

オンライン記者会見のお知らせ

(2021年日本育種学会第139回講演会における発表課題)

1. 発表日時： 令和3年3月12日（金曜日）10：30～12：00
(本記者発表に関わる記事解禁は3月12日の17：00からとさせていただきます)

2. 発表方法： Zoom ミーティング

参加を希望される方には詳細を別途ご連絡申します。下記の間い合わせ先にご連絡ください。Zoomがご使用いただけない場合はWebexによる中継を行う可能性もありますのでその旨もお知らせください。

3. 発表者

日本育種学会幹事長 中園 幹生

(名古屋大学・名古屋大学大学院生命農学研究科・農学部 教授)

日本育種学会運営幹事(記者発表担当) 津釜 大侑

(東京大学・アジア生物資源環境研究センター 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。一般社団法人日本育種学会(会員約1,600名)は、育種に関する研究・技術の進歩、研究者の交流と協力、育種の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19・20・21日(金・土・日曜日)にオンラインで行われる日本育種学会2021年春季大会(第139回講演会)(別紙1)の合計197(口頭発表128題、ポスター発表70題)の講演課題の中から選定された4課題に関するものです。どうぞよろしくお願いいたします。

発表タイトル：

(1) 日本が誇る切り花 トルコギキョウ (ユーストマ) (別紙2-1)

(2) お手頃予算で全ゲノム解読

～ナノポアシーケンサーによるメロンゲノム解読(別紙2-2)

(3) 有用成分生合成の鍵となる新たな酵素の発見

～ダイズサポニン生合成経路の全容解明～(別紙2-3)

(4) 世界で初めてイネごま葉枯病に強い水稻品種を育成(別紙2-4)

*各発表内容の詳細は、別紙2-1～2-4をご覧ください。

5. 問い合わせ先： 津釜 大侑(東京大学・アジア生物資源環境研究センター)

電話：070-1070-1431

E-mail: tsugama@g.ecc.u-tokyo.ac.jp

1. 話題 日本が誇る切り花 トルコギキョウ (ユーストマ)

2. 講演タイトル

115 ユーストマの全ゲノム解読と DNA マーカー開発

3. 発表者

川勝 恭子¹, 豊田 敦², 永野 惇³, 川勝 泰二⁴, 中野 善公¹, 今村 仁⁵, 福田 直子¹, 久松 完¹, 山口 博康¹, 望月 孝子², 谷澤 靖洋², 坂本 美佳², 中村 保一² (1. 農研機構・野菜花き研究部門、2. 国立遺伝学研究所、3. 龍谷大学、4. 農研機構・生物機能利用研究部門、5. 農研機構・九州沖縄農業研究センター)

4. 発表概要

・ユーストマは、トルコギキョウやリシアンサスとも呼ばれ、我が国の種苗会社を中心となって品種育成が行われ、世界的に流通する花き品目となっています。

・世界中で栽培されるユーストマは、開花する時期が異なる早晩性についての多様性が求められ、花形や花色は同一であっても早晩性の異なる品種群がシリーズで販売されることが多い。

・本研究では、ユーストマの中でも、流通する品種のほとんどが属するグランディフロラム系統のゲノム解読により基準となる配列の構築を試みるとともに、多様な有用形質をもつ系統群とのゲノム配列の比較により一塩基多型 (SNPs) を検出し、ユーストマのゲノム情報を活用した選抜システムの基盤となる情報を整備しました。

(写真) 高精度ゲノム情報を取得した古典品種 “紫盃”



5. 発表内容

〈背景〉 ゲノム情報を利用した作物育種は主要穀物を中心に行われているが、花きにおいては実施例が少ない。しかし、花きにおいてはゲノム情報の蓄積が少なく、特にユーストマにおいては、精緻な DNA マーカーによる選抜育種の基盤が構築されていない。

