



平成24年10月15日
国立大学法人岡山大学
独立行政法人農業生物資源研究所

オオムギのゲノム配列の詳細な解読に成功 —ムギ類の品種改良の加速化に期待—

ポイント

- ・ 岡山大学と生物研が参加した国際コンソーシアムは、オオムギの51億個の塩基からなるゲノム塩基配列の詳細な解読に成功しました。
- ・ ゲノム塩基配列を解析してオオムギの様々な特徴を決定する遺伝子を26,159個同定しました。
- ・ 本成果により、オオムギのゲノム情報を利用した育種が可能になり、ムギ類の品種改良の加速化が期待されます。

概要

1. 2006年に国際オオムギゲノム配列決定コンソーシアム（IBSC）が結成され、オオムギのゲノム解読を行ってきました。我が国からは岡山大学資源植物科学研究所（岡山大学）と（独）農業生物資源研究所（生物研）が参加しています。

2. 今回、IBSCでは米国のビール用オオムギ品種である「Morex」のゲノム塩基配列解読を終了し、全体で51億個の塩基からなるオオムギのゲノム塩基配列のうち、98%に相当する49.8億個の解読に成功しました。

3. 解読されたMorexのゲノム塩基配列から、さまざまなオオムギの形質を決定する遺伝子を26,159個同定しました。この研究では、岡山大学と生物研が、遺伝子配列とゲノム塩基配列を比較することで遺伝子の位置の正確な同定に貢献しました。

4. Morexの配列と栽培オオムギや野生オオムギのゲノム塩基配列とを比較したところ、合計35万個の遺伝子の配列の違いを見つけました。この研究で岡山大学は、我が国のオオムギ栽培品種「はるな二条」のゲノム塩基配列を解読し、育種に役立つDNAマーカーの作出に貢献しました。

5. 今回、オオムギの詳細なゲノム塩基配列が明らかになったことにより、コムギを含めたムギ類全般において、ゲノム情報を利用した育種が可能になり、病害抵抗性や多収性等を目指した品種改良が加速すると期待されます。

6. これらの成果は、10月17日付けの科学雑誌Natureに発表される予定です。

予算区分：

岡山大学；生研センター「新技術・新分野創出のための基礎研究推進事業」（H18-22年度）、文部科学省「ナショナルバイオリソースプロジェクト」（H24-28年度）

生物研；農林水産省委託プロジェクト「新農業展開ゲノムプロジェクト」（H20-24年度）

問い合わせ先など

研究機関代表者： 国立大学法人岡山大学長 森田 潔
研究代表者： (独)農業生物資源研究所理事長 石毛 光雄
研究推進責任者： 岡山大学資源植物科学研究所 教授 佐藤 和広
電話：086-434-1244 E-mail:kazsato@rib.okayama-u.ac.jp
元 (独)農業生物資源研究所 農業生物先端ゲノム研究センター
作物ゲノム研究ユニット ユニット長 松本 隆
研究責任者： (独)農業生物資源研究所農業生物先端ゲノム研究センター
ゲノムインフォマティクスユニット 主任研究員 田中 剛
電話：029-838-7065 E-mail:tstanaka@affrc.go.jp
広報担当者： 岡山大学総務・企画部企画・広報課
電話：086-251-7292
広報担当者： (独)農業生物資源研究所 広報室長 井濃内 順
電話：029-838-8469

本資料は岡山大学記者クラブ加盟各社、文部科学記者会、科学記者会、筑波研究学園都市記者会、農政クラブ、農林記者会及び農業技術クラブに配付しています。

研究の背景と経緯

生物の細胞には、その生物の形や性質を決定するための設計図が存在し、これを「ゲノム」と呼びます。ゲノムの実体は **DNA (デオキシリボ核酸)**¹⁾ であり、DNA は親から子へ受け継がれて遺伝します。DNA は4種類の塩基 (アデニン:A、チミン:T、グアニン:G、シトシン:C) が数個から数十億個も並んだ構造をとります。この塩基の配列の一部がタンパク質に翻訳されて、酵素などとして生体内で機能します。この DNA 中の塩基の並び順 (ゲノム塩基配列) を作物ごとに解読し、農業上有用な **遺伝子**²⁾ を発見し、品種改良に活用していく取り組み (ゲノム育種) が世界的に進められており、我が国が中心となって解読したイネを始め、ダイズ、トウモロコシなど多くの作物のゲノム塩基配列が解読されてきました。このような中、オオムギは、世界でコムギ、イネ、ダイズ、トウモロコシに次ぐ生産量をもつ主要作物であります。イネ (4 億個) の約 13 倍に相当するゲノム塩基配列 (51 億個) を有し、またその大部分が技術的に解読困難な繰り返し配列により構成されているため、これまでごく一部の配列しか解読されていませんでした。

研究の内容・意義

オオムギのゲノムの塩基配列解読を目的として、日本 (岡山大学と生物研が参画) を含む6カ国で構成される「国際オオムギゲノム配列決定コンソーシアム (IBSC)」が2006年に結成され、ゲノム塩基配列解読を進めました。

