

参考資料

開発の社会的背景

日本のイネの品種改良には150年の歴史があり、その間に多くの品種が育成され、新たな品種に置き換わりながら今日に至っています。1956年に育成されたコシヒカリは開発から既に半世紀が経過した品種ですが、そのおいしさから日本人に愛され、30年に亘って日本一の栽培面積と生産量を維持しています。コシヒカリの持つ遺伝子の特徴を理解することは、日本に適したイネ品種を効率よく育成する上で極めて重要です。一方で、日本の近代イネ品種の系譜は農業試験場等の記録をもとに体系的に整理されており、品種の遺伝的な起源の探索や交配親としての価値を評価する上で有用な情報となっています。しかしながら、この系譜の中で特定の遺伝子がどのように祖先品種から現在の品種に伝わってきたのかは明らかになっていませんでした。

研究の経緯

近年、遺伝子配列を解読する技術が飛躍的に進展し、一つの生物種の全ゲノム塩基配列を解読して他の生物種と比較する研究から、一つの生物種内で形質が異なる複数の個体(品種や系統)の全ゲノム塩基配列を直接解読して種内の違いを比較する研究へと変わりつつあります。今回の研究で用いた新型シーケンサー(塩基配列解析装置)は、従来の数千倍の塩基配列の解読速度を持つため、これまでの技術では見出すことが極めて困難であった遺伝的に近縁な日本のイネ品種群内の塩基配列の違い(一塩基多型:SNP)を大量に検出することが可能になりました。さらにこの情報をもとに確立したSNPタイピングアレイ^{*2}という遺伝子型判定技術を活用することにより、近代育成品種のゲノムの構成を詳細に明らかにすることが可能となりました。これらの最新の手法を用いることにより、既存品種をかけ合せて有用な形質を積み上げていく交配育種において、実際にどのように遺伝子の混合が行われているのかを知ることができるようになりました。

研究の内容・意義

「コシヒカリの塩基配列の概要」

短く断片化した約1億8千万のコシヒカリDNA断片について、新型シーケンサーを用いて塩基配列を解読することによって、重複を含む合計59億塩基対のコシヒカリ塩基配列を明らかにしました。この配列を既にイネゲノム解読国際コンソーシアムが解読した日本晴の塩基配列3億8千万塩基対と照合することによって、イネの全ゲノム塩基配列の約80%にあたる3億600万塩基対のコシヒカリゲノム塩基配列を決定しました。残りの約20%は繰り返し配列や遺伝子の重複・欠失など染色体の構造が日本晴と大きく異なる領域でした。日本晴とコシヒカリの塩基配列の間には67,051個のSNPが存在し(図1)、平均で5,700塩基対に一つの違いが見られました。またこれらのうち3,352個は機能をもった遺伝子(1,077個)の内部に見出され、この2品種が持つ特徴の違いとの関連が示唆されました。

「コシヒカリのゲノムの起源と変遷」

67,051個のSNPの中からゲノムに均一に分散した1,917個を選び、その周辺配列情報を利用して塩基の違いを識別するタイピングアレイを作成しました。そして品種改良の歴史において重要とされる151品種のDNAについて、このタイピングアレイを用いて違いを調査しました(図2)。その結果、コシヒカリは朝日、亀の尾、愛国といった100年以上前の有名な品種を含む6種の在来品種からまとまったゲノム領域を受け継いでいることがわかりました。また、コシヒカリに次いで

栽培面積と生産量が多く、いずれもコシヒカリを親に持つひとめぼれ、あきたこまち、ヒノヒカリの3つの品種に伝達されたゲノム領域を抽出した結果、あきたこまちとひとめぼれはゲノムの80%を、ヒノヒカリは60%をコシヒカリと共有していることが明らかとなりました(図3)。また、これら4品種(日本の栽培面積と生産量の65%を占める)が共通に保有し、在来品種から受け継がれているゲノム領域が18か所見出されました(図3)。次に、151品種を育成年代別に3つのグループに分け、特定のゲノム領域あたりのDNA配列パターンの違いを調査したところ、在来品種群から最近の品種群に移行するにつれてパターン数、すなわち遺伝的多様性は減少しました。

