

同時発表：農政クラブ、農林記者会、農業技術クラブ、文部科学省記者会、  
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



## 198 種類のダイズのゲノム配列を比較しました

～農業上重要な形質をもたらす遺伝子変異の発見に期待！～

1月25日(月)にDNA Researchでオンライン発表

令和3年2月5日

公益財団法人 かずさDNA研究所  
国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構  
国立大学法人 東京大学 大学院農学生命科学研究科

- ◇ かずさDNA研究所、農業・食品産業技術総合研究機構（以下、農研機構）、東京大学大学院農学生命科学研究科は共同で、日本と世界の198種類のダイズの全ゲノム情報を解読し、公開しました。
- ◇ ゲノム配列を比較することにより、約1,000万ヶ所の一塩基多型と、約280万の挿入欠失変異を同定しました。
- ◇ 198種類のダイズは、原始的なダイズ、海外のダイズと日本のダイズという3つのサブグループに分類することができました。
- ◇ 全ゲノム情報を活用し、多様な種子色の原因変異や開花を制御する原因変異を同定しました。
- ◇ ダイズでこれだけ多くのゲノム配列を網羅的に比較した研究は国内では初めてで、今後の研究により、農業上重要な形質をもたらす遺伝子変異の発見が期待されます。
- ◇ 研究成果は、国際学術雑誌DNA Researchにおいて1月25日にオンライン公開されました。

(問い合わせ先)

<報道に関すること>

かずさDNA研究所 広報・研究推進グループ

農研機構 次世代作物開発研究センター 研究推進室

東京大学 大学院農学生命科学研究科 農学系事務部 総務課 総務チーム

総務・広報情報担当

<研究に関すること>

かずさDNA研究所 植物ゲノム・遺伝学研究室

室長 磯部 祥子 (いそべ さちこ)

農研機構 次世代作物開発研究センター

畑作物形質評価ユニット長 加賀 秋人 (かが あきと)

東京大学 大学院農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻 生物測定学研究室

准教授 岩田 洋佳 (いわた ひろよし)

## 1. 背景

現在、世界中でさまざまな植物の遺伝資源<sup>\*1</sup>が収集されていますが、品種改良に実際に使われているのは全体の1%未満に過ぎません。遺伝資源が品種改良に利用されない原因のひとつに、どの遺伝資源にどのような有用性があるかなどの情報が整理されていないことが挙げられます。

農研機構の遺伝資源センターでは、ダイズに関連した遺伝資源を約1万点保有しており、その中から少数の代表的な品種・系統のセットを選んでコアコレクション<sup>\*2</sup>やミニコアコレクションとしています。このうち192系統で構成されるミニコアコレクションは少数の材料で多様な情報が得られるため、病気、農薬、環境ストレスに対する抵抗性や有用成分のスクリーニングなどに利用されています。

そこで、本研究ではダイズのミニコアコレクション192系統にダイズの祖先種であるツルマメや実験でよく利用されるダイズ品種など6つの系統を加えた計198系統について全ゲノム<sup>\*3</sup>配列解析を行い、DNA配列の違いを詳しく調べました。そして、新しい遺伝子の同定や遺伝資源の利用を可能にする遺伝子変異の情報の整備を試みました。

## 2. 成果の概要と意義

- ① ダイズミニコアコレクション(図1)を含む198種類のダイズの全ゲノム情報を次世代シーケンサーで解読し、約1,000万の一塩基多型<sup>\*4</sup>と、約280万の挿入欠失変異<sup>\*5</sup>を同定しました。
- ② 10種類のダイズについて1分子シーケンサー<sup>\*6</sup>を用いた解析も追加し、約2,000の構造変異<sup>\*7</sup>を同定し、より大きなゲノム構造の違いを確認しました。
- ③ ゲノム情報の解析により、198種類のダイズは、原始的なダイズ、海外のダイズ、日本のダイズという3つのサブグループに分類することができました(図2)。日本のダイズは栽培化や育種の過程で日本の風土に適した品種が選抜され、独自の進化をしたと考えられます。
- ④ 本研究によって得られた遺伝子の変異情報を活用することにより、ダイズの多様な種子色(図1)の原因となる変異や開花を制御する遺伝子を特定することができました(図3)。

## 2. 将来の波及効果

- ① ダイズミニコアコレクションの農業上重要な形質や種子成分などをさらに詳しく調べ、本研究によって得られたゲノム情報と比較することにより、その特徴をもたらす遺伝子変異を発見できると期待されます。
- ② 本研究では農研機構が保有する遺伝資源を代表するダイズミニコアコレクションを解析しました。今回見つかったゲノムの配列の違いと同様の配列変異は、世界中の遺伝資源にも存在すると考えられます。今回の論文では、開花や種子の色などに関わる一部の遺伝子について、配列の違いと実際の形質との関係を詳細に比較しましたが、その他の遺伝子についても同様の解析を行うことで、ダイズの様々な形質の違いに関わる遺伝子の働きを明らかにすることができます。

- ③ 本研究によって得られたゲノムや遺伝子変異に関する情報は日本のダイズの品種改良に役立ちます。今後、遺伝資源全体のゲノム解析が進むことにより、有用な遺伝子の情報が整理され、品種育成等に活用すべき遺伝資源や遺伝変異の特定が可能になります。
- ④ 世界的な気候変動により、農業分野ではこれまでにない形質をもつ品種の育成が求められています。遺伝子の情報を活用して効率良く遺伝子資源を利用できるようになれば、環境ストレス<sup>\*8</sup>耐性が劇的に向上した品種など、世界の様々な地域に適応したダイズの品種育成を実現することができると期待されます。

**論文タイトル:** Whole-genome sequence diversity and association analysis of 198 soybean accessions in mini-core collections.

**著者:** Hiromi Kajiya-Kanegae, Hideki Nagasaki, Akito Kaga, Ko Hirano, Eri Ogiso-Tanaka, Makoto Matsuoka, Motoyuki Ishimori, Masao Ishimoto, Masatsugu Hashiguchi, Hidenori Tanaka, Ryo Akashi, Sachiko Isobe, Hiroyoshi Iwata.