〈取り組んだ課題〉 古典品種を含む多数のユーストマ系統の中から、ゲノム解析に適した系統を選んだ。長い DNA 断片と短い断片（短鎖）を解読できる 2 種類のシーケンサーによりゲノム情報を収集するとともに、それぞれの配列情報の特徴を活かして重複する配列部分をつなぎ合わせるによりユーストマゲノムの基準となる配列の構築を試みた。さらにゲノムから転写される産物の配列を網羅的に決定し、基準となる配列への位置づけにも取り組み、農業形質を DNA 多型検出で予測可能にすることを目指した。

〈成果〉 我が国で最も早い時期（1963 年）に品種化された“紫盃”を含む 60 系統以上についてゲノム解析し、ユーストマ平均ゲノムサイズが概ね 1.3~1.4 百万塩基であることを明らかにした。上述した手法により、“紫盃”（写真）の全ゲノム情報を取得し、生育ステージごとの発現遺伝子情報を収集し、それらのゲノム上の位置を明らかにした。また“紫盃”と極めて遠縁と予想された野生種系統“大川 1 号”についても短鎖読み取り型の次世代シーケンサー等を用いてゲノム情報を収集し、“紫盃”との比較により SNPs を大量に収集し解析した。最終的に、重要な農業形質である早晩性遺伝子の座上領域の多型を簡易に識別可能な DNA マーカーを開発した。

6. 発表雑誌

Development of an SSR marker-based genetic linkage map and identification of a QTL associated with flowering time in *Eustoma*.

(Breeding science, 印刷中)

その他データは論文化準備中

7. 注意事項

本研究の一部は、JSPS 科研費補助金 17K07658、先進ゲノム支援 16H06279 ならびに生研支援センターイノベーション創出強化研究推進事業 30004A の支援を受け実施しました。ユーストマの古典品種種子は、(株) サカタのタネ、(株) ミヨシ、(株) ムラカミシード、(株) タキイ種苗、(株) カネコ種苗（敬称略）からご提供いただきました。

8. 問い合わせ先

農研機構野菜花き研究部門研究推進室広報

<vf-gaibu-koho@naro.affrc.go.jp>

9. 用語解説

ユーストマ; 北アメリカ～中南アメリカ原産、リンドウ科に属する植物。

ゲノム情報; A、T、G、Cの4種類の塩基の組み合わせで決まり、それぞれの生物に固有な情報。

SNPs; 一塩基多型、Single Nucleotide Polymorphisms の略。

1. 話題

お手頃予算で全ゲノム解読
～ナノポアシーケンサーによるメロンゲノム解読

2. 講演タイトル

123 ナノポアによるアールスメロン全ゲノム解読と複数遺伝資源の比較ゲノム解析

3. 発表者

矢野亮一 1,2・有泉亨 2・野中聡子 2・川頭洋一 3・江面浩 2 (1 農研機構解析セ, 2 筑波大生命環境, 3 農研機構野花研)

4. 発表概要

- ・日本産高級マスクメロンの標準系統として育種にも活用される「アールスメロン春系 3 号」の全ゲノム配列をロングリード型 DNA シーケンサーであるナノポアを主とした解析により解読した。
- ・春系 3 号ゲノムに座乗する 33,829 遺伝子を同定し、既存のウリ科作物ゲノムの中で最高レベルの遺伝子網羅性を誇る参照ゲノム情報 (リファレンス) を公開した。
- ・合計 10 系統のメロン遺伝資源・品種の比較ゲノム解析から、レトロトランスポゾンが品種間における遺伝子発現のバリエーションに寄与した可能性を示唆した。

5. 発表内容

<背景> ゲノムは生命の設計図であり、現代の作物育種研究においては最重要の根幹をなす情報である。他国産の参照ゲノム情報では日本産メロンの調査研究に合わない箇所も存在するため、日本標準品種における参照ゲノム情報の構築が必要と考えられた。

<取組んだ課題>

高級マスクメロンの育種にも活用される春系 3 号の全ゲノム DNA 配列をナノポアデータにより一からアセンブルし、ゲノム配列に座乗する遺伝子を推定した。さらに、計 10 系統のメロン遺伝資源・品種のゲノム配列情報をアセンブリ基準で比較解析した。

