

同時発表：農政クラブ、農林記者会、農業技術クラブ、文部科学省記者会、千葉県政記者会、千葉民間放送テレビ記者クラブ、木更津記者クラブ、岡山大学記者クラブ、筑波研究学園都市記者会、九州沖縄各県・県政記者クラブ、日本農業新聞九州支所



## 高次倍数体農作物の農業形質を遺伝的に解析する手法を開発しました

～高収量などを目指した育種が可能に～

6月1日(月)にG3: Genes, Genomes, Geneticsでオンライン発表

令和2年6月24日

公益財団法人 かずさDNA研究所

国立大学法人 岡山大学

国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構(農研機構)

- ◇ かずさDNA研究所、岡山大学、農研機構九州沖縄農業研究センターは共同で、高次倍数体農作物における果実の大きさや収量などに関わる遺伝解析法を開発しました。
- ◇ 高速で低コストに大量のDNA配列を解析できる次世代シーケンサーの普及により、農作物でも、それぞれの品種がもつDNA配列の違いを利用した育種が行われるようになってきましたが、高次倍数体農作物への応用はあまり進んでいませんでした。
- ◇ 今回新たに開発した手法により、高次倍数体でも対立遺伝子の頻度から算出した各対立遺伝子の存在確率により、遺伝解析ができるようになりました。
- ◇ コムギ、サツマイモ、ラッカセイ、イチゴなど多くの高次倍数体に適用が可能な解析技術であることから、さまざまな主要作物の品種改良への応用が期待されます。
- ◇ 研究成果は、国際学術雑誌G3: Genes, Genomes, Geneticsにおいて6月1日(月)にオンライン公開されました。

(問い合わせ先)

<報道に関すること>

公益財団法人かずさDNA研究所 広報・研究推進グループ

TEL: 0438-52-3930

国立大学法人 岡山大学 総務・企画部広報課

TEL: 086-251-7292

国立研究開発法人農研機構 九州沖縄農業研究センター地域戦略部

研究推進室 広報チーム

TEL: 096-242-7530

<研究に関すること>

かずさDNA研究所 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

岡山大学大学院環境生命科学研究科(農) ゲノム遺伝解析学研究室

准教授 門田 有希(もんでん ゆき)

TEL: 086-251-8354

農研機構 九州沖縄農業研究センター

グループ長 田中 勝(たなか まさる)

TEL: 0986-24-4274

## 1. 背景

ゲノム<sup>\*1</sup>解析技術の向上により、トマトやイネなど主要な野菜や穀物のゲノムが解析され、その情報を生かした育種が行われるようになってきています。イネなどのように、両親からそれぞれ受け継いだ1対のゲノムを持つ二倍体の作物では、ゲノム情報を用いた育種が行われるようになってきています。まずは花の色などのように単一の遺伝子が支配し、形質がメンデル遺伝する「質的形質」がDNA情報を用いた育種のターゲットになりました。そして、その後の技術の進歩により、植物体の大きさや、果実の色や形など、複数の遺伝子の効果の総和によって支配されることが多い「量的形質」と呼ばれる農業形質についても統計遺伝学的解析により予測ができるようになり、収量の多い品種の育成などに用いられています。

しかし、コムギ、バレイショなどの栽培作物の多くは、ゲノムを2対もつ四倍体や3対もつ六倍体などの高次倍数体<sup>\*2</sup>です。高次倍数体は植物体全体が大きくなり、環境適応性が高いなどの有用な特徴を持っていますが、ゲノムの量が多く、ゲノムの解析は行われているものの、充分活用されているとはいえません。

これまで研究グループでは、高次倍数体の遺伝解析<sup>\*3</sup>のために、対立遺伝子の有無に着目した解析手法を開発して、キクの花の色やサツマイモの線虫抵抗性などの「質的形質」を支配する遺伝子を明らかにしてきました。しかしながら、「量的形質」に関する遺伝子については二倍体作物に比べて格段に複雑になるために、解析はあまり進んでいません。

そこで本研究では、統計遺伝学的解析をさらに進めて、少ないデータからでも遺伝解析を行うことができる、ngsAssocPoly（エヌジーエス・アソク・ポリ）法の開発を行いました。

この研究でかずさDNA研究所は、研究計画の立案と全体のとりまとめ、塩基配列データの取得とゲノム情報解析、及び遺伝解析の部分を、岡山大学と農研機構九州沖縄農業研究センターは遺伝解析用の植物材料の作成を担当しました。