最初に、ドイツと米国が中心となり、超高速ゲノム解読装置 (シーケンサー) を駆使して、2009~2011の3年間で米国のビール用オオムギの標準品種である「Morex」のゲノム塩基配列の解読に成功しました。過去にイネ国際コンソーシアムによるイネゲノムの解読には7年間に要したことを考えると、配列解読技術は大きく進歩していると言えます。オオムギのゲノムは約51億個の塩基からなると推定されていますが、今回解読された Morex のゲノム塩基は、このうちの98%に相当する49.8億個です。さらに詳しい解析の結果、解読されたゲノム塩基配列のうち84%は**転移因子**³⁾、**単純繰り返し配列**⁴⁾ 等の特定の配列が数回から数千回繰り返して存在することがわかりました。通常、繰り返し配列領域には遺伝子が存在しないと考えられているので、残りの16%にオオムギの形質を決定する遺伝子が存在していることとなります。

次に、我が国とドイツにより、Morex のゲノム塩基配列を、他の作物の遺伝子情報と比較することなどにより、オオムギの遺伝子を26,159個同定しました。この中で岡山大学と生物研は、「はるな二条」の**完全長 cDNA**⁵⁾ を作成し、Morex のゲノム塩基配列と比較することにより、その遺伝子がゲノム中のどこに位置するのかを正確に決定することにより、遺伝子同定に大きく貢献しました。

最後に、各国で4種類の栽培オオムギ品種および1種類の野生オオムギのゲノム塩基配列を解読し、Morex の配列と比較して、合計1500万個に上る**一塩基置換多型**⁶⁾ を発見しました。これらは、今後オオムギの **DNA マーカー**⁷⁾ 選抜育種を進める上でゲノム上のマーカーになります。またこの1500万個の多型の位置を26,159個の遺伝子の位置と比較したところ、35万個の多型が遺伝子中にあることがわかりました。これらの多型の一部がそれぞれのオオムギの形や性質の差を決めていることが示唆されました。この研究では、岡山大学が、我が国の優良品種である「はるな二条」のゲノム塩基配列を解読し、Morex や他の品種の塩基配列と比較することで多型の検出に

貢献し、同時に我が国の育種に役立つ DNA マーカーの作出に結びつきました。

オオムギの詳細なゲノム塩基配列の解読は世界で初めてです。イネ科の共通先祖から、ムギ類がどのようにして進化してきたのか？ オオムギのゲノム塩基配列をイネ、トウモロコシなど他のイネ科作物のゲノム塩基配列と比較することで、その謎に迫れると期待されます。

今後の予定・期待

今後もオオムギゲノム配列を完全に決定するため、国際コンソーシアムとして活動を継続していく予定です。一方で、ムギ類に属する作物（パンコムギ、マカロニコムギ、オオムギ、ライムギ）では、それぞれの遺伝子の塩基配列の共通性が高いと考えられています。このため、今回の研究成果は、オオムギだけでなく、ムギ類全般の遺伝子の構造や機能の解明につながると期待されます。また多くの配列多型情報から、ゲノム育種に必要な DNA マーカーを多数作出することが可能となり、これらを用いて病気に強いムギ、穂発芽しにくいムギ、収量の多いムギ等、我が国の麦の自給率の向上につながる新品種の開発が期待されます。

発表論文

The International Barley Genome Sequencing Consortium. (2012) **A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome.** Nature DOI:10.1038/nature11543

用語集

1) DNA (デオキシリボ核酸)

DNA の単位は糖（デオキシリボース、図では D）、リン酸（図では P）からなる基本骨格と、4種類の塩基（A=アデニン、T=チミン、G=グアニン、C=シトシン）部分から構成されます。各塩基は糖とリン酸を介してつながって長い鎖状になっており、また生体中の DNA は通常は2本の鎖から構成されるらせん状の（図参照）構造をとっています。

DNA では4種類の塩基 A、T、G、C の並び順（配列）が重要であり、この配列の一部が遺伝子となります。

2) 遺伝子

「メンデルの法則」で有名なメンデルが、親から子へ受け継がれていく遺伝物質として仮定した因子であり、実際にはゲノム塩基配列の一部を指します。細胞中のタンパク質を構成するアミノ酸の配列は遺伝子の塩基配列が決めています。このため遺伝子はタンパク質の設計図であり、タンパク質がいろいろな機能を発揮することを通じて生物の形質を決定するものです。

3) 転移因子

ゲノム中における遺伝子の位置は基本的に変わる事はありませんが、例外として、ゲノム中を動き回る特別な DNA の単位が存在し、これを「転移因子」と呼びます。転移因子は、転移のための酵素（転移酵素）の遺伝子を配列中にもち、これによってゲノム中を移動することができます。例としては、細菌の抗生物質耐性因子や、トウモロコシの斑入りの原因となる因子があります。生物には転移因子が多く存在し、たとえばヒトゲノムのうち 40%、イネゲノムのうち 35%が転移因