<成果>

12 本の春系 3 号ゲノム染色体 DNA 配列をギャップ数 94 箇所の高精度で新規にアセンブルし、33,829 遺伝子を同定した。複数系統の比較ゲノム解析から、レトロトランスポゾンが遺伝子発現パターンの多様化に寄与した可能性を示唆した。さらに、春系 3 号の参照ゲノム情報に基づく web データベース「Melonet-DB (<https://melonet-db.dna.affrc.go.jp/>)」を整備して広く公開した。

6. 発表雑誌

Communications Biology, vol 3, Article number: 432 (2020)

7. 注意事項

本研究は、JST さきがけ研究、内閣府 SIP プロジェクト (1 期)、科研費若手研究 B の支援を受けて実施されました。

8. 問合せ先

筑波大学生命環境系 蔬菜花卉学研究室 江面 浩

〒305-8572 茨城県つくば市天王台 1 丁目 1-1

電話: 029-853-4710 E-mail: ezura.hiroshi.fa@u.tsukuba.ac.jp

農研機構高度解析センター 矢野 亮一

〒305-8602 茨城県つくば市観音台 2 丁目 1-2

電話: 029-838-7065 E-mail: yano.ryoichi@affrc.go.jp

9. 用語解説

ゲノム; 「A, T, C, G」の4つの塩基から構成される DNA 配列であり、生命の設計図である。DNA 配列中には遺伝子と呼ばれるタンパク質翻訳領域が含まれる。メロンゲノムは約 400,000,000 個の塩基で成り立っていると考えられる。

ナノポアシーケンサー; Oxford Nanopore Technology 社により開発されたリアルタイム DNA シーケンサーの一種。数 kb から数百 kb の DNA 配列を読み取ることができるロングリード型シーケンサーである。

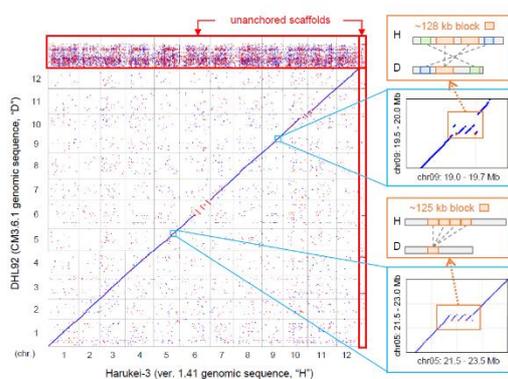
データベース; Google クロムや Safari などの web ブラウザで、解読したゲノム情報を閲覧したり解析できるようにしたもの。

