

# オンライン記者会見のお知らせ

(日本育種学会第140回講演会における発表課題)

## 1. 会見日時： 令和3年9月21日（火曜日）13：00～14：30

(本記者発表に関わる記事解禁は9月21日の17：00からとさせていただきます)

## 2. 会見方法： Zoom ミーティング

参加を希望される場合は、詳細を別途ご連絡申しますので、下記の問い合わせ先にご連絡ください。その際、Zoomがご使用いただけない場合は他のシステム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. 会見の趣旨

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1,500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。

本記者発表は、9月23・24・25日（木・金・土曜日）にオンラインで行われる日本育種学会2021年秋季大会（第140回講演会）（別紙1）の合計139（口頭発表102題、ポスター発表37題）の講演課題の中から、特に新規性・重要性が高いと考えられるものとして選定された4課題の内容についてご説明するためのものです。どうぞよろしくお願いたします。

## 4. 会見の内容・発表者

### (1) ご挨拶・諸注意

日本育種学会幹事長 中園 幹生（名古屋大学 大学院生命農学研究科）

### (2) ゲノムから見た日本の大玉トマト育種 ～大玉トマト150品種のゲノム配列を解析～ 山本 英司（明治大学 大学院農学研究科）（別紙2-1）

### (3) 植物のミトコンドリアのゲノム編集：DNAの狙った一文字の置換に成功！

中里 一星（東京大学 大学院農学生命科学研究科）（別紙2-2）

### (4) ゲノムビッグデータは、イネ品種の遺伝的な違いを明らかにし、品種育成の加速化に貢献する

鐘ヶ江 弘美（農研機構 農業情報研究センター）（別紙2-3）

### (5) 肝機能改善や認知機能向上に寄与する「スルフォラファン」の前駆物質GRAを高含有する「ラファノブラシカ」の新たな育成法を開発

遠藤 亮太（カゴメ株式会社）（別紙2-4）

\* (2)～(5)が講演会での講演課題に関するものです。それらの内容については、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](mailto:tsugama@g.ecc.u-tokyo.ac.jp)

## 1. 話題

ゲノムから見た日本の大玉トマト育種  
～大玉トマト 150 品種のゲノム配列を解析～

## 2. 講演タイトル

101 全ゲノム配列解析が明らかにする国内大玉トマト現代育種の軌跡

## 3. 発表者

山本英司 1, 松永啓 2, 大山暁男 2, 布目司 2, 白澤健太 3, 平川英樹 3, 磯部祥子 3

(1 明治大・院農, 2 農研機構・野菜花き部門, 3 かずさ DNA 研)

## 4. 発表概要

- 1940 年代から 2010 年代に育成された国内大玉トマト 150 品種のゲノム配列を解析することで、現代育種に貢献したゲノム領域の推定を行いました。
- 甘さや病害抵抗性などの農業形質と、現代育種に貢献したゲノム領域との関連を解析することで、これからの育種に向けた手がかりを探索しました。

## 5. 発表内容

### <背景>

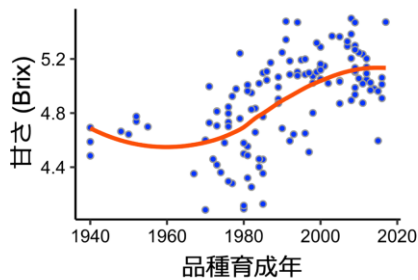
トマトはわが国で最も農業生産額の大きい野菜です。近年までは消費者ニーズに対応するため、甘さなどの良食味が主な育種目標でしたが(図1)、現在は良食味に加えて収量性や病害抵抗性など、様々な特性を兼ね備えた品種の開発が求められています。

### <取り組んだ課題>

- 大玉トマト 150 品種についてゲノム配列解析を行い、高精度ゲノム情報を取得しました。
- ゲノム配列解析によって検出された SNPs のパターンと、収量や甘さ(果実糖度)などの生育データを比較することで、トマト農業特性と関連のあるゲノム領域を探索しました。
- SNPs のパターンと品種育成年との比較により、育種選抜の影響を受けたゲノム領域を検出しました。

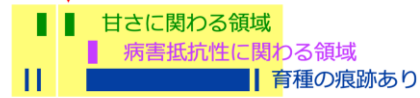
### <成果>

- ゲノム配列解析によって 4,464,852 ヶ所の SNPs を検出しました。
- SNPs のパターンとトマト生育データとの関連解析により、国内大玉トマトにおける農業特性の違いに関連のあるゲノム領域を検出しました(図2)。
- 育種選抜の影響を受けたゲノム領域と、農業特性と関連のあるゲノム領域の比較により、これまでの育種の痕跡だけでなく、今後の育種に向けた手がかりも得ることができました(図2)。



