

オンライン記者会見のお知らせ

(日本育種学会第 141 回講演会における発表課題)

1. 会見日時： 2022 年 3 月 16 日（水曜日） 13：00～14：30

(本記者発表に関わる記事解禁は別紙 2-1～2-4 に記載の日時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下記の問合せ先にご連絡ください。詳細をお伝え申します。

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、3 月 20・21 日（日・月曜日）にオンラインで行われる日本育種学会 2022 年春季大会（第 141 回講演会）（別紙 1）の合計 187（口頭発表 133 題、ポスター発表 54 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

日本育種学会副会長 中園 幹生（名古屋大学 大学院生命農学研究科）

(2) ゲノム解析で解き明かすソメイヨシノのルーツ

～全国のソメイヨシノの源流が上野恩賜公園に～

白澤 健太（かずさ DNA 研究所 先端研究開発部）（別紙 2-1）

(3) 馬鈴しょ新品種「ゆめいころ」の紹介

～目が浅くて病害虫に強い早生の生食用馬鈴しょ新品種～

品田 博史（北海道立総合研究機構）（別紙 2-2）

(4) 無花粉スギ原因遺伝子の特定に成功

～スギゲノム 100 億塩基のわずか 1 塩基の違いが無花粉スギの原因であることを発見

無花粉スギの効率的な選抜・育種に光明～

角井 宏行（新潟大学大学院 自然科学研究科）（別紙 2-3）

(5) 植物におけるオス・メス個体のバランスを決める仕組みを解明

赤木 剛士（岡山大学大学院 環境生命科学研究科）（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 大学院農学生命科学研究科附属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

一般社団法人日本育種学会 第141回講演会プログラム
2022年春季 オンライン開催

3月5日 (土)	午後	代議員会 14:00-17:00 (オンライン)				
3月20日 (日)	午前	第1会場	第2会場	第3会場	第4会場	第5会場
		ゲノム解析・ゲノム育種 101-110 9:00-11:35	品種育成・遺伝資源 201-210 9:00-11:35	育種法・育種技術 301-310 9:00-11:35	発生・生理 401-410 9:00-11:35	発生・生理 501 9:00-9:15 遺伝子機能 502-510 9:15-11:35
	午後	○ 株式会社ジーンペイ ランチタイムセミナー 12:00-12:50 講演内容の詳細はWeb要旨集、講演要旨集PDFをご参照ください。				
		学会賞受賞講演 13:00-16:10				
		受賞者紹介 13:00-13:10				
		学会賞 13:10-13:45 ◎バラ科果樹における自家不和合性の分子機構に関する研究 佐々 英徳(千葉大学大学院園芸学研究院)				
		13:50-14:25 ◎難裂莢性ダイズ品種群の育成 農研機構・作物研究部門「難裂莢性ダイズ品種群」育成グループ(代表:羽鹿 牧太)				
		14:30-15:05 ◎多収・良質・良食味で耐湿性に優れる画期的な日本麺用小麦品種「きぬあかり」の育成 愛知県農業総合試験場小麦品種「きぬあかり」育成グループ(代表:吉田 朋史)				
		奨励賞 15:15-15:40 ◎イネ節間伸長の分子機構解明 永井 啓祐(名古屋大学生物機能開発利用研究センター) 15:45-16:10 ◎雑種胚細胞で起こる染色体脱落の理解と育種の利用 石井 孝佳(鳥取大学乾燥地研究センター) 総会 16:20-17:20				
	グループ研究集会 17:30-18:30					
3月21日 (月・祝)	午前	ポスター発表 9:00-10:30 Aグループ発表 9:00-9:30 Bグループ発表 9:30-10:00 Cグループ発表 10:00-10:30				
		第1会場	第2会場	第3会場	第4会場	第5会場
	午後	ゲノム解析・ゲノム育種 111-114 10:40-11:40	オミクス・データベース 211-213 10:40-11:25	育種法・育種技術 311-314 10:40-11:40	発生・生理 411-414 10:40-11:40	遺伝子機能 511-514 10:40-11:40
		ゲノム解析・ゲノム育種 115-127 13:00-16:25	品種育成・遺伝資源 214-226 13:00-16:25	育種法・育種技術 315-318 13:00-14:00	発生・生理 415 13:00-13:15	ゲノム解析・ゲノム育種 515 13:00-13:15
					抵抗性・耐性 416-418 13:15-14:00	収量・品質 516 13:15-13:30
				増殖・生殖 319-327 14:00-16:25		遺伝子機能 419 14:00-14:15
					抵抗性・耐性 420-427 14:20-16:25	収量・品質 518・520-525 13:45-15:55
		ゲノム解析・ゲノム育種 526-527 15:55-16:25				



ゲノム解析で解き明かすソメイヨシノのルーツ ～全国のソメイヨシノの源流が上野恩賜公園に～

令和4年3月8日

公益財団法人 かずさDNA研究所

- ◇ かずさDNA研究所を始めとする全国の計16大学・高校・研究機関は共同で、ソメイヨシノのルーツを求め、ゲノム^{*1}解析を行いました。
- ◇ ソメイヨシノは、接ぎ木などで繁殖される、いわゆるクローン^{*2}であり、ゲノム配列は同じです。ただし、クローンでも、繁殖を繰り返す間に突然変異（体細胞突然変異）によって一塩基変異^{*3}が徐々に増えていきます。そこで、国内19都府県に植栽されている46本のソメイヨシノについて一塩基変異を調べて、系譜を辿りました。すると、46本は6つの系譜に分けられました。
- ◇ 上野恩賜公園には、染井村（東京都豊島区）で誕生したとされるソメイヨシノの原木に関係が深いと考えられる古い木が4本あります。この4本はそれぞれ異なる系譜に属したことから、この4本は全国に植えられたソメイヨシノのルーツの可能性が高いと考えられます。
- ◇ さらに、その4本のソメイヨシノのうち、祖先のゲノムに最も近い1本を特定しました。一層、原木に迫ることができそうです。
- ◇ 研究成果は、3月20日（日）にオンラインで開催される日本育種学会令和4年度春季大会にて口頭発表いたします。