10. 参考資料

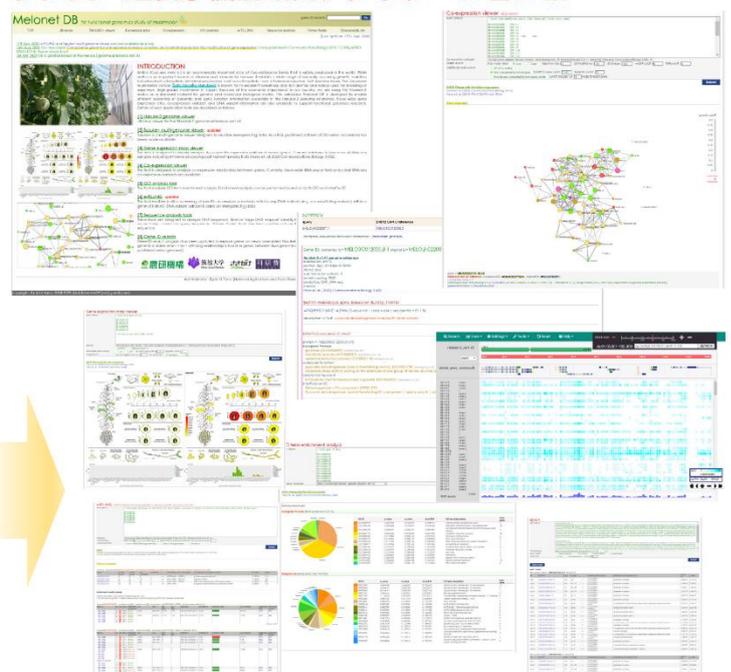
日本産高級マスクメロン育種素材「アールスフェボリット春系3号」



全ゲノム解読



春系3号ゲノム基準の「Melonet-DB」データベースとゲノム・遺伝子機能研究アプリケーション群



1. 話題

有用成分生合成の鍵となる新たな酵素の発見 ～ダイズサポニン生合成経路の全容解明～

2. 講演タイトル

402 共発現解析によるサポニンの生合成に関わる新規配糖化酵素の発見

3. 発表者

石本 政男¹、Soo-Yeon Chung²、關 光^{2,3}、藤澤 由紀子¹、下田 宜司⁴、
平賀 勸¹、野村 勇太²、斉藤 和季^{3,5}、村中 俊哉^{2,3}

¹ 農研機構・次世代作物開発研究センター

² 大阪大学・大学院工学研究科

³ 理化学研究所・環境資源科学研究センター

⁴ 農研機構・生物機能利用研究部門

⁵ 千葉大・大学院薬学研究科

4. 発表概要

- ・ 多くの有用サポニンで共通な合成反応（C3 位のグルクロン酸付加）を司る酵素（配糖化酵素）はこれまで不明であった。
- ・ これまでに同定したダイズサポニン生合成酵素遺伝子と発現の部位や時期について共通性が高い遺伝子を探索したところ、機能未知タンパク質の遺伝子（CSyGT1）を見いだした。
- ・ CSyGT1 は、細胞壁成分であるセルロースの合成酵素と構造が非常によく似ていたが、実際は、サポニンで共通な C3 位へのグルクロン酸付加活性をもつ酵素であった。
- ・ ダイズと同様にサポニンを合成するマメ科モデル植物のミヤコグサで検証実験を行ったところ、LjCSyGT（ミヤコグサの CSyGT1 類似遺伝子）を欠くミヤコグサ変異体はサポニンが合成できず、この変異体に CSyGT1 や LjCSyGT を戻すとサポニン合成能が回復した。
- ・ 以上から、CSyGT1 がダイズサポニン合成系で C3 位へのグルクロン酸付加を担う配糖化酵素であることが明らかとなった。

5. 発表内容

<背景>

サポニンはトリテルペン炭素骨格に複数の糖が結合した化合物の総称で、多くの植物に含まれ、その中のいくつかの化合物では健康機能性や食味との関連が報告されている。ダイズ種子に含まれる DDMP サポニンとその分解物は抗高脂血症作用、肝機能改善作用などを持つこ

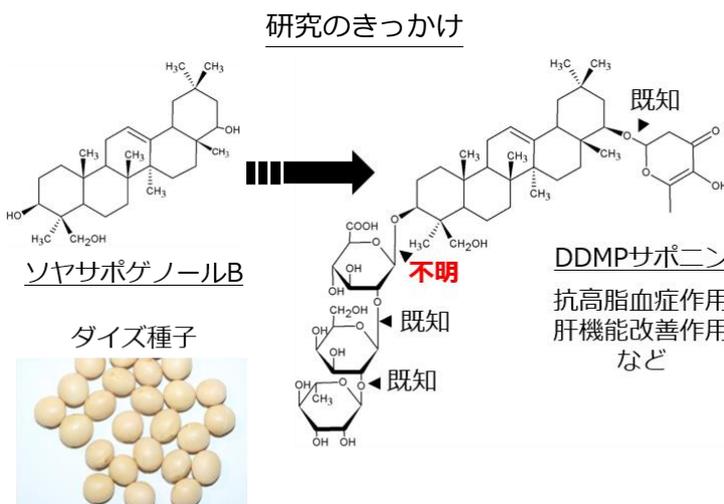
とが報告されており、薬用植物カンゾウの根の有効成分であるグリチルリチンは肝機能異常や皮膚炎などの治療薬原料や砂糖の 150~300 倍の甘さを持つ天然甘味料として幅広く使用されている。