**図1. わが国の大玉トマトにおける品種育成年と甘さとの関係**  
 青い点は、今回解析された大玉トマト品種を示す。1990年以降の品種は、それ以前の品種と比べて、甘さが増している傾向にある。

さらなる甘さの改良に貢献！



**図2. 本発表で行った解析の模式図**

黄色い四角は、トマトのあるゲノム領域を模式的に示す。左側の甘さに関わる領域（緑）と、病害抵抗性に関わる領域（紫）は青の領域と重なるため、近年の品種開発で既に改良済みのゲノム領域と考えられる。一方、右側の緑の領域は青の領域と重なっていないため、さらなる甘さの改良に利用可能性がある。

## 6. 発表雑誌

準備中

## 7. 注意事項

本研究の一部は、JST さきがけ(JPMJPR16Q9)および JSPS 科研費(19H02951)の助成によって実施されました。

## 8. 問い合わせ先

明治大学 大学院農学研究科 山本英司

〒214-8571 神奈川県川崎市多摩区東三田 1-1-1 明治大学生田校舎第一校舎 6号館 6-306

TEL/FAX:044-934-7046

E-MAIL: yame@meiji.ac.jp

## 9. 用語解説

**ゲノム**； A、T、G、C の 4 つの塩基から構成される配列で生命の設計図。数百から数千の塩基により遺伝子を構成する。ゲノムは数万の遺伝子により構成される。

**SNPs**； Single Nucleotide Polymorphisms(一塩基多型)の略。ゲノム比較によって、塩基レベルでの品種間差異を解析する。

## 1. 話題

植物のミトコンドリアのゲノム編集：DNA の狙った一文字の置換に成功！

## 2. 学会講演タイトル

119 植物オルガネラゲノムの標的一塩基置換

## 3. 発表者

中里 一星<sup>1</sup>、奥野 未来<sup>2,3</sup>、肥塚 千恵<sup>4</sup>、常富 紀子<sup>4</sup>、田村 美子<sup>1</sup>、伊藤 武彦<sup>2</sup>、肥塚 信也<sup>4</sup>、高梨 秀樹<sup>1</sup>、堤 伸浩<sup>1</sup>、有村 慎一<sup>1</sup>(1. 東京大学大学院 農学生命科学研究科、2. 東京工業大学 生命理工学院、3. 久留米大学 医学部、4. 玉川大学 農学部)

## 4. 発表概要

- ・モデル植物シロイヌナズナの葉緑体ゲノムとミトコンドリアゲノム(これらをまとめてオルガネラゲノムといいます。)上の標的一塩基の置換に初めて成功しました。
- ・ミトコンドリアゲノム上の標的一塩基が置換されたセイヨウナタネの植物体を初めて作出しました。
- ・一細胞に数十から数百個あるミトコンドリアゲノムの全てで標的一塩基を置換できました。

## 5. 発表内容

私たちの研究グループは、これまでに世界初の植物ミトコンドリアのゲノム編集(切断/欠失、2019年)や、葉緑体ゲノムの標的一塩基置換(2021年7月)について、世界に先駆けて開発、報告をしてまいりました。本学会発表では、本年7月に既にNature plantsで発表したモデル植物(注1)シロイヌナズナの葉緑体ゲノムの標的一塩基置換法について報告するとともに、今回、新たに植物(シロイヌナズナとセイヨウナタネ)のミトコンドリアゲノムを対象とした標的一塩基置換に成功しましたので、これを発表いたします。

植物の細胞内でエネルギー生産を担う「呼吸」を行う場であるミトコンドリアは、細胞核とは異なる独立したゲノムを持っており、そこには呼吸反応に重要な遺伝子が複数存在します。また、さまざまな作物の多収生産によく使われているハイブリッド品種種子を生産する際に重要な細胞質雄性不稔(注2)の原因遺伝子もミトコンドリアゲノムにコードされています。しかし、植物のミトコンドリアゲノムはその重要性に比してあまり研究や育種利用がされてきませんでした。この理由の一つとして、植物ミトコンドリアゲノムの改変はつい最近まで不可能だったことが挙げられます。2年前に我々のグループは、植物ミトコンドリアゲノムの安定改変に初めて成功し、人工制限酵素TALENを用いたDNA二重鎖切断を行いました(Nature plants, 5, 722-730, 2019)。しかし、この方法では狙った遺伝子を破壊することができる一方で、標的配列周辺に数百塩基から数千塩基の大きな欠失やゲノム配