<報道に関すること>

かずさDNA研究所 広報・研究推進グループ

<研究に関すること>

かずさDNA研究所 先端研究開発部

植物ゲノム・遺伝学研究室 主任研究員

白澤 健太（しらさわ けんた）

1. 背景

サクラはバラ科サクラ属の鑑賞用落葉樹種の総称で、エドヒガン (*Cerasus spachiana*)、オオシマザクラ (*C. speciosa*)、ヤマザクラ (*C. jamasakura*) などの基本野生種を祖先として多くの品種が作出されました。そのうち、江戸時代に染井村（東京都豊島区）の植木職人が作ったとも自然交雑により誕生したとも伝承されるソメイヨシノ (*C. × yedoensis*) ^{*4} は、主としてエドヒガンとオオシマザクラを祖先とする品種です。ソメイヨシノは接ぎ木などによりクローン繁殖され、明治以降、世界中に寄贈され、多くの人々の目を楽しませています。

上野動物園の正門に近い小松宮彰仁親王像の周り（上野恩賜公園）には、ソメイヨシノが 4 本、エドヒガンが 5 本、コマツオトメが 1 本、植栽されています（図 1）。サクラが自家受粉しないことに関わる遺伝子（不和合性遺伝子）の型の解析から、ここに植えられたサクラには遺伝的なつながりが示唆され、4 本のソメイヨシノのうちの 1 本（管理番号 136）がソメイヨシノの原木候補ではないかという報告が 2015 年に発表されました。そこで私たちの研究グループは 2019 年に、この管理番号 136 のソメイヨシノの全ゲノム解読を行っています（図 1）。

ソメイヨシノはクローンなのでゲノム配列が共通ですが、繁殖される間には突然変異（体細胞突然変異）によって一塩基変異が生じます。一塩基変異を調べることにより、それぞれの木の系譜が位置付けられると考えました。今回、上野恩賜公園の 4 個体を始め、日本最長寿とも言われる弘前公園の個体やアメリカ・ワシントンから里帰りした個体、また原爆による被災をくぐり抜けたとされる個体など、全国に植栽された 46 個体のゲノム解析を行い、ソメイヨシノのルーツを辿る研究を行いました。

2. 研究成果の概要と意義

- ① 国内 19 都府県に植栽されている 46 個体の「ソメイヨシノ」の葉からゲノム DNA を抽出して DNA 配列を解析しました（図 2）。46 個体すべてが「ソメイヨシノ」であることは、サクラ 139 品種・系統（島根大学が保有）から得られた DNA 多型データとの比較から確かめました。
- ② 46 個体の配列データから 684 個の一塩基変異を見出しました。このうち 71 個の変異は 2 個体以上に共通していました。これらの変異に基づいて 46 個体をクラスタリング^{*5}したところ、全国のソメイヨシノは 2 つの大きなグループ（I と II）に分けることができ、さらにグループ I は少なくとも 5 つのクローン系統（Ia～Ie）に分類されました（図 3）。
- ③ 上野恩賜公園に植栽されている 4 個体の「ソメイヨシノ」は、お互いに異なるクローン系統に分かれました。上野公園に植栽されていた 4 個体のそれぞれが親木（クローン親）となり、接ぎ木されて全国に広がったと考えられます。6 つのクローン系統のうち最も祖先型に近いのはグループ Ia で、これに属する個体は原木候補と言われた管理番号 136 の個体ではなく、管理番号 133 の個体でした。

3. 将来の波及効果

- ① ゲノムに残る痕跡をさらに検討することにより、ソメイヨシノ誕生の歴史を探ることができます。
- ② 近年問題になっている果樹等の登録品種の流出についても、体細胞変異を追うことで流出経路を特定できる可能性があります。

4. 学会発表：日本育種学会第 141 回講演会（令和 4 年度春季大会）

演題：ゲノム解析で解き明かすサクラ品種「ソメイヨシノ」のルーツ

著者：白澤 健太，江角 智也，板井 章浩，畠山 勝徳，高品 善，八畝 拓司，住友 克彦，黒倉 健，深井 英吾，佐藤 慶一，島田 武彦，白武 勝裕，細川 宗孝，門田 有希，草場 信，池上 秀利，磯部 祥子

3 月 20 日（日）9 時 30 分～ オンライン発表

5. 注意事項

この研究は、かずさDNA研究所の助成によって行われました。また、それぞれのソメイヨシノの葉サンプルは各施設管理者の許可のもとに提供していただき、分析に使用しました。