以上の結果から、日本のイネ品種群は、品種改良によってコシヒカリの持つ遺伝子ばかりが導入され、遺伝的多様性が失われつつあると推定されました。

今後の予定・期待

既にある日本晴の全ゲノム塩基配列に加えて、今回コシヒカリの全ゲノム塩基配列が明らかになったことで、私たちが普段食べている身近なお米においてもDNA配列の違いを容易に見出すことができるようになりました。これにより品種識別の精度が飛躍的に高まり、植物品種保護やトレーサビリティの高精度化に貢献すると考えられます。また、ゲノムに刻まれた品種改良の歴史を浮かび上がらせることに成功し、私たちが日本のイネのどういう特徴(遺伝子)をこれまで栽培と改良によって選び続けてきたのかといった事実に迫ることが可能となります。さらに、遺伝的多様性が失われつつあることを明らかにした本手法は、逆に多様性を保ちながら品種育成を進める新しい育種法として利用することが可能となります。

以上のように、日本が国際的に多大な貢献をしたイネゲノム研究の新たな応用場面として、本研究手法及び得られた情報が品種改良の飛躍的な効率化に繋がることが期待できます。

発表論文

Yamamoto T., Nagasaki H., Yonemaru J., Ebana K., Nakajima M., Shibaya T., Yano M.

Fine definition of the pedigree haplotypes of closely related rice cultivars by means of genome-wide discovery of single-nucleotide polymorphisms.

BMC Genomics 2010, 11:267 (27 April 2010)

用語の解説

※1 SNP(一塩基多型)

Single Nucleotide Polymorphism の略称。複数の品種や系統の同じ領域のDNAを調べたときに、塩基配列がほとんど同じで一つの塩基だけ異なる場合、その異なる箇所をSNPと呼びます。DNA変異の中では最も頻度が高く、近年、多数のSNPを迅速かつ正確に決定する手法が開発されたため、品種や系統を識別するDNAマーカーとしての利用も進んでいます。

※2 タイピングアレイ

品種間のDNA変異を検出する方法としては、これまでは変異領域を含むDNA断片を増幅し、その断片の長さの違いを電気泳動等によって検出する方法が主体でした。それに対してSNP領域を含む短いDNA配列をひとつひとつ張り付けた極小の基板あるいはビーズを作成し、これと検体DNAを反応させ、レーザー光で塩基を識別することによりDNA変異を網羅的に検出する方法あるいは装置のことをタイピングアレイといいます。