列つながりの大規模な変化も引き起こすため、より精緻な植物ミトコンドリアゲノム改変技術が望まれていました。

本研究ではまず、人工制限酵素 platinum TALEN の DNA 結合ドメイン (注 3) にミトコンドリア移行シグナル配列と、DNA 塩基 (注 4) のシトシン (C) をチミン (T) という別の塩基に変換する酵素とを融合させたゲノム編集タンパク質 mitochondria-targeted platinum TALE cytidine deaminase (mtpTALECD) を設計しました。これをコードする DNA を、一旦モデル植物シロイヌナズナまたはセイヨウナタネの核ゲノムに導入しました。この植物の核から転写され細胞質で作られた mtpTALECD タンパク質は、これに付加されたミトコンドリア移行シグナルにしたがってミトコンドリアの中へ運ばれ、二つの TALE ドメインがそれぞれミトコンドリアゲノム上の標的 DNA 前後の配列に結合します。すると、二つの TALE ドメイン結合配列の間 (target window と呼びます) の特定の塩基 C が T に変換されました。驚いたことに、最終的には一細胞あたり数十から数百コピーあると言われるミトコンドリアゲノムの特定の C がほぼ全て T に変換された植物体を得ることに成功しました (図 1, 2)。次に、導入した変異が後代に遺伝しているかどうかを調べるために、シロイヌナズナでミトコンドリアゲノムの標的塩基が置換された 4 系統の自殖後代 (注 5) の DNA 配列を解読したところ、4 系統全てで親が持つ変異が後代に安定して遺伝していたことが分かりました。この中には、親の核ゲノムに導入した mtpTALECD の設計図となる DNA が分離・消失し、核ゲノム中に外来 DNA を持たない個体も存在しました。このような個体は日本を含むいくつかの国では遺伝子組換え生物としての取り扱いの適用外であり、作物の品種改良へ応用するにあたり大きな利点があります。

つい最近、cytidine deaminase を用いたほぼ同様の技術による、レタスやセイヨウナタネ培養細胞のミトコンドリアゲノムの特定の DNA 塩基置換法が海外のグループから報告されました (Nature plants, 7, 899-905, 2021)。このグループの方法では、「培養細胞」を対象とし、一細胞内のミトコンドリアゲノムの「最大約 25% の改変」に「一時的」に成功しました。他方で、今回発表する私たちの研究では、シロイヌナズナとセイヨウナタネで細胞内の「ほぼ全て 100% の改変」に成功し、改変されたゲノムをもつ「植物体」を育て、さらに [シロイヌナズナを用いた実験では](#)、次の世代の種子に「安定して遺伝する」ことまでを実証して確立することができました。

本手法により原理的には核ゲノムへの DNA の導入が可能な多くの植物種でミトコンドリアゲノムの安定した標的一塩基置換改変ができるようになると考えられることから、本成果は植物科学の基礎研究 (例えば、植物ミトコンドリアゲノムに多く存在する機能不明な遺伝子候補 DNA 配列の機能解明) と作物生産の応用展開の両面への貢献が期待されます。

## 6. 発表雑誌

葉緑体ゲノムの標的一塩基置換の成果は以下論文に掲載されました。

I. Nakazato, M. Okuno, H. Yamamoto, Y. Tamura, T. Itoh, T. Shikanai, H. Takanashi, N.

Tsutsumi, S. Arimura, Targeted base editing in the plastid genome of *Arabidopsis thaliana*, Nature Plants, 7(7), 906-913 (2021)

DOI 番号 : 10.1038/s41477-021-00954-6

ミトコンドリアゲノムの標的塩基置換の投稿論文は現在投稿準備中です。

## 7. 注意事項

本研究は、科学研究費補助金 19H02927, 20H05680, 19KK0391, 東京大学 GAP ファンドプログラム の支援によって行われました。

## 8. 問い合わせ先

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

准教授 有村 慎一 (ありむら しんいち)

Tel: 090-6490-3973

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

## 9. 用語説明

(注 1) モデル植物 :

研究によく使われる代表的植物のこと。生活環 (世代交代) の時間が短い、生育に必要なスペースが狭くてもよい、育てやすい、ゲノムが解読されている、ゲノムが比較的単純で遺伝子操作しやすい等の理由により、統一的な研究解析の対象として使われる。シロイヌナズナは双子葉植物のモデル生物として広く用いられている。

(注 2) 細胞質雄性不稔 :

オルガネラゲノムの DNA 配列が原因で花粉の稔性が失われること。自らの雄しべと雌しべで受粉を行う自殖性作物を交雑する際に、作業の省力化に寄与する性質。

(注 3) 人工制限酵素 platinum TALEN の DNA 結合ドメイン :

TALEN は任意の DNA に結合しその近傍を切断することができる人工制限酵素。platinum TALEN は、広島大学佐久間氏、山本氏らによって開発された改良型 TALEN。