6. 問い合わせ先

＜報道に関すること＞

かずさDNA研究所 広報・研究推進グループ

TEL：0438-52-3930

＜研究に関すること＞

かずさDNA研究所 先端研究開発部

植物ゲノム・遺伝学研究室 主任研究員

白澤 健太（しらさわ けんた） TEL：0438-52-3935

7. 用語解説

- *1 ゲノム：生物をその生物たらしめるのに必須な最小限の染色体のひとまとまり、または DNA 全体のことをいう。
- *2 クローン：無性的に増殖したことにより、ゲノム配列が同一の個体。
- *3 一塩基変異：SNP (Single nucleotide polymorphism)。個体や系統間でゲノムの塩基配列に 1 塩基の違いによる多様性が見られるところをピックアップし、ゲノム解析に利用されている。
- *4 *C. × yedoensis*：学名の×は種間雑種の意味。
- *5 クラスタリング：配列などの情報を比較して、近いもの同士をまとめる（クラスター化）する解析方法。

8. 参考資料



図 1. 上野恩賜公園の小松宮彰仁親王像の周りに植栽されているサクラ
数字は、管理番号を表す。



図 2. 解析したソメイヨシ
ノの国内分布図

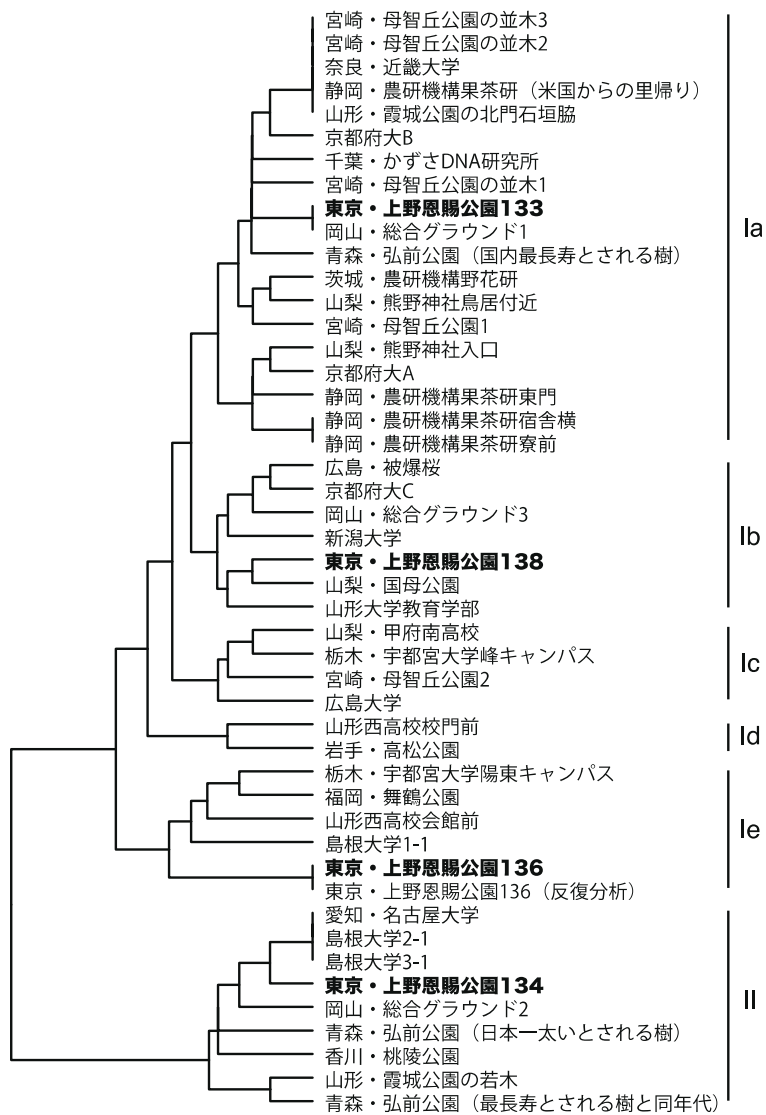


図 3. ゲノム変異に基づいて分類した「ソメイヨシノ」のグループ

1. 話題

馬鈴しょ新品種「ゆめいころ」の紹介

～目が浅くて病害虫に強い早生の生食用馬鈴しょ新品種～

2. 講演タイトル

224 馬鈴しょ新品種「ゆめいころ」の育成

3. 発表者

品田 博史¹, 藤田 涼平¹, 松永 浩¹, 和崎 俊文¹, 大波 正寿², 青山 聡³, 江部 成彦⁴, 池谷 聡¹, 萩原 誠司², 中山 輝⁵, 鈴木 千賀², 田村 元⁴, 相馬 ちひろ⁴, 池田 幸子³, 小野寺 鶴将¹

(1. 北海道立総合研究機構(以下道総研) 北見農業試験場、2. 道総研 十勝農業試験場、3. 道総研 道南農業試験場、4. 道総研 中央農業試験場、5. 新潟市役所)

4. 発表概要

- ジャガイモシストセンチュウ抵抗性で収量性の優れる早生の馬鈴しょ新品種「ゆめいころ」を育成しました。
- 「ゆめいころ」は、北海道のジャガイモシストセンチュウ発生地帯において「男爵薯」(ジャガイモシストセンチュウ感受性)に置き換えて普及することで、北海道の馬鈴しょ安定生産に貢献できます。

5. 発表内容

【背景】

ばれいしょは北海道畑作の基幹作物であり、輪作体系維持のためにも、安定生産が重要です。北海道における馬鈴しょの安定生産を脅かす大きな問題としてジャガイモシストセンチュウ(*Globodera rostochiensis*)の蔓延の問題があります。ジャガイモシストセンチュウは馬鈴しょの根に寄生して、大幅な減収を引き起こす土壌病害虫です。北海道では昭和 47 年にジャガイモシストセンチュウの発生が確認されて以来、発生面が年々増加しており、ジャガイモシストセンチュウ抵抗性品種の開発および普及が求められています。こうした背景のもと、ジャガイモシストセンチュウ抵抗性を持つ早生の生食用ばれいしょ品種「ゆめいころ」を育成しましたので、ご紹介します。

