

同時発表：農政クラブ、農林記者会、農業技術クラブ、科学記者会
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
筑波研究学園都市記者会、九州各県県政記者クラブ、日本農業新聞九州支所

解 禁	テレビ・ラジオ・インターネット	平成 29 年 3 月 10 日 19 時
	新聞・雑誌	平成 29 年 3 月 11 日 朝刊



サツマイモの栽培種と野生種の塩基配列の違いを解析しました

～栽培種のゲノム解読が加速～

平成 29 年 3 月 10 日付の *Scientific Reports* 誌にてオンライン公開

平成 29 年 3 月 10 日

公益財団法人かずさDNA研究所

国立研究開発法人農研機構九州沖縄農業研究センター

- ◇ 公益財団法人かずさDNA研究所と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）九州沖縄農業研究センターは、中国農業科学院、中国農業大学、韓国生命工学研究院、韓国農村振興庁と共同で、サツマイモ (*Ipomoea batatas*) の栽培品種のゲノム上にある野生種 (*Ipomoea trifida*) との塩基配列の違いを解析し、ゲノム上に配置しました。
- ◇ 市場に流通しているサツマイモは、ひとつの細胞によく似た 6 組のゲノムを持つ、同質六倍体という複雑な染色体構造をしているためにゲノム解析が難しいのですが、今回の成果はサツマイモのゲノム解読を実現する上で必要となる基盤情報を提供します。
- ◇ ゲノム育種に必要な DNA マーカーの整備を進めることができ、優れた農業形質を持つ新品種の育成が効率的に行えるようになることが期待されます。
- ◇ この研究成果は、平成 29 年 3 月 10 日付の *Scientific Reports* 誌にてオンライン公開されます。

(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・社会連携チーム

TEL : 0438-52-3930

<研究に関すること>

公益財団法人かずさDNA研究所 先端研究部 植物ゲノム・遺伝学研究室

主任研究員 白澤 健太 (しらすわ けんた)

TEL : 0438-52-3928

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 九州沖縄農業研究センター

グループ長 田中 勝

TEL : 0986-24-4274

1. 背景

サツマイモは東アジアを中心に消費されているナス目ヒルガオ科の作物で、食用（青果用）だけでなくデンプンの原料や焼酎などの加工用、家畜の飼料用など様々な用途に利用されています。また、主成分のデンプンに加えてビタミンやミネラル類が豊富に含まれるなど栄養価が高く、他の作物に比べてやせた土地でも高い収量が得られるため、アフリカなど食料が不足している地域への積極的な導入も図られています。

このような多様な用途に対応するため、サツマイモの新品種の開発が日本を含めた世界各地で行われていますが、他の作物にくらべてゲノム^{*1}情報がほとんど整備されていません。これは、サツマイモが「同質六倍体^{*2}」で、15本ひと組の染色体^{*3}を6組（ $15 \times 6 = 90$ ）持つために、ゲノムサイズが巨大で、解析が非常に困難で複雑なゲノム構造をしているためです。

サツマイモのゲノム解析については、かずさDNA研究所と農研機構九州沖縄農業研究センターが協力して、二倍体近縁野生種 *Ipomoea trifida*（カリブ海沿岸地域に自生）のゲノム解析を行い、平成27年3月にDNA Research誌で発表しました。栽培種のゲノム解析については、平成24年9月に日本と中国と韓国の3ヶ国が共同で実施することで合意しており、ゲノム配列の解読を実現する上での基盤情報として、サツマイモ栽培品種のゲノム全体にわたる二倍体近縁野生種との塩基配列の違いを解析し、ゲノム上に配置した遺伝地図の作製に取り組みました。

