

稲のことは稲に聞け～モデル植物を用いた集団ゲノミクス～

太治 輝昭

この30年、モデル生物を中心にさまざまな生命現象が分子レベルで明らかになってきた。植物では、シロイヌナズナ・イネ・コケがモデル植物としてよく用いられるが、たとえば、この遺伝子を破壊すると乾燥に弱くなる、逆に、あの遺伝子を過剰に発現させると乾燥に強くなることなどがわかってきた。さてはて、実際の圃場でも効果を示す作物の育種に成功したかという、そのような話はあまり聞こえてこない。一方、自然界には乾燥に強い植物が存在する。そのような植物はどのようなメカニズムで耐性を獲得しているのか、モデル植物より明らかになってきた遺伝子を用いて耐性を獲得しているのか、非常に興味深いものの、その原因遺伝子についてはほとんど明らかになっていない。近代農学の祖といわれる横井時敬（東京農学大学の初代学長）の言葉に「稲のことは稲に聞け」とあるが、シーケンス技術の発展により、「耐性のことは耐性植物に聞け」という研究が近年可能になってきた。

シロイヌナズナは少なくとも2029の野生系統(natural accession)が存在し、これらすべての系統がストックセンター¹⁾より入手可能である。このうち1135系統については1001ゲノムプロジェクトと呼ばれるコンソーシアムにて全ゲノムシーケンスが公開されている^{2,3)}。残りの系統についても25万か所の1塩基多型(SNP)データが公開されており、非常に多くの系統を用いた集団ゲノミクスが可能となってきた。特にこれらのSNPデータを用いたゲノムワイド関連解析(GWAS)は、注目する表現型の多様性を制御する原因遺伝子座を特定するための強力なツールとなっている⁴⁾。

GWASはヒトの遺伝形質の原因遺伝子を特定するために開発された解析法で、多数の個体の表現型データを取得し、表現型と遺伝子型(SNP)との統計的な相関関係をゲノムワイドに調べる。この手法は、これまでにヒトの身長に関わる遺伝子座の同定などで大きな成果をあげている。ヒトの身長差の9割は遺伝的要因とされているが、これまでに700遺伝子座が同定されている。2017年には、シーケンスコストの低下もあり、70万人分の大規模ゲノムシーケンスが行われ、新たに身長に関わる遺伝子座が80以上同定された。

植物においてはシロイヌナズナ accession を用いたGWASが先行して行われている。開花時期については、開花に関わるのが良く知られている遺伝子群がGWASで検出されることから、野生系統における開花の早い遅いについては、モデル植物から明らかとなってきた既知メカニズムと一致することが明らかとなった⁵⁾。一方、

乾燥耐性については、既知の遺伝子ではなく、まったく異なるシステムと考えられていた病害応答に関わる遺伝子によってその多様性が説明されることが明らかとなった⁵⁾。この成果は、多様性の解明が新規メカニズムの発見に至る可能性を示している。また、野生系統については、採取地の地学的パラメーター、たとえば降雨量や気温などとの相関も調べることができるため、遺伝子型の環境への適応過程解明も期待できる。

GWASについては、偽陽性も検出しうるため、最終的な遺伝子同定までには、準同質遺伝子系統(NIL)の作製や相補試験による確認が必要となる。突然変異株の原因遺伝子同定と異なり、野生系統間ではほとんどの遺伝子に多型が存在するため、実際の原因遺伝子同定は労力を要する。

イネについては、栽培イネ、*Oryza sativa*の3010系統(germplasm accession)について、3000イネゲノムプロジェクトによりゲノム解読が行われ、公開されている^{6,7)}。この他、野生イネ、*O. rufipogon*の446系統についてもゲノム解読されており、GWASを用いた解析が可能となっている。最近、203系統のジャポニカのみを用いて耐塩性に関わるGWASが行われ、耐塩性に寄与する遺伝子座が発見された⁸⁾。交雑育種に向けては遺伝子の特定に至らずとも遺伝子座さえ分かれば十分なので、GWASは育種の強力なツールと言える。

現状、シロイヌナズナとイネ以外の植物については、大規模な accession 数を用いたゲノムシーケンスは進められておらず、GWASを実施できない状況だが、ゲノムシーケンスが身近となってきたことから、今後、多くの植物種でその基盤が整えられるものと思われる。特に生活環が長い植物については、従来の遺伝学的手法による遺伝子同定には時間を要するため、GWASを中心とする集団ゲノミクスは、益々重要な解析ツールになっていくと考えられる。

- 1) Arabidopsis Biological Resource Center: <https://abrc.osu.edu> (2018/2/5)
- 2) The 1001 Genomes Consortium: *Cell*, **166**, 481 (2016).
- 3) 1001 Genomes: www.1001genomes.org (2018/2/5)
- 4) 土松隆志: 領域融合レビュー, **6**, e006 (2017).
- 5) Ariga, H. et al.: *Nat. Plants*, **3**, 17072 (2017).
- 6) The 3,000 rice genomes project: *GigaScience*, **3**, 7 (2014).
- 7) The International Rice Informatics Consortium (IRIC): <http://snp-seek.irri.org> (2018/2/5)
- 8) Batayeva, D. et al.: *BMC Genet.*, **19**, 2 (2018).