【育成経過】

「ゆめいころ」は、道総研北見農業試験場において、「男爵薯」を母、ジャガイモシストセンチュウ抵抗性でそうか病抵抗性が優れる「北系 39 号」を父として人工交配を行い、選抜された品種です。平成 30 年より 3 カ年、「北育 28 号」の地方番号を付与して優良品種決定調査に供試した結果、実用性が認められたことから、令和 3 年 2 月に北海道の優良品種に認定されました。同年 7 月に「ゆめいころ」の名称で品種登録出願を行い、同年 11 月 29 日に農水省より出願公表されました。“いころ”はアイヌ語で“宝物”という意味であり、長く大切にされる品種になってほしいと願いを込めて命名しました。

【結果】

「ゆめいころ」は「男爵薯」並の“早生”の品種です。いもの平均 1 個重は「男爵薯」より重い特徴があり。規格内率(60～260g のいもの率)が高く、収量性は「男爵薯」より優れます(表 1)。病害虫

抵抗性については、ジャガイモシストセンチュウ抵抗性と“中”程度のそうか病抵抗性を併せ持ちます。「男爵薯」と比べて栽培上の欠点はなく、「男爵薯」と同様な栽培で収量性の増加とジャガイモシストセンチュウの防除が実現できる品種です。いもの形は「男爵薯」よりやや細長い、短卵形(図1)。いもの肉色は「男爵薯」同様の白です。いもの目の深さが「男爵薯」より浅いことから、皮が剥きやすくて皮剥き後の歩留まりが高く、調理加工における優点です。「男爵薯」ほど風味は強くないあっさりとした食味で、「男爵薯」と比べ、ホクホク感はやや少なく、しっとりとした食感です。

【考察】

「ゆめいころ」を北海道のジャガイモシストセンチュウ発生地帯において「男爵薯」と置き換えて普及を進めることで、北海道におけるばれいしょの安定生産および栽培振興に加え、北海道畑作の輪作体系維持に貢献できます。

表 1. 「ゆめいころ」の生育および収量特性

品種名	枯ちょう期		茎	上いも	上いも	上いも	規格内いも重		規格内	でん粉
			長	数	平均重	重	男爵比		率	価
	(月/日)	(cm)	(個/株)	(g)	(kg/10a)	(kg/10a)	(%)	(%)	(%)	
ゆめいころ	早	8/20	51	10.5	99	4,506	3,794	111	84	15.9
男爵薯	早	8/27	48	11.7	87	4,396	3,423	100	78	15.0

注1) 平成30～令和2年の3カ年で、北海道の試験研究機関5場所で実施した14試験事例の平均。

2) 上いもは20g以上のいも。規格内いもは60～260gのいも。

表 2. 「ゆめいころ」の病虫害抵抗性

品種名	病虫害抵抗性				
	ジャガイモシストセンチュウ	そうか病	塊茎腐敗	疫病	Yウイルス
ゆめいころ	有(HI)	中	中	弱	弱
男爵薯	無	弱	弱	弱	弱

注1) 道総研で実施した特性検定試験結果。



図 1 「ゆめいころ」のいも
(左「ゆめいころ」(北育 28 号)、右「男爵薯」令和2年12月20日 道総研北見農業試験場で撮影)

6. 発表雑誌

準備中

7. 注意事項

「ゆめいころ」の育成成果の一部は、農林水産業・食品産業科学技術研究推進事業（26090C）および北海道馬鈴しょ協議会より助成を受け、得られた成果です。

8. 問い合わせ先

北海道立総合研究機構 北見農業試験場 研究部 馬鈴しょ牧草グループ

研究主任 品田 博史

〒099-1496 北海道常呂郡訓子府町字弥生 52

Mail : shinada-hiroshi@hro.or.jp

TEL : 0157-47-2149 FAX 0157-47-2774

9. 用語説明

・ 枯ちょう期

茎葉が枯れた株の割合が全体の 80%に到達した日。

・ 茎長

株の地際から最長茎の先端までの長さ。

・ でん粉価

いもに含まれるでん粉の含量(%)。

・ ジャガイモシストセンチュウ (*Globodera rostochiensis*)

馬鈴しょの根に寄生して、大幅な減収を引き起こす土壌病害虫。防除には抵抗性品種の導入が効果的で、ジャガイモシストセンチュウ抵抗性品種は、感受性品種に比べて減収被害が大幅に低減され、かつ、栽培すると圃場内のセンチュウ密度を約 90%減少させる効果がある。

・ そうか病

ストレプトミセス(*Streptomyces*)属放線菌による土壌病害。いもの表面の傷口などから感染し、いも表面に褐色のかさぶた病斑ができる。収量には影響しないが、罹病により商品価値が著しく損なわれる。防除には抵抗性品種の導入が効果的。

・ 塊茎腐敗

いも(塊茎)は様々な病害によって腐敗を生じる。本発表では、特に馬鈴しょの栽培で発病が多い、疫病によって生じる腐敗。いも表皮の一部に褐色～茶褐色のややへこんだ斑紋を生じ、表皮に近接の肉質部は不規則に褐変、または赤褐変してごわごわした状態になる。収穫前に発病したいもは仮貯蔵中にも新たな発病いもの原因となり、歩留まりの低下を引き起こす。