(注 4) 塩基 :

DNA の構成要素で、シトシン (C)、チミン (T)、アデニン (A)、グアニン (G) の 4 種類からなる。この並び順が、生体反応を担う多様なタンパク質の設計図としてそれらの配列を決定する。

(注5) 自殖後代：

ある個体がもつ自身の雄しべと雌しべ間で受粉させてできた次世代のこと。

## 10. 参考資料

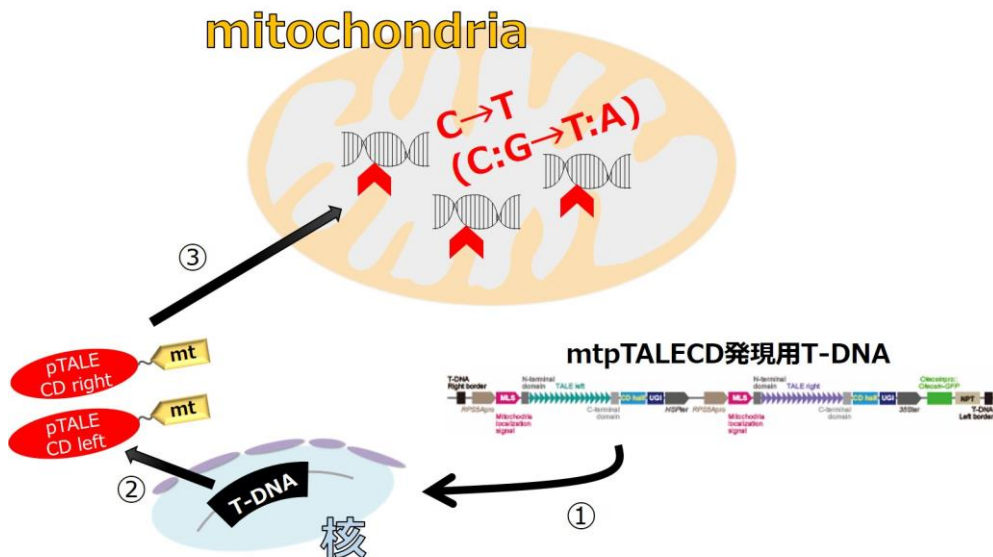


図1. 実験概念図

人工標的塩基置換酵素 mtpTALECD をコードしている DNA を、①植物の核ゲノムに導入することで、②そこから二つの酵素が転写／翻訳され（左右一組で使用：赤）、③ミトコンドリア移行シグナル（黄 mt）の配列情報に従って、mtpTALECD がミトコンドリアの中に運ばれる。ミトコンドリアの中には多数のゲノムが存在するが、そのほぼ全てで標的（赤矢尻）塩基を変化させることができた。

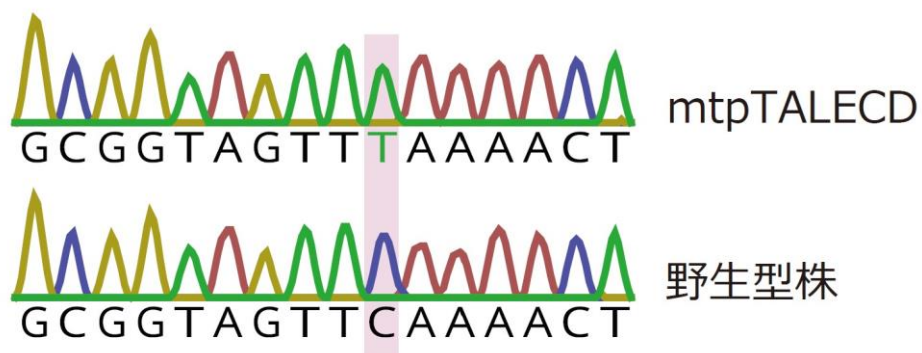


図2. 実験結果

mtpTALECD 導入株（上）では、ミトコンドリアゲノムの特定の塩基配列を調べたところ、野生型で C であった文字が T に（相補鎖の G が A に）完全に置換されていた。



## 1. 話題

ゲノムビッグデータは、イネ品種の遺伝的な違いを明らかにし品種育成の加速化に貢献する。

## 2. 講演タイトル

121 国内で育成されたイネ 500 系統以上のゲノムビッグデータ解析

## 3. 発表者

鐘ヶ江 弘美<sup>1</sup>、松下 景<sup>2</sup>、林 武司<sup>1</sup>、後藤 明俊<sup>1,2</sup>、菊井 玄一郎<sup>1</sup>、矢野 昌裕<sup>1</sup>、米丸 淳一<sup>1,2</sup>

(1. 農研機構・農情研、2. 農研機構・作物研)