## 2. 研究成果の概要と意義

- ① 従来の高次倍数体の解析では、対立遺伝子の数を正確に決めることを目的としていたことから、コストのかかる大規模な実験を要しました。今回開発した方法では、次世代シーケンサー<sup>\*4</sup>が検出する対立遺伝子の頻度から各対立遺伝子の存在確率を算出することにより、その確率に基づいて遺伝解析を行います。この統計手法を確立することによって、対立遺伝子の数が正確に決められなくても、高い精度で遺伝解析が出来るようになりました。
- ② この方法を用いて、六倍体であるサツマイモで遺伝解析を行ったところ、量的形質であるサツマイモのつるの長さ（節間長）が、対立遺伝子の数に依存して変化することを明らかにしました。
- ③ さらに解析により、DNAマーカー解析により個々の対立遺伝子の数を正確に算出するよりも、ddRAD-seq法<sup>\*5</sup>（2016年3月4日にかずさDNA研究所よりプレスリリース）などによりゲノム全体を網羅するデータを取得する方が、高次倍数体の遺伝解析に有用であることを見出しました。
- ④ gnsAssocPoly法のソフトウェアは以下のリンクから無償で利用可能です。  
<https://github.com/yame-repos/ngsAssocPoly>

### 3. 将来の波及効果

本研究で開発した ngsAssocPoly 法は、多くの高次倍数体に適用することが可能なことから、さまざまな主要作物の品種改良への応用が期待されます。

**論文タイトル:** Genetic Mapping in Autohexaploid Sweet Potato with Low-Coverage NGS-based Genotyping Data.

**著者:** Eiji Yamamoto, Kenta Shirasawa, Takumi Kimura, Yuki Monden, Masaru Tanaka and Sachiko Isobe

**掲載誌:** G3: GENES, GENOMES, GENETICS

**DOI:** 10.1534/g3.120.401433

本研究の一部は、JSPS 科研費 15H04441 の助成を受けて実施されました。

#### 用語解説

\*1 ゲノム：生物をその生物たらしめるのに必要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 高次倍数体：ゲノムを複数持つ個体のこと。ヒトを含む多くの動物は、母親と父親から1組ずつ2組のゲノムを受け継ぐ二倍体だが、植物には4組のゲノムをもつ四倍体や、6組のゲノムをもつ六倍体などさまざまな高次倍数体がある。倍数体は、体が大きくなるなど農業で役に立つ形質を持つことから、栽培種に多くみられる。コムギのように3種の異なる植物種由来の6組のゲノムを持つ異質六倍体と、サツマイモのように、ほぼ同じ6組のゲノムをもつ同質六倍体がある。同質倍数体は二倍体や異質倍数体に比べて複雑な遺伝様式をとる。

倍数性	生物	
二倍体	ヒト、イネ、	
高次 倍数体	四倍体	バレイショ、ラッカセイ、セイヨウナタネ、
	六倍体	コムギ、サツマイモ、キク、カキ(柿)、キウイ、
	八倍体	イチゴ

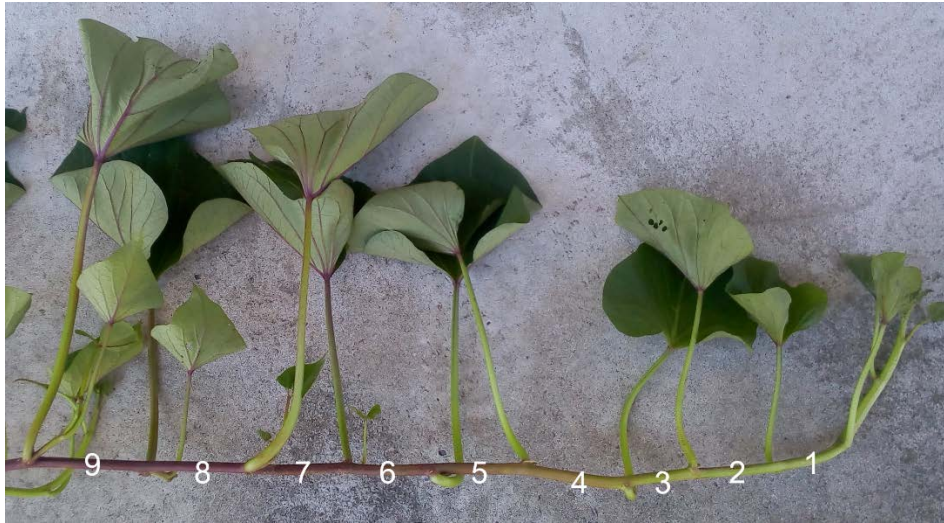
\*3 遺伝解析：品種や個体をもつ形質（表現型）をもたらすゲノム領域を推定する方法。古くは交配後の子孫における表現型の分離パターンから原因となる遺伝子の変異がある領域を推定していたが、次世代シーケンサー（次項）により、人為的な交配を経ずとも解析が可能になった。

\*4 次世代シーケンサー：ランダムに切断された DNA 断片の塩基配列解析（シーケンス）を超並列的に決定する装置により、高速かつ低コストで配列データを得ることが可能になった。2005年に最初の機種が登場した。

\*5 ddRAD-seq 法：2種類の制限酵素でゲノムを切断し、両端が別々の制限酵素で切断された断片のみを次世代シーケンサーで解析するというもので、ゲノムの0.1~1%を株や品種が違ってても、ゲノム上の同じ領域を再現性良く読むことができ、塩基配列の違いを容易に比較することができる。

参考となる図や写真

写真：サツマイモの茎の全長を測定し、節の数（写真では9個）で割って、平均の節間長を算出する。



図：対立遺伝子と形質との関係