- ・疫病

卵菌綱に属するフィトフソラ・インフェスタンス(*Phytophthora infestans*)によって引き起こされる病害。本病の蔓延により、馬鈴しょは枯死いもの腐敗や収量低下をもたらす。農薬の茎葉散布による防除が行われている。

- ・Y ウイルス

アブラムシに媒介されるウイルス病害。葉にえそ、しわ、不明瞭なモザイクを生じる。馬鈴しょのウイルス病の中では、現在、最も発生している病気。発病により収量の低下が発生する。種いもによる伝染が蔓延の原因となるため、種いも生産現場では、発病株の抜き取り作業が実施されている。

1. 話題

無花粉スギ原因遺伝子の特定に成功 ～スギゲノム 100 億塩基のわずか 1 塩基の違いが無花粉スギの原因であることを発見 無花粉スギの効率的な選抜・育種に光明～

2. 学会講演タイトル

無花粉スギ *MS4* の原因は *CjTKPR1* の 1 塩基置換変異である

3. 発表者

角井 宏行¹, 伊原 徳子², 長谷川 陽一², 釣崎 恵里子¹, 二村 典宏², 岩井 淳治³, 樋口 有未³, 藤野 健⁴, 鈴木 穰⁴, 笠原 雅弘⁴, 山口 勝司⁵, 重信 秀治⁵, 大谷 真広⁶, 中野 優⁶, 上野 真義², 森口 喜成¹

(1. 新潟大院・自然科学, 2. 森林総研, 3. 新潟県・森林研, 4. 東大院・新領域, 5. 基生研, 6. 新潟大・農)

4. 発表概要

- ・無花粉スギ遺伝子座の 1 つである *MS4* を解析したところ、有力な候補として *TKPR1* 遺伝子が見出された
- ・スギ *TKPR1* の正常型配列と無花粉スギ型配列をシロイヌナズナに導入して花粉生産の有無を解析し、スギ *TKPR1* の 1 塩基の違いが無花粉の原因であることを特定した
- ・わずか 1 塩基の違いで無花粉スギになることを示した本研究は、効率的な無花粉スギの選抜・育種や、ゲノム編集による新規無花粉スギの作出といった無花粉スギの普及に貢献しうる

5. 発表内容

<背景>

スギは日本で最も重要な建材種であると同時に最も深刻な花粉症の原因でもあります。新たに植林するスギに無花粉スギを選択することは、建材資源確保とスギ花粉症対策を両立させる上で有効な方策です。私たちはこれまでに複数の無花粉スギ系統を自然集団および人工林から発見し、4 種類の無花粉スギ遺伝子座 (*MS1*～*MS4*) を見出してきました。これらの無花粉スギの原因遺伝子を特定することは、無花粉スギの効率的な選抜・育種に重要だと考えられます。本研究では無花粉スギ遺伝子座の一つ、*MS4* を対象に解析を行いました。

<実験内容と結果>

- ① 無花粉スギの遺伝子座の一つ、*MS4* の詳細な絞り込みを行なったところ、約 100 億塩基 (10Gb) をもつスギゲノムのうちの約 1300 分の 1 (約 7.65Mb) まで、無花粉スギの原因領域を絞り込むことができました (図 1A)。
- ② 絞り込んだ領域には 67 個の遺伝子があり、そのうちの 1 つの遺伝子、*TKPR1* が雄花 (花粉を作る器官) のみで高く発現していることがわかりました。興味深いことに、スギ *TKPR1* は正常型と無花粉型の間でアミノ酸がわずか 1 残基しか変わらず、さらにそれは DNA の 1 塩基の違い (1 塩基置換) に由来するものでした (図 1B)。
- ③ これまでの研究により、*TKPR1* 遺伝子はモデル植物であるシロイヌナズナやイネで花粉の発達に必須の遺伝子であることがわかっています。光学顕微鏡や電子顕微鏡による詳細な花粉の観察により、花粉発達過程で無花粉型の花粉細胞に異常が起きるタイミングや、無花粉スギ型の異常な花粉の形態は、シロイヌナズナやイネの *TKPR1* 変異体と似た傾向があることがわかりました。

①～③の実験結果は、*MS4*の無花粉の原因がスギ *TKPR1* の DNA の 1 塩基の違いに由来するという仮説を支持するものです。

④スギ *TKPR1* の DNA 1 塩基の違いが無花粉スギの原因であるという仮説を実験的に証明するために、スギ *TKPR1* 遺伝子配列をシロイヌナズナに導入し、花粉生産の有無を調べました。まず、*TKPR1* が壊れたシロイヌナズナ変異体を準備します。この植物体は正常な *TKPR1* を持たないので花粉ができません（図 2A、B）。この植物に対して、スギ *TKPR1* の正常型または無花粉型の配列を形質転換によって導入し、花粉が生産されるかどうかを調べました。種をまいてから 1 ヶ月程度で花が咲くシロイヌナズナを使うことで、通常花が咲くまでに 3 年以上かかるスギの遺伝子機能解析を大幅に短縮できました。

⑤実験の結果、正常型のスギ *TKPR1* 配列を導入したシロイヌナズナ変異体は花粉が生産された（図 2C）のに対して、DNA の 1 塩基のみを無花粉型に変えた *TKPR1* 配列を導入したシロイヌナズナ変異体は無花粉のままでした（図 2D）。これらのことから、*MS4* の無花粉スギの原因は *TKPR1* 遺伝子のわずか 1 塩基の違いであることを実験的に証明できました。