## 4. 発表概要

・国内で育成された 500 系統以上のイネ品種・系統（注 1）の全ゲノム情報を解析しました。

・ゲノム配列を比較することにより、470 万の一塩基多型（SNP、注 2）と 92 万の挿入欠失変異（注 3）を同定しました。これらの塩基配列の違いを使って、品種・系統を 5 つのサブグループに分類することができました。

・塩基配列の違いによって、さまざまな特性を持つイネ品種・系統から農業上有用な遺伝子を見つけることができることから、ゲノムビッグデータはイネの育種選抜の効率化に活用できます。

## 5. 発表内容

我々の研究グループは、効率的な育種選抜に利用するために、イネ育種を行っている農研機構 6 カ所の研究機関において 1996 年～2019 年に得られた 873 品種・系統における 6052 点の形質データを収集・整理しました（松下ら、日本育種学会秋季大会第 138 回講演会）。本研究では、これらの形質データが蓄積されている品種・系統のうち、500 系統以上の全ゲノムを解読しました。国内で育成されたイネ品種・系統で、これだけ多くのゲノム配列を網羅的に比較した解析は初めてです。

イネの育種選抜は、良食味だけではなく、酒米・米粉・飼料用といった需要の拡大にも貢献してきました。本研究で解析した 500 以上の品種・系統には、多収の飼料用品種群などで利用されるインド型多収品種（注 4）、高アミロース米、低アミロース米、巨大胚米（注 5）、有色素米（注 6）などの「新形質米」も含まれています。

これらの系統・品種の塩基配列の違いをゲノム全体で調べた結果、イネの 12 本の染色体のうち第 3 および第 5 染色体に SNP の密度が低い領域が見つかりました。このことは、国内における多様なイネの育種選抜の過程において、これらの領域が固定され変化



