

令和 5 年 3 月 8 日

品種改良に重要な遺伝子座探索の効率化に成功！

温故知新 -先人の調査データを現代の育種に活かす-

食農学類附属発酵醸造研究所の菅波真央特任助教と松岡信特任教授を中心とした研究グループは、農業上有用な形質を制御する遺伝子座（遺伝子のゲノム上の位置）を効率的に同定するために、これまでに農業試験場や育種家などによって長年にわたり蓄積されてきた農業形質データを活用する手法を提案しました。本研究による農業遺伝子座探索の効率化は、品種改良の選択肢を広げ、多様な新品種育成に繋がることが期待できます。本成果は米国植物生理学会誌『Plant Physiology』にて2月7日に公開されました。

本研究は、日本学術振興会科学研究助成事業の基盤研究（B）、若手研究、ならびに福島大学重点研究分野 foR-F プロジェクトの助成を受けたものです。

【本研究のポイント】

- ・ 着目する農業形質の違いとゲノム情報を関連づけるゲノムワイド関連解析（GWAS）は、品種改良に重要な農業形質を制御する遺伝子座の探索手法として注目されている。
- ・ しかしながら、GWASによる遺伝子座の同定には、多数の品種の栽培や形質調査が必要となり、多大な時間と労力を要する。
- ・ 一方で、これまでの品種改良の過程で、多くの品種について、膨大な形質に関するデータ（レガシーデータ）が蓄積されているが、その多くは利用されていない。
- ・ 日本のイネ 198 品種（コシヒカリ、ササニシキ等）を対象にレガシーデータを用いて GWAS を行い、酒造りの適性に関わる『心白の大きさ』など、農業上重要な形質に関する新規の遺伝子座を見つけた。
- ・ レガシーデータはイネのみならず、様々な作物種（ダイズ、トウモロコシ等）についても蓄積されており、幅広く利用可能な手法である。

【研究の背景】

食農学類附属発酵醸造研究所（令和 3 年 4 月開設）は、発酵醸造プロセスに関する研究だけでなく、イネやダイズなどの発酵醸造の主原料となる作物の栽培や新品種開発に関連した研究から食・健康との関連まで、幅広く新たな視点からの先端研究を遂行し、発酵醸造研究をリードする研究成果を世界に発信することを目指しています。

品種改良において、農業上有用な形質を制御する遺伝子座の探索は効率的な育種にとって非常に重要です。近年、様々な品種の全ゲノム情報を解読し、着目する形質の品種ごとの違いとゲノム情報を統計的に関連づけるゲノムワイド関連解析（GWAS）が遺伝子座同定に有効な手法として注目されています。しかしながら、多数の品種を栽培して形質調査を行い、さらにデータの再現性確認のために複数年に渡って調査を行うため、多くの時間と労力を要します。

【研究の成果】

日本では19世紀末に初めての公設農業試験場が開設されて以来、育種によって様々な品種が作られてきました。品種改良の過程では、その品種の個性を見極めるため、様々な形質について調査が行われます。このような育種家や試験場の人々が調査し積み上げてきたデータ（レガシーデータ）を有効活用すれば、未利用な遺伝子座の探索を効率良く行えるのではないかと考えました。

国立の農業試験場を起源とする農研機構には、様々な作物種の多様な品種を保管・配布する農業生物資源ジーンバンクという組織が存在し、そこで多様な作物の品種ごとの形質データ（開花日、草丈、収量等）が公開されています。そこでこの公開データを自分たちの研究に利用することにしました。具体的には、私たちの研究グループで全ゲノム情報を解読した日本水稲198品種について、ジーンバンクが公開している形質データを用いて、各品種間の形質の違いを生み出すゲノム領域を統計的に見つけ出す手法（GWAS）を適用しました。図1は『モチ米』を決定する遺伝子座を見つげ出した例で、染色体6番の赤矢印の位置にモチ性をもたらす遺伝子座が存在することを示しています。同様の手法によって、栽培地域の適性に関わる『出穂期』や、酒造りの適性に関わる『米粒や心白のサイズ』について、これまでに報告されていない新規の遺伝子座を発見しました。

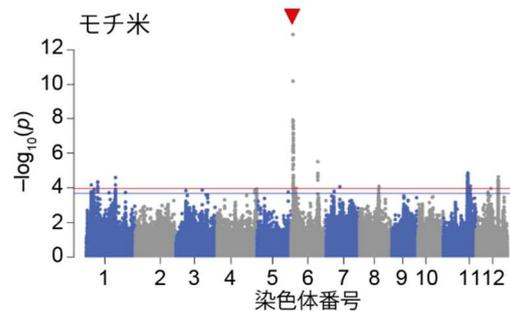


図1. GWASによる遺伝子座の同定. 統計的に関連が高い遺伝領域を探索し遺伝子座を同定する.

【成果の意義】

本研究で提案した手法による遺伝子座探索の効率化は、品種改良の効率化や選択枝を広げ、多様な新品種育成に繋がることが期待できます。

また、農研機構ジーンバンクには、イネだけではなく、ダイズやトウモロコシといった作物や、モモなどの果樹、野菜など様々な植物種のデータが公開されており、本研究の手法はイネ以外の様々な植物にも応用可能です。

【掲載誌・論文】

・掲載誌：『Plant Physiology』(Oxford University Press)

・公開：令和5年2月7日

・論文タイトル：Effective use of legacy data in a genome-wide association studies improves the credibility of quantitative trait loci detection in rice (ゲノムワイド関連解析におけるレガシーデータの有効利用はイネの量的遺伝子座検出の信頼性を高める)

・著者：菅波真央¹，小島創一²，Fanmiao Wang³，吉田英樹¹，三浦孝太郎⁴，森中洋一⁴，渡辺正夫⁵，松田幹¹，山本英司⁶，松岡信¹

・著者の所属：

1. 福島大学食農学類附属発酵醸造研究所
2. 東北大学大学院農学研究科
3. 名古屋大学生物機能開発利用研究センター
4. 福井県立大学生物資源学部
5. 東北大学大学院生命科学研究科
6. 明治大学農学研究科

(お問い合わせ先)

食農学類附属発酵醸造研究所・特任助教 菅波 真央

電話：024-504-2837

メール：mao.suganami@agri.fukushima-u.ac.jp