6. 本研究のインパクト

巨大ゲノムをもつスギからピンポイントで無花粉スギの原因を特定した

スギは 100 億塩基以上の巨大ゲノムを持ちますが、本研究により無花粉スギの原因が DNA のわずか 1 塩基の違いであることを特定しました。これは例えるなら東京ドーム 3.5 個の中に野球ボールを一杯に満たして、その中からたった 1 つのボールを探し出したようなものです。

花粉症対策としての意義

スギ花粉は日本で最も深刻な花粉症の原因であり、花粉症患者は年々増加していると報告されています。本研究で 1 塩基の違いが無花粉スギになることを明らかにしたことは、今後無花粉スギの効率的な選抜・育種に貢献できると考えられます。また、近年様々な分野で盛んにゲノム編集が行われていますが、本研究で無花粉スギの原因遺伝子をピンポイントに特定したことにより、今後ゲノム編集の標的に *TKPR1* 遺伝子を使うことで無花粉スギを迅速・効率的に作出できるようになると考えられます。

植物の花粉発達過程と進化を考察する

裸子植物のスギと被子植物のシロイヌナズナは「門」レベルで系統関係が遠いにも関わらず、正常型のスギ *TKPR1* を導入することでシロイヌナズナの花粉生産が復帰したことは私たちも驚きました。これは花粉が植物全体を通じて重要な器官であり、植物が種分化しても花粉発達を司る遺伝子は保存されていることを示しているのかもしれませんが。今回のように遠縁種間で花粉関連遺伝子を比較・解析することで花粉発達の仕組みをさらに解明できると考えています。

7. 本研究の概念図

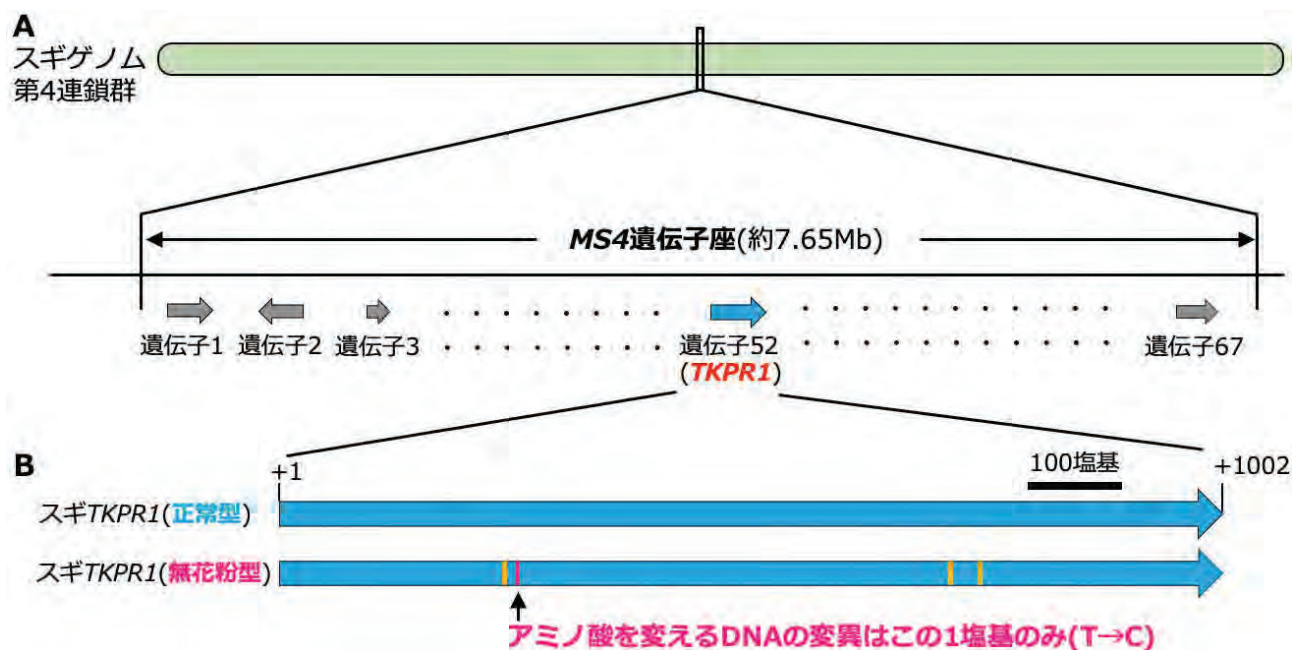


図 1. 無花粉スギ *MS4* 遺伝子座の絞り込み

A. 連鎖解析により 10Gb を持つスギゲノムから *MS4* 領域として 7.65Mb まで絞り込んだ。この領域には 67 個の遺伝子が存在し、その中には *TKPR1* 遺伝子が存在していた。

B. スギ *TKPR1* のアミノ酸をコードする DNA 配列の比較。スギ *TKPR1* のアミノ酸配列を比較したところ、正常型と無花粉型で 4 塩基の違いが検出されたが(無花粉型の縦線)、そのうちの 3 塩基はアミノ酸を変えない変異であり、アミノ酸を変える変異は 1 塩基のみだった (矢印)。