<取り組んだ課題>

サポニンの生合成経路を育種的に改良したり、微生物で働かせたりすることにより、有用なサポニンを効率的に生産させることを目指して、これまでに、ダイズのサポニン生合成に関わるほとんどの酵素が明らかにされた。しかし、多くの有用サポニンで共通する C3 位の一つ目の糖であるグルクロン酸の配糖化を司る酵素が不明であり、我々を含め、国内外の研究グループで長年探索が進められてきた。

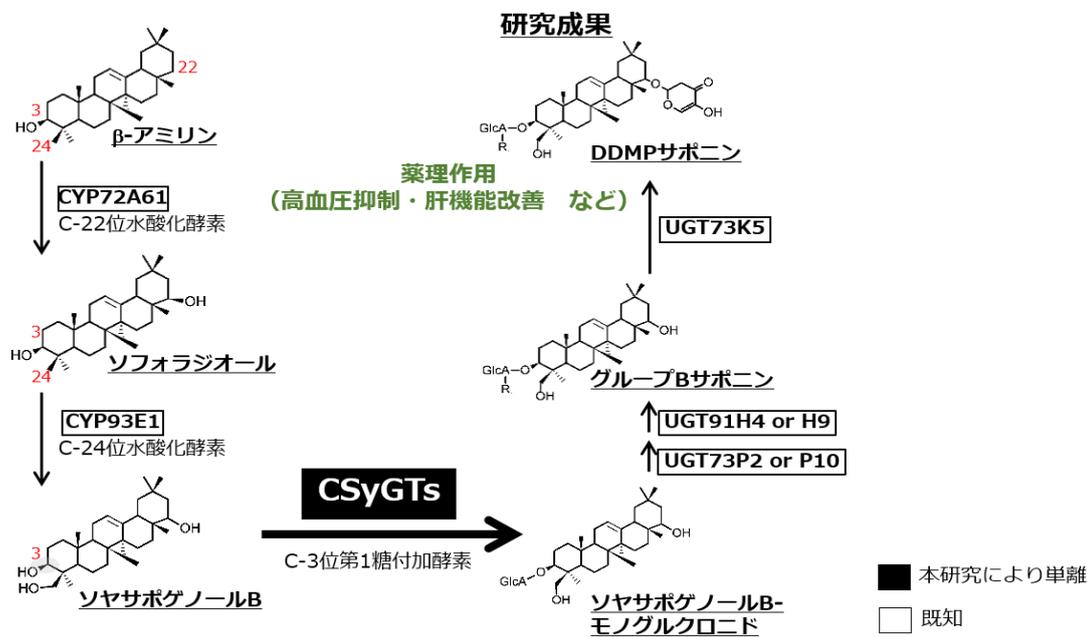
<成果>

既知のダイズサポニン合成酵素遺伝子群と共発現する遺伝子群に、セルロース合成酵素によく似た酵素の遺伝子 (*CSyGT1*, *cellulose synthase superfamily-derived glycosyltransferase1*) を見いだした。酵素活性を調べたところ、*CSyGT1* がコードするタンパク質はソヤサポゲノール B (SB) の C3 位にグルクロン酸を付加した。ミヤコグサにもダイズの *CSyGT1* に類似した遺伝子が存在し、ミヤコグサの *csygt* 欠損変異体では、サポニンがほとんど検出されない。一方、*csygt* 欠損変異体にダイズ、ミヤコグサおよびカンゾウの *CSyGTs* を導入するとサポニン合成能が回復することから、これらは、植物



ダイズ種子に含まれる DDMP サポニンは、ソヤサポゲノール B に糖などが順次結合して生成する (▲の部分)。必須なステップの反応を担う酵素 (赤文字) が不明だった。