が生じにくくなっていることを示しており、その原因としてこの領域には国内で栽培されるイネに必要な遺伝子が存在する可能性が考えられます。

また、各グループの構成品種、ゲノム配列の比較により、品種・系統を以下の5つグループに分類することができました。

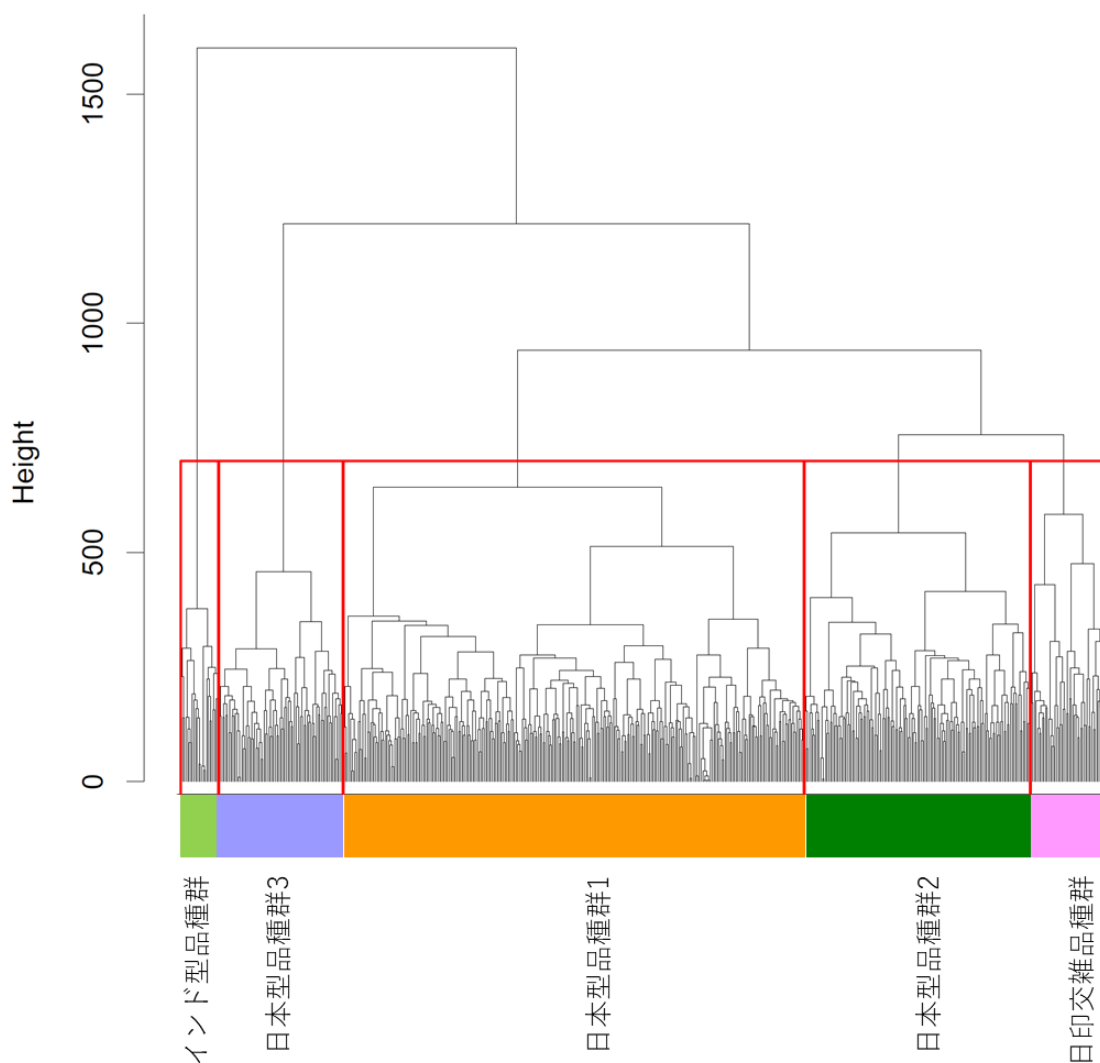


図. 国内で育成されたイネ品種・系統のクラスター分析の結果

インド型品種群: インド型の品種・系統

日本稲品種群 3: 北海道で育成された品種・系統

日本稲品種群 1: 日本晴・コシヒカリに近い品種・系統

日本稲品種群 2: 在来稲、陸稲、インド型が少しずつ混じりあった品種・系統

日印交雑品種群: インド型のゲノムが多く入っている品種・系統

国内のイネ育種では、それぞれの時代の育種目標に対応した品種育成を行ってきました。そのため、品種・系統のゲノム配列には育種の履歴が刻まれており、それらを解読することで、育種選抜にともなう遺伝的な変遷を明らかにできると考えられます。例えば、多収品種の開発のためにインド型多収品種の遺伝子導入が進められた結果、国内で育成されたイネ品種・系統に遺伝的な分化が生じたと推察されます（日印交雑品種群）。また、夏季が冷涼な北海道の環境に適応した品種群（日本稲品種群3）は、本州以南とは異なるゲノム組成を持つことも確認できました。

なお、これらの多数の品種・系統の全ゲノムデータは、前述した形質データと組み合わせることでイネ育種ビッグデータ基盤を構築するために利用できます。そして、イネ育種ビッグデータ基盤は、育種選抜に利用するための親の組み合わせの選定、農業上重要な形質に関与するゲノム断片の解明などに役立ちます。得られた知見は、多収かつ良食味の品種、温暖化に適応した品種などの育種選抜の効率化に貢献すると考えられます。

## 6. 発表雑誌

投稿準備中

## 7. 注意事項

特になし

## 8. 問合せ先

農研機構 作物研究部門 育種ビッグデータ整備利用グループ 米丸淳一  
〒305-8518 茨城県つくば市観音台 2-1-2  
電話 029-838-7404 Email yonemaru@affrc.go.jp

## 9. 用語解説

### (注1) 品種・系統

例えば「コシヒカリ」の種子は、全て「コシヒカリ」のゲノムをもち、どれを植えても「コシヒカリ」の形質を示します。このように共通のゲノムをもち、他と区別できる形質を示す集団のうち、種苗法による登録が行われたものを「登録品種」とよび、一般に栽培されている在来種、品種登録されたことがないもの、品種登録期間が切れたものを「一般品種」と呼びます。一方、「系統」とは、研究素材や品種登録前の育種素材を指します。

### (注2) 一塩基多型(SNP)

同一種内の個体間や品種間でゲノムを構成する DNA の塩基配列の違いを多型と言います。そのうち、一個の塩基が異なる多型を一塩基多型（英語：Single Nucleotide

Polymorphism) の頭文字をとって SNP と呼んでいます。

### **(注3) 挿入欠失変異**

DNA 配列中に新たな塩基配列が追加されるか(挿入)、塩基配列が除去される(欠失)変異を挿入欠失変異と呼びます。

### **(注4) インド型**

日本で栽培されているイネは「アジア栽培イネ」の「日本型」に分類され、米の粒が短く、炊くとやわらかくてねばりつつやが出るのが特徴です。

アジア栽培イネの中には「インド型」というタイプもあり、細長い米粒で、茎葉が長く、高温な環境で栽培され、一般的に「日本型」より収量が多くさっぱりとした米の味となります。