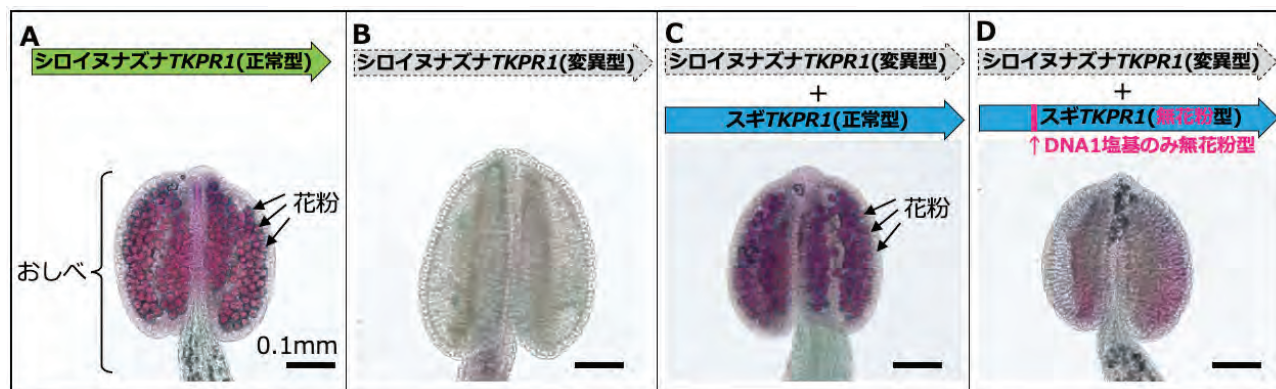


図 2. シロイヌナズナを使った無花粉スギ原因遺伝子の機能証明実験

正常に花粉を生産するシロイヌナズナ植物体 (A) の *TKPR1* を機能破壊すると無花粉になる (B)。この無花粉のシロイヌナズナにスギ *TKPR1* の正常型配列を入れた時には花粉の生産が復帰する (C) 一方で、1 塩基のみを無花粉型に変えたスギ *TKPR1* 配列を入れた場合は花粉生産が回復しなかった (D)。

これらのことから、*MS4* の無花粉の原因はスギ *TKPR1* 遺伝子の 1 塩基の違い (1 塩基置換) であることが明らかになった。

8. 発表雑誌

国際誌に投稿中。以下 URL からプレプリントを読むことができます。

<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2022.03.17.484665v1>

9. 注意事項

本研究は、科学研究費補助金（19K05976）、森林総研交付金プロジェクト（#201421, #201906）、基礎生物学研究所共同利用研究（16-403, 17-405, 18-408）、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（JPJ007097）」（28013B）の支援によって行われました。

10. 問い合わせ先

角井宏行

E-mail: kakuihiroyuki@yahoo.co.jp

電話:080-7373-9586（携帯）

<現在の所属>

新潟大学 自然科学系（農学部）

〒950-2181 新潟県新潟市西区五十嵐二の町 8050 番地 新潟大学 農学部

<4 月以降の所属>

京都大学大学院 農学研究科 農学専攻 育種学研究室

〒606-8502 京都市左京区北白川追分町

京都大学吉田キャンパス北部構内 農学・生命科学研究棟 5 階 505

11. 用語説明

ゲノム: A、T、G、C の 4 つの塩基から構成される DNA 配列で、生命の設計図。ゲノムは植物種によって大きく異なり、シロイヌナズナでは約 1 億 2500 万塩基からなる一方で、スギは 100 億塩基以上で構成されている（ちなみに私たちヒトのゲノムサイズは約 30 億塩基）。一般的にゲノムサイズが大きくなるほど原因の特定は難しくなる。

花粉: 植物のおしべで生産される雄性配偶体で、めしべに受粉し卵細胞と受精することで種子ができる。穀物生産や果実形成に基本的に必須の細胞で私たちの生活に欠かせないものである。一方でスギ、ブタクサ、オーク、イネ科植物などさまざまな植物の花粉によって引き起こされる花粉症は世界中な問題にもなっている。

無花粉スギ: 花粉発達過程に異常があるなどにより花粉が生産されないスギ。新潟大学では 20 年以上前から無花粉スギに注目し、4 種類の無花粉スギ遺伝子座（*MS1*~*MS4*）に支配される無花粉スギ系統を野外集団から発見してきた。

MS: MALE STERILITY（雄性不稔）の略。雄性不稔は雄性器官（おしべや花粉など）に異常が生じて正常な花粉形成がされず、無花粉になる現象。

TKPR1 遺伝子: TETRAKETIDE α -PYRONE REDUCTASE 1 という酵素をコードする遺伝子。モデル植物であるシロイヌナズナとイネでこの遺伝子は花粉壁の発達に必須であることが知られており、この遺伝子が機能しないと花粉発達過程で異常が生じて最終的に無花粉になる。

1. 話題

植物におけるオス・メス個体のバランスを決める仕組みを解明

2. 講演タイトル

カキ属の性染色体ランダム不活化から生じる配偶子接合後の性比異常

3. 発表者

赤木 剛士^{1,2}、菅野 茂雄³、Deborah Charlesworth⁴、Luca Comai⁵、Isabelle M. Henry⁵

(1. 岡山大学大学院・環境生命科学、2. JST-さががけ、3. AIST・生物プロセス、4. エディンバラ大学・進化生物学、5. カリフォルニア大学デービス校ゲノムセンター)

4. 発表概要

- ・カキ（柿）を含むカキ属植物において、オス・メス個体の存在比に歪みをもたらす遺伝子とその仕組みを解明しました。
- ・カキ属マメガキにおけるオス個体の半分は、性別を決定する「性染色体」に後天的な機能不全を起こして種子の段階で致死となることを解明しました。
- ・「オス・メスの割合」は生物の進化に非常に重要ですが、植物においてその詳細な仕組みが分かったのは今回が初めてとなります。