体内においてもサポニンの生合成に必須な酵素として働いていることが確かめられた。以上により、C3位グルクロン酸付加酵素（CSyGT）は、これまで植物の特化代謝物（二次代謝物）の配糖化酵素として知られているUDP糖依存型糖転移酵素(UGT)とは全く異なる酵素であることが明らかとなった。また、CSyGT1などと既知の酵素を組み合わせる事により、これまで天然原料に依存してきたグリチルリチンの生産が、酵母を用いて出来るようになった。



ダイズにおけるサポニン合成経路のうち、不明だった C-3 位第 1 糖付加酵素（白抜き）が発見されたことにより、ダイズサポニン合成経路の全容がわかり、育種による改良が可能となった。

6. 発表雑誌

- 1) Chung S.Y. *et al.* (2020) A cellulose synthase-derived enzyme catalyses 3-O-glucuronosylation in saponin biosynthesis. *Nature Communications*, 11:5564
- 2) 石本、塚本 (2020) ダイズサポニンの生合成と機能、*アグリバイオ*、4:23-27

7. 注意事項

CSyGT は、他の酵素との組合せにより、様々な有用サポニンの生産に利用できる。ダイズには 3 つの CSyGTs があり、ミヤコグサやカンゾウの CSyGT

とともにそれぞれ酵素としての特性が異なることから、目的とする化合物に応じて使い分ける必要がある。本研究の一部は、農林水産省・農林水産業・食品産業科学技術研究推進事業および日本学術振興会・科学研究費補助金の助成を受けて行われた。

8. 問い合わせ先

農研機構次世代作物開発研究センター 石本政男
〒305-8508 茨城県つくば市観音台 1-2-1
電話 029-838-7930 Email ishimoto@affrc.go.jp

9. 用語解説

遺伝子発現、共発現

遺伝子の効果は、DNA に記録されている情報が伝令 RNA (mRNA) に伝わり、それがタンパク質に変換され、その働きとして発現する。特定のタンパク質をコードする mRNA が、いつ・どこで・どの位存在しているかが、遺伝子発現の指標となる。したがって、同じ経路で働いている酵素遺伝子群のコードする mRNA の存在する時期や部位は互いに同じようになる傾向があり、こういった状況が共発現と呼ばれる。

セルロース合成酵素

植物細胞壁多糖類であるセルロースの合成を担う酵素。セルロースの構成単位であるブドウ糖を順次結合させる反応を触媒する。本酵素が細胞膜表面（外側）に配置するため、細胞壁にセルロースが蓄積する。

特化代謝物（二次代謝物）、UDP 糖依存型糖転移酵素(UGT)

植物に含まれる成分のうち、呼吸や光合成にかかわる一次代謝物と異なり、植物種固有の性質（花の色や、病虫害抵抗性など）にかかわる代謝物を特化代謝物（二次代謝物）という。特化代謝物の多くは糖が結合した状態で存在し、糖の結合は、もっぱら UDP 糖依存型糖転移酵素(UGT)と呼ばれる、セルロース合成酵素とは全く異なる酵素が担っている。

以上

1. 話題

世界で初めてイネごま葉枯病に強い水稻品種を育成

2. 学会講演タイトル

P11-B：イネごま葉枯病抵抗性を有する水稻新品種「みえのゆめ BSL」の育成

3. 発表者

松本 憲悟¹，太田 雄也¹，山川 智大¹，大野 鉄平^{1,2}，瀬田 聡美¹，本多 雄登¹，溝淵 律子³，佐藤 宏之^{3,4}

(1. 三重県農業研究所, 2. 桑名地域農業改良普及センター, 3. 農研機構・次世代作物開発研究センター, 4. 農林水産省)

4. 発表概要

イネごま葉枯病は 1943 年にインドで起こったベンガル飢饉の主要因とされた病害であり、世界各地で発生がみられます。日本では、気候変動に伴って近年発生が多く認められ、発生面積は紋枯病、いもち病に次ぐ第 3 位（約 20 万ヘクタール、2018 年）であり、水稻の主要な病害の 1 つになっています。三重県では中生の多収性品種「みえのゆめ」で特に本病の発生が問題となっており、生産現場から早急な対策技術の確立が求められてきましたが、本病に抵抗性を持つ実用品種はこれまで育成されていませんでした。