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担当しました。また、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. 中国のサツマイモ品種で、世界で最も多く生産されている「徐薯^{ジョシヨ} (Xushu) 18号」を人為的に自家受粉^{*4}させた種子を発芽させ、得られた子世代を遺伝地図作製の基盤材料としました。
2. かずさDNA研究所で開発した ddRAD-seq 法^{*5}により、遺伝子領域にある塩基配列の違いを効率よく検出することができました。
3. 得られた約10万個の塩基配列の違いを二倍体近縁野生種 *I. trifida* のゲノムと比較し、*I. trifida* のゲノム配列上に配置しました。
4. メンデル型遺伝をする、28,087個の塩基配列の違いを96の連鎖群^{*6}に並べることができました。この数字はサツマイモの染色体の本数（90本）に近く、ddRAD-seq法で効率的に塩基配列の違いが検出できることを示しています。
5. 得られたDNAマーカー^{*7}等の情報はデータベース化して、ウェブサイトで公開しました。

3. 将来の波及効果

1. 六倍体のサツマイモのゲノム解読を実現する上で最初に必要となる基盤情報となります。
2. 遺伝地図をもとに、病虫害への抵抗性や収量性などサツマイモのさまざまな農業形質に関連する遺伝子の位置を特定できるようになります。また、これら農業形質の改良のための DNA マーカーを開発するなど、サツマイモの育種に応用することができます。

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*⁵のひとまとまり、または DNA 全体のことをいう。
- *² 同質六倍体：ゲノムを複数（六倍体の場合、6 組）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。
- *³ 染色体：遺伝情報の伝達を担う生体物質で、細胞の核の中にあり、DNA を含んでいる。ヒトは 23 対 46 本の染色体をもつ。サツマイモは 15 本 6 組の 90 本からなる。
- *⁴ 人為的な自家受粉：サツマイモは自分以外の花粉とだけ交配し、自分同士で交配しないための仕組み（自家不和合性）があるなど複雑な遺伝様式を持つため、6 組のゲノムの間で配列が異なる割合が高い。そのため、人為的に自家受粉させた子世代の連鎖解析を行うことで、90 本それぞれの染色体の配列の違いを調べる方法をとった。
- *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。
- *⁶ 連鎖群：同一染色体上にあって、相互に連鎖を示す遺伝子の一群のこと。染色体上の近い距離にある遺伝子は一体となって（連鎖して）遺伝するため、メンデルの独立の法則に従わない。連鎖群をつなぐ最適な DNA マーカーがないと連鎖群の数は多いままになる。
- *⁷ DNA マーカー：個体や品種間のゲノム配列上の塩基配列の違いを指標にしたもので、これらをゲノム全体に位置付けた遺伝地図上に病害抵抗性やストレス耐性、収量性に関わる形態などの農業形質に関わる領域をさらに位置付けていくことによって、マーカー選抜による育種の効率化が期待できる。

<論文タイトル>

A high-density SNP genetic map consisting of a complete set of homologous groups in autohexaploid sweetpotato (*Ipomoea batatas*).

Kenta Shirasawa^{1*}, Masaru Tanaka², Yasuhiro Takahata², Daifu Ma³, Qinghe Cao³, Qingchang Liu⁴, Hong Zhai⁴, Sang-Soo Kwak⁵, Jae Cheol Jeong⁵, Ung-Han Yoon⁶, Hyeong-Un Lee⁶, Hideki Hirakawa¹, and Sachiko Isobe¹

¹ Kazusa DNA Research Institute, Japan

² Kyushu Okinawa Agricultural Research Center, National Agriculture and Food Research Organization, Japan

³ Chinese Academy of Agricultural Sciences, China

⁴ China Agricultural University, China

⁵ Korea Research Institute of Bioscience & Biotechnology, South Korea

⁶ Rural Development Administration, South Korea

Scientific Reports DOI: 10.1038/srep44207

< *Scientific Reports*誌のURL > <http://www.nature.com/srep/>

< 論文の URL > <http://dx.doi.org/10.1038/srep44207>

*本研究は、JSPS 科研費 15H04441 の助成を受けて実施されたものです。

参考となる図や写真

写真：サツマイモ品種「徐薯（Xushu）18号」



図：サツマイモ品種「徐薯（Xushu）18号」の遺伝地図

28,087 個の塩基配列の違い（線で示す）が 96 の連鎖群に分かれることを示している。Ib01～Ib15 はひと組 15 本の染色体を、Ib01-1～Ib01-6 は、6 本の相同な染色体上にある連鎖群を表す。単位は cM（センチモルガン）。