**掲載誌:** DNA Research

**DOI:** 10.1093/dnares/dsaa032

### 用語解説

- \*1 遺伝資源：生物のもつ多様な遺伝情報が農作物の改良などに価値をもつことから資源として認識されるようになって生まれた言葉。大規模な自然破壊や近代的な品種の急激な普及のため、失われつつある。
- \*2 コアコレクション：遺伝資源の多様な農業形質や地理的な分布の特徴をカバーするように日本や世界から代表的な品種・系統を選んだもの。
- \*3 ゲノム：生物をその生物たらしめるのに必須な最小限の染色体のひとまとまり、またはDNA全体のことをいう。
- \*4 一塩基多型：集団のゲノムDNA配列中にみられる一塩基レベルの違いを指す。品種・系統の目印となる特有のDNA配列の違いは、DNAマーカーとして用いられることもある。
- \*5 挿入欠失変異：DNA配列中に余分な配列が追加されるか（挿入）、塩基が除去される（欠失）変異のこと。インデルともいう。
- \*6 1分子シーケンサー：DNAの塩基を1分子ずつ特殊な酵素に取り込んで塩基の種類を特定することで塩基配列を解読する方法。次世代シーケンサーよりも長い配列データ（数万塩基程度）を取得することができるため、ゲノムの大きな構造変異を検出しやすい。本研究ではPacific Biosciences社のPacBio Sequelを用いた。
- \*7 構造変異：数十塩基以上の塩基配列の欠失や挿入、塩基配列の重複や逆位、転座など、ゲノムの大きな構造変化のことをいう。
- \*8 環境ストレス：通常とは異なる環境におかれた農作物は、生育が悪くなり収量が減少し、最悪の場合、枯死することもある。ダイズでは、水不足や猛暑による乾燥、砂漠化による塩害などが問題になっている。

本研究の一部は以下の競争的資金により実施されました。

JST CREST 環境変動に対する植物の頑健性の解明と応用に向けた基盤技術の創出  
(JPMJCR1601、JPMJCR1602)

農林水産省委託プロジェクト (SFC-1008、BAC2004)

農林水産省ジーンバンク事業

## 参考となる図や写真



図1：ダイズミニコアコレクションに含まれる多様な種子色の品種・系統（一部）

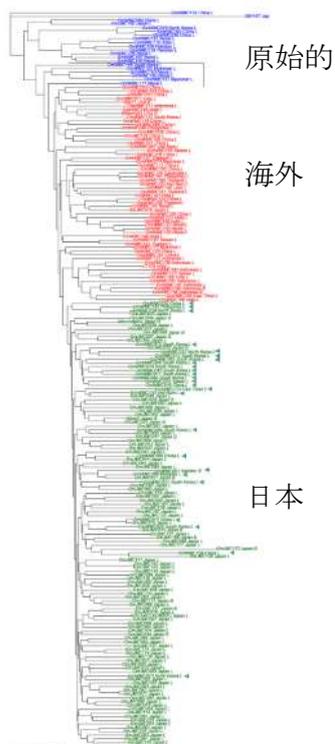
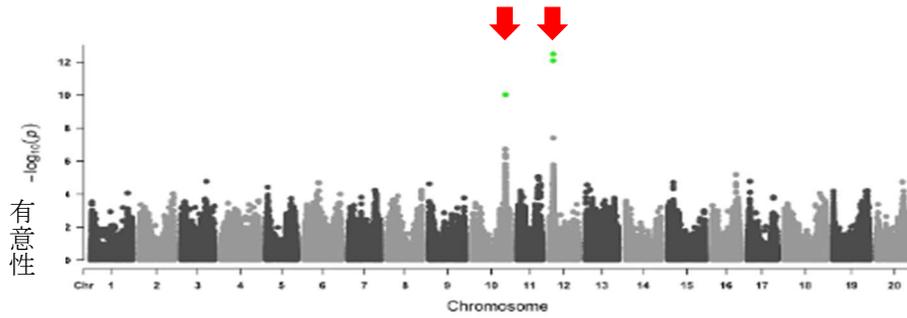


図2：ダイズミニコアコレクション 198 品種・系統の分子系統樹

原始的なダイズ、海外のダイズと日本のダイズという3つのサブグループに分類することができた。



### 染色体と染色体上の位置

図3：ダイズミニコアコレクションによるゲノムワイド関連解析の結果

今回見いだされた開花に関わる2遺伝子の変異の位置を矢印で示す。ゲノムワイド関連解析は、解析対象とする材料（集団）のゲノム全体の塩基配列変異と形質値との関連を統計解析により分析し、形質値の違いに影響している塩基配列変異を検出する方法。ここでは本研究により明らかになった各系統の塩基配列変異と、開花日との解析により検出された開花に影響する塩基配列変異の染色体上の位置を示す。