三重県と農研機構が共同でイネごま葉枯病抵抗性を持つ実用品種の育成に取り組み、世界で初めて抵抗性品種「みえのゆめ BSL」を育成しました。この品種は、インド型の在来種「Tadukan」が持つイネごま葉枯病抵抗性量の形質遺伝子座 (QTL) を「みえのゆめ」に導入した品種であり、イネごま葉枯病抵抗性以外の収量性など主要な農業形質は「みえのゆめ」とほぼ同等です。2022 年から三重県で一般栽培が開始される予定です。

5. 発表内容

【「みえのゆめ BSL」の育成経過】

「Tadukan」のイネごま葉枯病抵抗性 QTL を交雑により導入した「コシヒカリ」準同質遺伝子系統、「R307-48-9」を抵抗性親にしました。2012 年に「みえのゆめ」を「R307-48-9」に、まず人工交雑し、その後、抵抗性 QTL が導入されていることを DNA マーカーで確認しながら「みえのゆめ」を 4 回戻し交雑しました。2017 年に抵抗性 QTL 以外の遺伝的な背景が「みえのゆめ」に置き換わった準同質遺伝子系統を選抜し、生産力検定試験や特性把握調査を行った後、2019 年に「三重 38 号」の地方系統番号を付けました。県内の複数箇所での現地試験等の結果から、イネごま葉枯病抵抗性を含む各種の農業特性が実用的なレベルであることが確認されたため、2020 年 11 月 9 日に「みえのゆめ BSL」として品種登録出願し、2021 年 2 月 8 日に出願が公表されました（出願番号：第 35057 号）。

【「みえのゆめ BSL」の特性】

- ① イネごま葉枯病抵抗性は“強”であり、「みえのゆめ」の“弱”より明らかに強く、当病害の発生が多い圃場では、収量性が「みえのゆめ」より約 30%多収です。
- ② イネごま葉枯病の発生が少ない圃場では、生育・品質等に関する主要な農業特性は「みえのゆめ」と概ね同等ですが、玄米の粒幅がやや大きく、約 6%多収です。
- ③ 三重県以外で採取した菌株を含む複数のイネごま葉枯病菌株を人工接種した結果「みえのゆめ」以上の抵抗性を示したことから、本品種は三重県以外の地域でもイネごま葉枯病に抵抗性を示す可能性があります。

6. 発表雑誌

投稿中

7. 注意事項

本品種の交配母本としての育種利用、あるいは研究目的の利用には、育成者である三重県と農研機構との共同研究契約などの手続きが別途必要です。

本研究は農林水産省戦略的プロジェクト研究推進事業「農林水産分野における気候変動対応のための研究開発」（BGW1201、2015-2019）の支援を受け実施されました。

8. 問い合わせ先

三重県農業研究所・生産技術研究室・農産研究課 松本憲悟

〒515-2316 三重県松阪市嬉野川北町 530

TEL: 0598-42-6359 FAX: 0598-42-1644

E-mail: matsuk37@pref.mie.lg.jp

9. 用語説明

- ①量的形質遺伝子座（QTL）：病害抵抗性、収量、食味など複数の遺伝子の効果の組み合わせによって決定される形質を量的形質といい、量的形質に影響を与える DNA 領域のことを量的形質遺伝子座といいます。
- ②DNA マーカー：品種や系統間の DNA の塩基配列の違いを利用した染色体上の目印のことをいいます。目的とする量的形質遺伝子座の塩基配列の違いを識別する DNA マーカーを利用することで、効率的に有望な品種や系統を選抜することができます。
- ③準同質遺伝子系統：有用な遺伝子を持つ品種（1 回親）にその遺伝子を導入したい品種（反復親）を交雑した後代に、反復親を繰り返し交雑する連続戻し交雑を行った結果として得られる、目的とする遺伝子およびその近傍領域以外は反復親由来の染色体に置き換わった系統で、導入した遺伝子に由来する特性以外は反復親とほぼ同一の特性を持ちます。