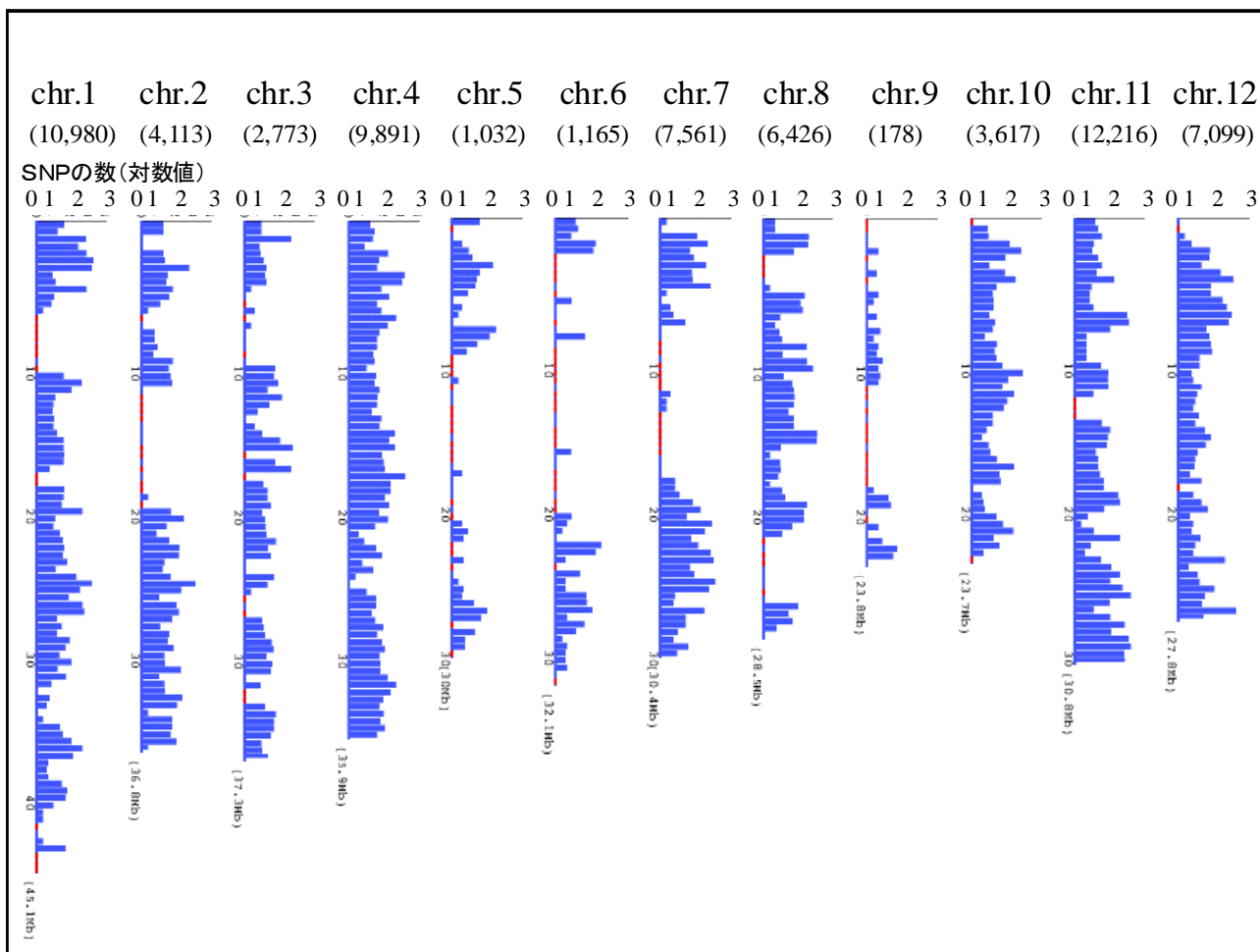


図1. コシヒカリと日本晴の間に見出された一塩基多型(SNP)の分布

今回解読されたコシヒカリの塩基配列と既に解読されている日本晴の塩基配列を比較してSNPを検出しました。縦棒は染色体を示し、染色体名の下に括弧内の数字は検出されたSNPの数を示し、青色の横棒はそれぞれの領域において検出されたSNPの数を対数値で表しています。オレンジで塗られた領域にはSNPがなく、コシヒカリと日本晴が非常に似た配列であることを示唆しています。

