

エンドウのさやの色に関する遺伝子領域を特定

～メンデルが研究した遺伝子に迫る～

3月15日に国際学術雑誌 G3 でオンライン発表

令和3年3月18日

公益財団法人 かずさDNA研究所

- ◇ かずさDNA研究所は、メンデルが「遺伝の法則」発見に用いた形質のひとつである、エンドウのさやの色に関わる遺伝子領域を特定しました。
- ◇ エンドウは、二倍体種で自家受粉できることから純系が作りやすく、遺伝学的解析の材料に適していますが、ゲノムが約45億塩基対とヒトのゲノム（31億塩基対）よりも大きく、リピート配列が多くゲノム構造が複雑なために、ゲノム解析はあまり進んでいませんでした。
- ◇ 今回、さやが黄色の系統のゲノム配列を解析し、緑色のさやの品種と塩基配列を比較して、さやの色に関わる遺伝子座がある領域のDNA配列を決定しました。この領域には3'エキソリボヌクレアーゼの遺伝子が2つあり、この遺伝子がエンドウのさやの色と関係しているとの仮説を立てました。
- ◇ 今後の解析により、遺伝子の変異とさやの色の関係を明らかにするとともに、エンドウ品種育成を効率化するしくみができると期待されています。
- ◇ 研究成果は、国際学術雑誌 G3 において3月15日（月）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>

公益財団法人かずさDNA研究所 広報・研究推進グループ

<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

主任研究員 白澤 健太 (しらさわ けんた)

1. 背景

オーストリアの修道士、グレゴール・ヨハン・メンデルは遺伝子の概念を初めて提唱しました。メンデルは「遺伝の法則」を発見するときに、エンドウの7つの形質（①黄色と緑色の種子、②花の色が赤色か白色か（種皮の色が有色か無色か）、③花が茎の頂端につくか茎全体につくか、④背丈が高いか低いか、⑤丸い種子としわのある種子、⑥緑色と黄色のさや、⑦さやが膨らんでいるか平たいか）を利用しています。

現在までに、メンデルが遺伝の法則を発見するのに用いた7つの形質のうち4つの形質に関する遺伝子（①、②、④、⑤）はすでに同定されていましたが、残りの形質（③、⑥、⑦）についての遺伝子解析は進んでいませんでした。そこで、3つの形質のうち、⑥さやの色について遺伝子領域の特定を行いました。

2. 研究成果の概要と意義

1. メンデルのエンドウの研究で著名な英国ジョン・イネス・センターから、さやの色が緑色の系統と黄色の系統を譲り受け、ゲノム^{*4}解析に使用しました。さやが黄色の系統のゲノムをナノポアシーケンシング技術^{*2}により解読し、33億塩基対のゲノム配列を決定しました。
2. さやの色が緑色の系統と黄色の系統を交配した孫世代を、ddRAD-Seq 法^{*3}で解析しました。用いた系統は、花の色にも赤色と白色の違いがあったため、ゲノムワイド関連解析により花の色に関わる遺伝子を同定しました。この遺伝子の変異は、すでにメンデルが遺伝の法則を発見するのに用いた②花の色が赤色か白色か、に関する遺伝子の変異と同じ変異でした。
3. さやの色に関わる遺伝子は、遺伝解析により、3番染色体上の領域にあることが分かりました。DNA配列の解析により、この領域には、3'エキソリボヌクレアーゼをコードする遺伝子が2つ（Psat0s4355g0080とPsat0s4355g0120）見つかりました。この領域からは28の一塩基多型^{*4}と8つの挿入欠失変異^{*5}があり、この中に、遺伝子の機能を変える変異があることを見出しました。
4. 3'エキソリボヌクレアーゼ^{*6}はmRNA^{*7}の分解に関与します。この遺伝子が増えることにより、緑色色素（おそらくクロロフィル＝葉緑素）の生成を抑制したり、緑色色素の分解を促進したりすることにより、さやが黄色になるという仮説を立てました。現在、この仮説を検証する研究を続けています。

3. 将来の波及効果

1. メンデルが遺伝の法則を発見するのに用いた7つの形質のうち、遺伝子が分からない形質は③花が茎の頂端につくか茎全体につくかと⑦さやが膨らんでいるか平たいか、の2つの形質になりました。今後の研究で、これらの形質に関わる遺伝子も特定したいと考えています。これらの形質には、農業生産に直結する遺伝子も含まれていることから、遺伝子の同定が進めば品種改良のスピードアップも期待できます。
2. 本研究の報告で、エンドウのゲノム解読は世界では3例目となります。すでにゲノム研究は、生物種を代表する1個体のゲノム解読の時代から、生物種を網羅するように複数の個体ゲノムを解読する時代に突入しています。今回、エンドウというひとつの生物種で複数の系統のゲノム情報が得られたことから、今後はエンドウという生物種が持つ全ての遺伝情報を明らかにしようとするパンゲノム（pan-genome）解析への道筋ができました。

論文タイトル : Genomic region associated with pod color variation in pea (*Pisum sativum*).

著者 : Kenta Shirasawa, Kazuhiro Sasaki, Hideki Hirakawa, Sachiko Isobe.

掲載誌 : G3: Genes, Genomes, Genetics

DOI: 10.1093/g3journal/jkab081

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のひとまとまり、または DNA 全体のことをいう。
- *2 ナノポアシーケンス技術 : 1 本鎖の DNA または RNA が 1 本だけ通り抜けられる微細な穴を通過するときの電気的变化によって塩基配列を読み取る技術。繰り返し配列が長く続くゲノムを解析するのに適する。
- *3 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もので、ゲノム上の同じ領域 (全ゲノムのうちの 0.1% ~1%) 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。
** 制限酵素 : 二本鎖 DNA の特定の配列を認識して特定の位置で切断する酵素。
- *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 3' エキソリボヌクレアーゼ : RNA 鎖を 3' 側 (尾部) から削って分解する酵素。
- *7 mRNA (メッセンジャーRNA) : 遺伝子 (デオキシリボ核酸) の配列を写し取り、タンパク質のアミノ酸配列に翻訳される情報を伝える RNA。

参考となる図や写真

さやの色が黄色 (左) と緑色 (右) の例 (実験に用いた系統は、花の色に対しても白と赤の対立形質をもつ)