5. 発表内容

私たちの研究グループは植物における性別決定の仕組みの解明に取り組んでおり、カキ（柿）やキウイフルーツにおける性別決定遺伝子や、それらの遺伝子が存在する性染色体の進化についての研究を行っています。今回、植物では初めて性別決定遺伝子が発見されたカキ属植物において、オス・メスの存在比に歪みが生じていることに着目し、その仕組みを解明するための研究を行いました。オス・メスのバランスが変化することは生物全般の進化に深く関わっており、一般的な状況では「メスが多い」ことが有利になる可能性が高いという理論も提案されています。これまで動物における研究が進んでおり、主に精子形成の際の性染色体の分配がオス・メス間のバランス決定に重要であることが示されていますが、植物では全く知見がありませんでした。今回の解析の結果から、カキ属植物では動物とは全く違った仕組みでオス・メス間のバランスの歪みを決めていることが明らかになり、動物のような性染色体の分配ではなく、オス個体の半分が性染色体の分配後に後天的な機能不全を生じて致死となることを明らかにしました。これは、母親由来の X 染色体の半分がエピジェネティック制御（注 1）によって働かなくなることで、生まれてくるオス個体（X 染色体を母親から、Y 染色体を父親から引き継ぐ）の半分が種子の段階から成長しなくなるという仕組みによるものです（図 1）。興味深いことに、この「母親の X 染色体の半分が働かない」という現象は動物でも共通して見られる「遺伝子量補償」（注 2）というものです。動物と植物では共通した生命原理を持ちながら、その繁殖やエピジェネティック制御の仕組みに大きな差があることで、全く異なったオス・メスのバランス決定を行っているのかもしれません。

オス・メスの存在比は生物の進化だけではなく、特に作物の育種・栽培においても重要であり、今回の発見を基礎としてオス・メスの割合を自由に制御できる技術を発展させていく可能性を検討しています。

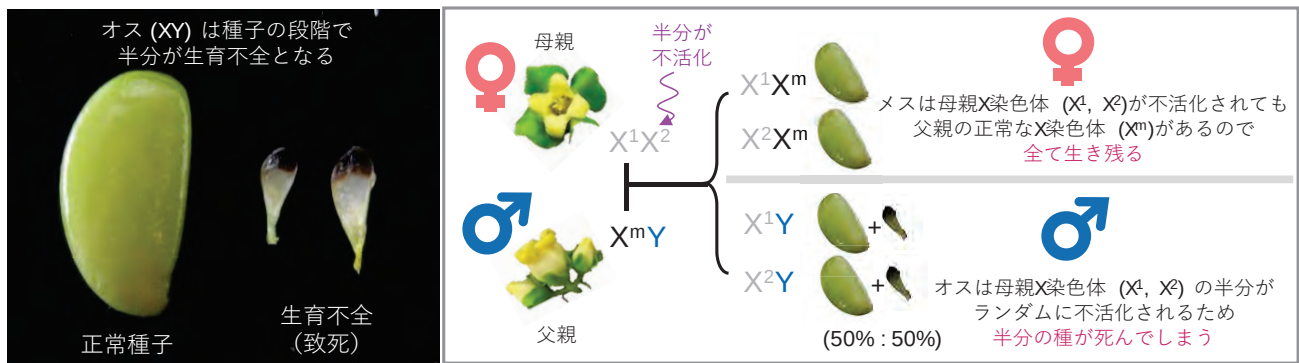


図 1: オス（性染色体型が XY）は種子の段階で半分の個体が生育不全を示す（左）。これは右図に示すように、母親由来の X 染色体の片方がランダムに不活化される結果、その不活化した X 染色体を引き継いだオス個体が種子の発達段階で死んでしまうからである。一方、メス個体は、必ず父親由来の正常に機能する X 染色体を引き継ぐため、母親から引き継いだ X 染色体が機能しなくても問題なく生存する。

6. 発表雑誌

投稿準備中

7. 注意事項

本研究は、科学技術振興機構（JST） 戦略的創造研究推進事業 さきがけ「フィールドにおける植物の生命現象の制御に向けた次世代基盤技術の創出（研究総括：岡田 清孝）」における研究課題「カキ属をモデルとした環境応答性の性表現多様化機構の解明（JPMJPR15Q1）」（研究者：赤木剛士、研究期間：2015 年 12 月～2019 年 3 月）、さきがけ「植物分子の機能と制御（研究総括：西谷 和彦）」における研究課題「ゲノム・遺伝子倍化が駆動する植物分子の新機能の探索とデザイン（JPMJPR20D1）」（研究者：赤木剛士、研究期間：2020 年 12 月～2024 年 3 月）、新学術領域「植物新種誕生の原理」における「植物における性表現の揺らぎを成立させる進化機構（19H04862）」（研究者：赤木剛士、研究期間：2019 年 4 月～2021 年 3 月）を受けて実施しました。

8. 問い合わせ先

岡山大学学術研究院 環境生命科学学域 植物機能開発学コース

研究教授 赤木 剛士（あかぎ たかし）

9. 用語説明

（注 1）エピジェネティック制御

DNA の配列変化によらない遺伝子発現を制御・伝達する仕組みであり、メチル化など DNA 修飾を行う（目印を付ける）ことで遺伝情報に対して後天的な影響を持つことが出来る。

（注 2）遺伝子量補償

性染色体上の遺伝子における発現量がオスとメスの間で同じになるように調節されていること。哺乳類ではメスは X 染色体を 2 本有するため、そのうちの 1 本がランダムに不活化している。