### **(注5) 巨大胚米**

一般品種より胚芽が大きく、機能性成分である GABA が多く含まれており、効率的に GABA を摂取できることがわかっています。

### **(注6) 有色素米**

米の表面(ヌカの部分)に濃い紫色や赤い色がついた米を指しています。濃い紫色の米は「黒米」「紫黒米」、赤い色のついた米は「赤米」と呼ばれます。最近の研究により、有色米の色素成分は活性酸素を取り除く抗酸化能や血糖値の上昇を抑制するといった機能性を有することが明らかにされています。

## 1. 話題

肝機能改善や認知機能向上に寄与する「スルフォラファン」の前駆物質 GRA を高含有する「ラファノブラシカ」の新たな育成法を開発

## 2. 講演タイトル

212 ダイコン GRS1 の機能欠損を利用した属間雑種のグルコラファニン含量を飛躍的に向上させる育種法の開発

## 3. 発表者

遠藤亮太<sup>1</sup>、近野洋<sup>1</sup>、板橋悦子<sup>2</sup>、川崎光代<sup>2</sup>、小原隆由<sup>2</sup>、柿崎智博<sup>2</sup>

(1. カゴメ株式会社、2. 農研機構・野菜花き研究部門)

## 4. 発表概要

グルコラファニン(GRA)はアブラナ科の野菜に含まれる成分です。この GRA は、スルフォラファンに変換された後ヒトの体内に吸収され、肝機能の改善や、認知機能の向上等に働くことが、これまでの研究からわかっております(図 1)。GRA を多く含む野菜として、ブロッコリーやブロッコリースプラウトなどが流通していますが、水に溶けやすい成分で調理中に煮汁に溶出してしまうため、今ある野菜では摂取できるメニューが限定されます。そこで我々は、GRA を多く含み、かつ多様なメニューに使いやすく生でも食べやすい野菜を開発できれば、GRA を手軽に摂取できるようになると考え、研究に取り組んできました。植物学的な分類においてラファナス属のダイコンとブラシカ属のケールを交配した新しい野菜「ラファノブラシカ」は GRA を含み、さらに生でも食べやすく、茹でることで失われてしまう GRA を手軽に摂取できる優れた野菜です(図 2)。今回の研究では、ある特別なダイコンを親として使うことで、ラファノブラシカの GRA 含量を飛躍的に向上させることに成功しました。今後、この成果を利用して育成した新しいラファノブラシカ品種の商品化に取り組んで参ります。

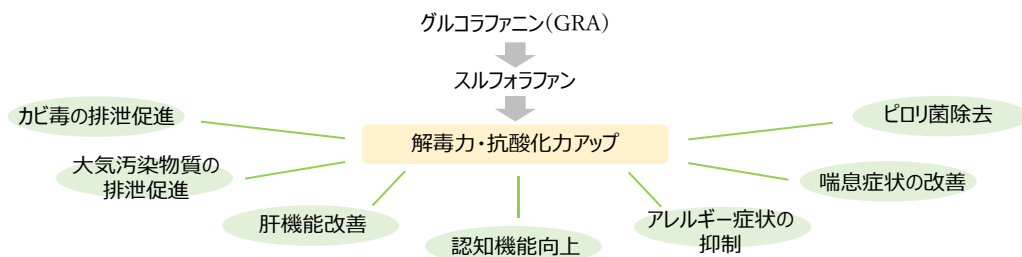


図 1：GRA の健康機能



図 2：ラファノブラシカ既存系統(サンテヴェール 48 として品種登録出願中)

## 5. 発表内容

### <背景>

ブロッコリーやケールなどのアブラナ科野菜に含まれる GRA は、スルフォラファンに変換された後ヒトの体内に吸収され、抗酸化作用や解毒作用を介して肝機能の改善や認知機能の向上等に働くことが、これまでに報告されています。GRA はアブラナ科野菜の種や花芽に特に多く含まれており、私たちがよく目にする野菜ではブロッコリーやブロッコリースプラウトなどが、GRA を多く含む野菜として流通しています。しかし、GRA は水に溶けやすい性質があり調理中に煮汁に溶出してしまうため、今ある野菜では摂取できるメニューが限定されます。そこで我々は、GRA を多く含み、かつ多様なメニューに使いやすく生でも食べやすい野菜を開発できれば、GRA を手軽に摂取できるようになると考え、研究に取り組んできました。

### <取り組んだ課題>

ダイコンとケールを交配して作ったラファノブラシカは、生でも加熱しても食味が良い特徴があるほか、ケール由来の GRA と、ダイコン由来のグルコラフェニン(GRE)の双方を、葉に概ね等量ずつ含みます。GRA と GRE は、植物体内でグルコエルシンという共通の物質から、それぞれ異なる酵素が働いて作られます(図 3)。GRE は、グルコエルシンが GLUCORAPHASATIN SYNTHASE1(GRS1)というダイコン由来の酵素によりグルコラファサチンに変換されたのちに作られます。このことから、ケールと交配するダイコンを GRS1 が働かない品種に変えることで、グルコラファサチンや GRE が生成できなくなり GRA の含量をさらに高めることができると考えました。そこで、GRS1 が働く「機能型」および働かない「欠損型」のラファノブラシカをそれぞれ準備し、GRA の含有量を比較しました。

