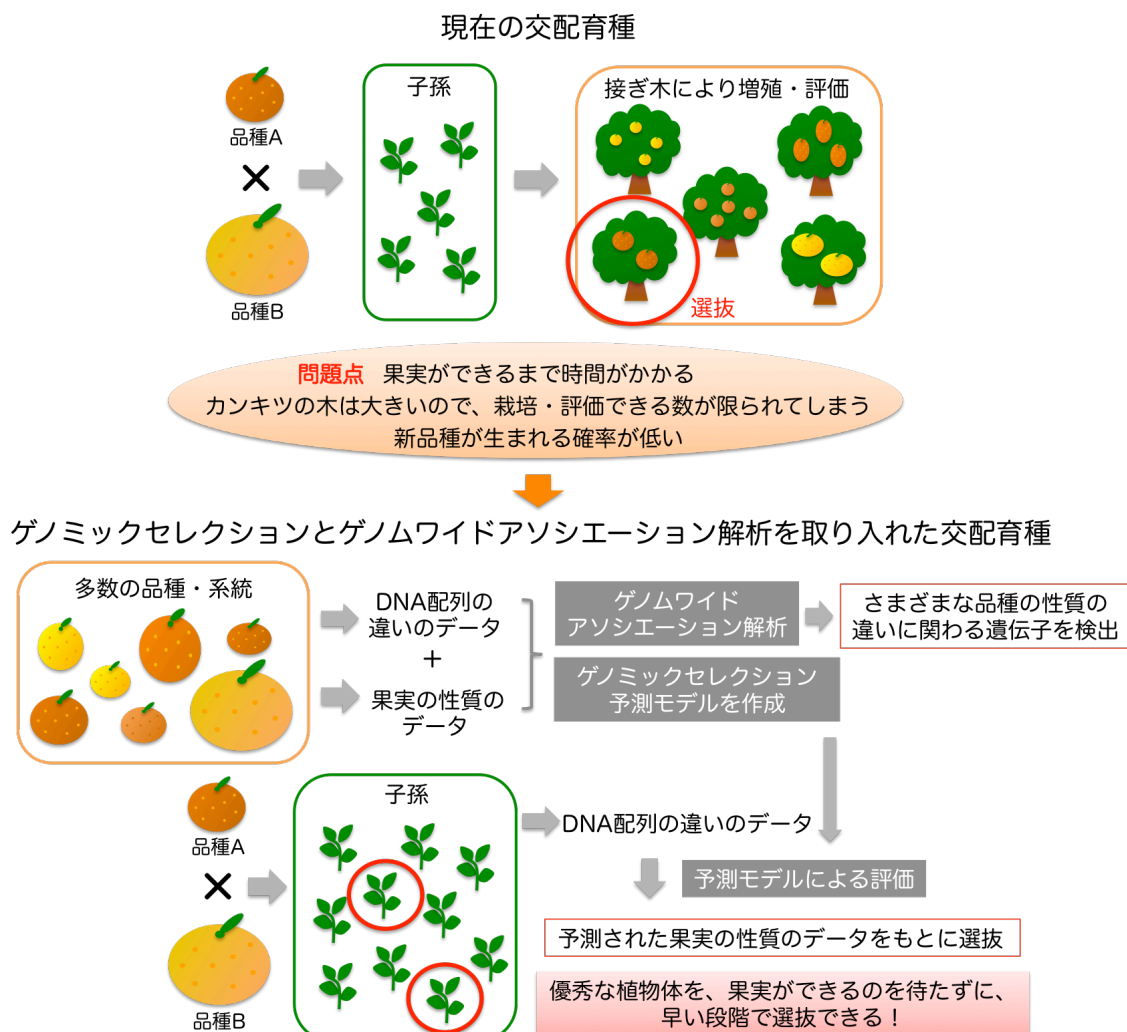


図. 現在の交配育種とゲノミックセクションとゲノムワイドアソシエーション解析を取り入れた交配育種の比較