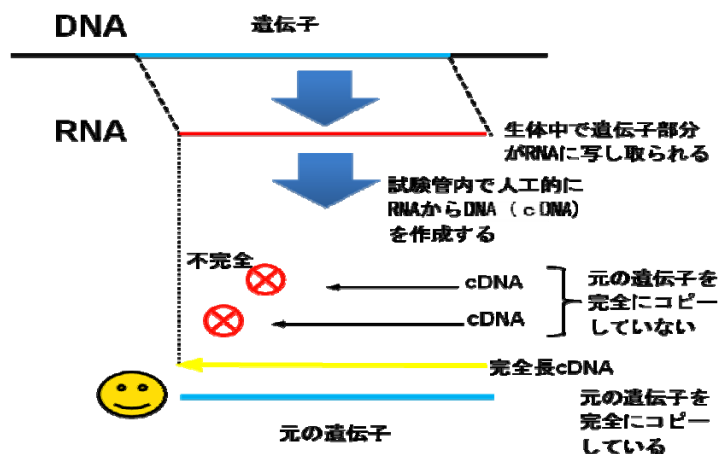
子によって占められています。

4) 単純繰り返し配列(SSR)

AT や CA など 2 から 4 塩基の短い配列が、数回から 100 回くらい直列に繰り返す配列 (----ATATATATATATAT----など) のことです。単純繰り返し配列はゲノム中では 1000 塩基程度に 1 個程度と、かなり高頻度で存在します。同じ種においても品種毎に繰り返し回数が異なるため、この差を利用して品種識別等に利用されています。

5) 完全長 cDNA

cDNA とは相補的 DNA (complementary DNA) の略です。遺伝子が働く際、DNA は細胞の中で遺伝子部分だけがいったん別の種類の核酸である RNA (リボ核酸) に写し取られ、この RNA を設計図にしてタンパク質が合成されます。cDNA はこの中間体である RNA の塩基配列を人工的にコピーした DNA のことで、天然には存在しません。cDNA のうち遺伝子の全ての部分をコピーしたものを特に完全長 cDNA と呼びます (下図参照)。完全長 cDNA は、元の遺伝子の完全なコピーであるため多くの利用法があり、たとえば完全長 cDNA を大腸菌等に導入して発現させるとタンパク質を大量に得ることができます。完全長 cDNA は我が国で開発された技術で、ヒト、マウス、イネ等でもゲノム塩基配列から遺伝子を同定するために利用されています。本研究においても完全長 cDNA の塩基配列とオムギのゲノム塩基配列とを比べる事によって、ゲノムのどこにいくつの遺伝子が存在するかを正確に予測することができました。



6) 一塩基置換多型 (SNP)

生物種の集団 (たとえば日本イネ) の中でゲノム塩基配列の同じ位置の塩基 (A、T、G、C) が 1 塩基だけ異なる多様性がみられる場合 (たとえば日本晴品種では AACGG のところがコシヒカリが AAGGG となっている)、この変異のことを一塩基置換多型 (SNP) と呼びます。ヒトではこの SNP が各個人のゲノム間に存在するため、その中には「個人差」を決める多型があると考えられ、医学では個人毎の薬の効きやすさ、生活習慣病になりやすさを決める遺伝子の研究等に利用されています。作物育種においても、複数の品種のゲノム配列を解読し、比較すると膨大な数の SNP を見つけることができるため、非常に多くの DNA マーカー (7 参照) を作出することができます。最近では SNP マーカーを用いて、遺伝子を

迅速に識別でき、また判別精度の高いマーカーによる育種が可能となりました。

7) DNAマーカー

作物や家畜の育種を行う際に、有用な形質を持つ個体を選んでくる必要があります。この選抜作業は、従来は個体を育成し、例えば病気に強い品種を育種する場合には、実際に病原菌を植物体に接種し、病気に対する抵抗性を調べたり、良食味品種を育種する場合には、実際に食味を検定するなど、形質そのものを指標にして（これを形質マーカーと呼びます）選抜していたのですが、これには多大な労力と時間がかかりました。一方、有用な形質は遺伝子の働きの結果として表れることから、遺伝子の塩基配列の一部を形質の目印として利用する技術が開発されました。この目印をDNAマーカーと呼び、DNAマーカーを利用した選抜育種技術をDNAマーカー（選抜）育種技術と呼びます。目印として利用されるDNA配列としては、4で説明した単純繰り返し配列や5で説明した一塩基置換多型が用いられます。DNAマーカー育種は従来の育種法と比べて（1）幼苗段階で遺伝子の有無が判定できるため、選抜に要する時間と手間を省くことができる、（2）遺伝子そのものを指標に選抜するため、有用形質と一緒にゲノム上で近くにある不良形質と一緒に導入してしまうリスクが少なくなる、などの利点があり、これらを利用して、実際にイネの育種にかかる時間を1/3程度に短縮したり、いもち病抵抗性の遺伝子とごく近くにある味を悪くする遺伝子の切り離しに成功しています。