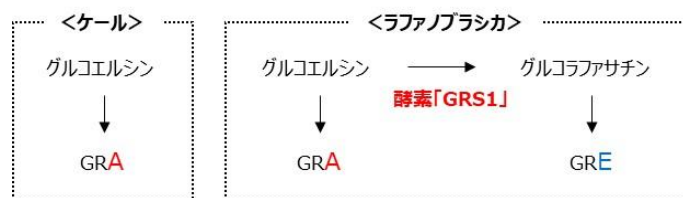


図3: ケールのGRA、およびラファノブラシカのGRA、GREの合成経路

### <成果>

準備した2種類のラファノブラシカを育て、本葉中のGRA含有量を比較したところ、GRS1欠損型ではGRS1機能型のおよそ2倍のGRAを含んでおり、想定通りの結果となりました(図4)。またこの傾向は、蕾や茎、根でも同様に認められました。今後は本研究で効果を立証した育種法を活用してGRAをより多く含むラファノブラシカ品種を育成、実用化し、生鮮・加工の両用途で商品化いたしますので、楽しみにお待ちください。

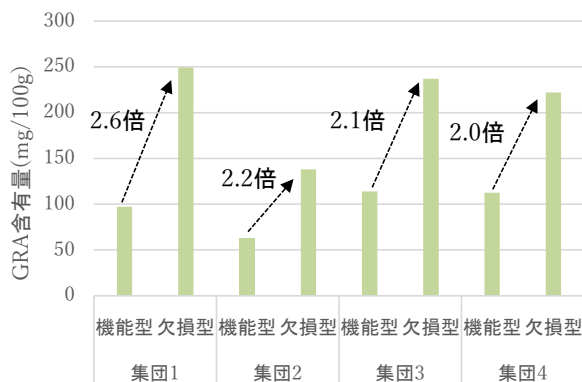


図4: GRS1機能型と欠損型ラファノブラシカにおける20cm本葉中GRA含有量の比較

## 6. 論文発表

- ・投稿準備中

## 7. 問い合わせ先

- ・カゴメ株式会社 イノベーション本部 イノベーション開発部 開発企画グループ 高田渉  
〒329-2762 栃木県那須塩原市西富山 17  
電話：0287-36-2935 E-mail：wataru\_takada@kagome.co.jp
- ・農研機構 野菜花き研究部門研究推進室広報  
E-mail：vf-gaibu-koho@naro.affrc.go.jp

## 8. GRA の健康機能解説

### ・肝機能の改善

肝機能異常の男性が GRA のサプリメントを継続的に摂取すると、肝機能マーカーである ALT や  $\gamma$ -GTP の数値が改善されました。

### ・認知機能の向上

健康な日本人の高齢男女（平均 67.7 歳）のうち、GRA を含有するブロッコリースプラウトエキスを含む試験食品を摂取した人は、エキスを含まない試験食品を摂取した人と比べて、処理速度（作業をこなす速さ）や作業記憶（情報を忘れない力）の改善が認められました。

### ・カビ毒の排泄促進

中国において、GRA を含有するブロッコリースプラウトの飲料を摂取することで、ナッツ類に含まれるカビ毒（アフラトキシン）の排泄が促進されました。

### ・大気汚染物質の排泄促進

PM2.5 の影響が強い中国において、GRA を含有するブロッコリースプラウトエキスを含むジュースを飲んだ人は、エキスを含まないジュースを飲んだ人と比べて、大気汚染物質（ベンゼン、アクロレイン）の排泄が促進されました。

### ・アレルギー症状の抑制

GRA を含むブロッコリースプラウトのエキスを摂取した人では、ディーゼル排気粒子暴露による鼻汁中の白血球や炎症反応が摂取していない人よりも低くなりました。

### ・喘息症状の改善

軽度喘息患者が、GRA を含むブロッコリースプラウトの破砕物を継続的に摂取すると、肺の炎症が治まり、肺活量や呼吸機能が改善されました。

### ・ピロリ菌除去

ピロリ菌感染者が、GRA が豊富なブロッコリースプラウトを継続摂取すると、ピロリ菌の数が減少するとともに、胃の炎症も抑制されました。

※出典：カゴメ株式会社「スルフォラファン」ウェブページ（URL：<https://sulforaphane.jp/>）