chr.1 chr.2 chr.3 chr.4 chr.5 chr.6 chr.7 chr.8 chr.9 chr.10 chr.11 chr.12

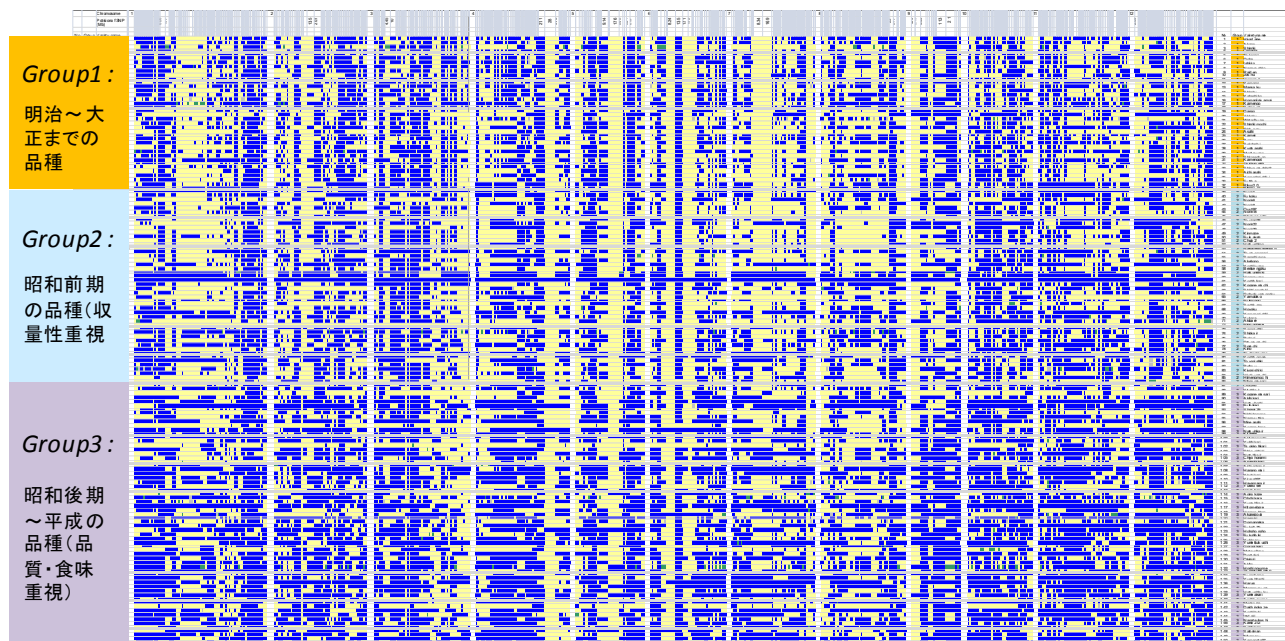


図2. 1917個のSNP情報をもとに推定した日本の栽培品種のゲノム構成

縦軸は品種を育成年代順に並べ、横軸は染色体(ゲノム)の位置を表します。黄色が日本晴と、青がコシヒカリと同じタイプを示します。新しい品種になるほど(上から下に行くほど)青の割合が増え、そのモザイクパターンが単純化する傾向にあります。このことから、品種改良によってコシヒカリの持つ遺伝子が多く導入されてきていると推定されました。

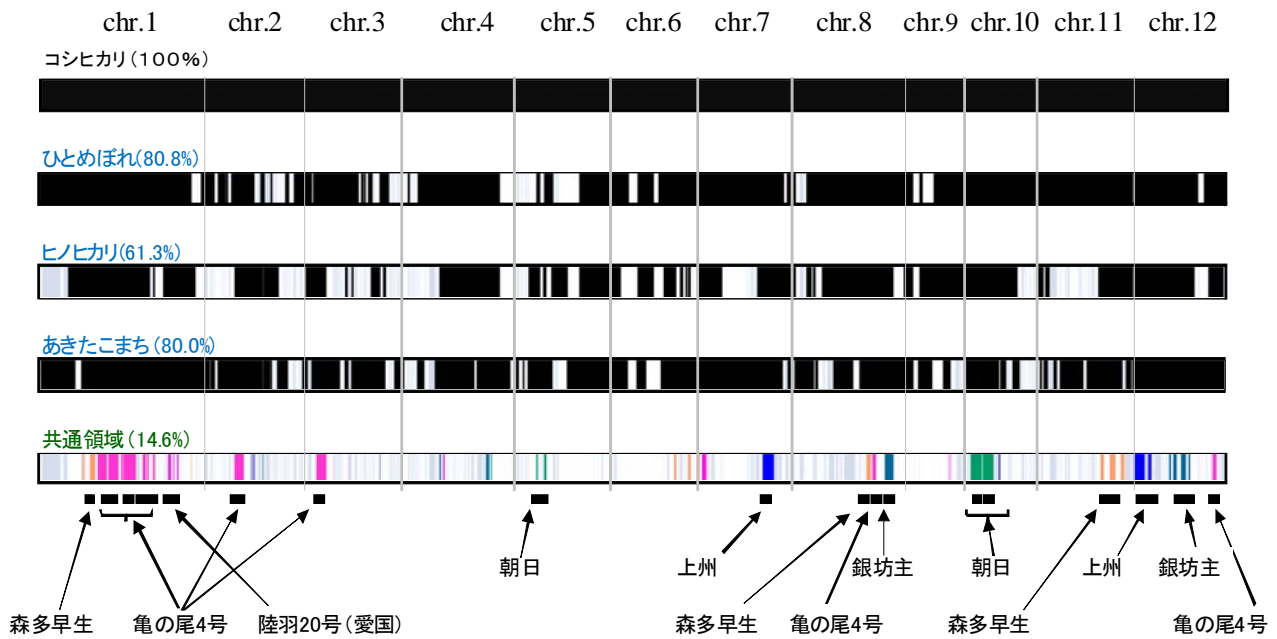


図3. 3種の良食味品種に受け継がれたコシヒカリのゲノム領域、および共通に保有する在来品種由来のゲノム領域

各品種名の下に黒い横棒はコシヒカリのゲノムと共通な領域を示します。ひとめぼれやあきたこまちでは約80%、ヒノヒカリでは約60%のゲノムがコシヒカリと共通でした。コシヒカリ、ひとめぼれ、ヒノヒカリ及びあきたこまちの4品種(合わせて日本の栽培面積と生産量の65%を占める)に共通な配列について、一番下の横棒内の塗り分けられた色で示しています。このうち在来品種由来のゲノム領域(底部の横線)が18か所見つかリ、この領域が日本のイネ品種の特徴を決める上で重要である可能性が示唆されました。