

オオムギのゲノム多様性の大規模解読に成功 ～品種改良のための複雑な DNA 情報の活用が可能に～

令和 6 年 11 月 13 日

かずさ DNA 研究所が参画した国際研究グループは、最新のロングリード技術によってオオムギの高精度なゲノム解読を行い、ビールの醸造や病害抵抗性に関わる遺伝子などの構造が品種間で変化していることを明らかにしました。

オオムギのゲノム配列は約 50 億塩基対と巨大で、ヒトの 1.7 倍、イネの 13 倍もあるため、高精度なゲノム配列を解読することは容易ではなく、世界中に保存されている多くの品種のゲノム配列と遺伝子配列を高精度に解読する技術の開発が待たれていました。

オオムギの国際コンソーシアムでは単一の品種の精密な塩基配列を基に、別の品種の配列を重ねることで、遺伝子同定や遺伝子鑑定技術を開発しました。さらに、20 種類の野生および栽培オオムギを個別に解読して、オオムギの DNA 配列の大意を得る「パンジェノム (Pan Genome)」解析を行ってきました。今回の解析では、長い DNA 配列を解読するための最新のロングリード技術を用いて、より多くの品種間のゲノム構造の違いを確認した結果、病害抵抗性、醸造品質、植物体の構造などに複数のほぼ同一の遺伝子が関わっていることが明確に示されました。さらに、遺伝子の数の変異がこれらの性質の品種間の違いの原因となっていることを確認しました。



本研究でのオオムギ遺伝資源【写真】の高精度解読によって、有用形質に関わる遺伝子の数や構造が性質を変化させていることが判明するほか、本研究の進展によって、オオムギの分子育種が可能となり、目的とする品種を効率よく開発する新たな育種技術の開発が期待されます。

この研究成果は、11 月 13 日付（日本時間 14 日午前 1 時）の英国科学雑誌「Nature」オンライン版に掲載されます。

論文名：Structural variation in the pangenome of wild and domesticated barley

邦文題名：「野生および栽培オオムギにおけるパンジェノムの構造変異」

掲載誌：Nature

DOI : 10.1038/s41586-024-08187-1

著者 : Murukarthick Jayakodi, Qiongxin Lu, Hélène Pidon, M. Timothy Rabanus-Wallace, Micha Bayer, Thomas Lux, Yu Guo, Benjamin Jaegle, Ana Badea, Wubishet Bekele, Gurcharn S. Brar, Katarzyna Braune, Boyke Bunk, Kenneth J. Chalmers, Brett Chapman, Morten Egevang Jørgensen, Jia-Wu Feng, Manuel Feser, Anne Fiebig, Heidrun Gundlach, Wenbin Guo, Georg Haberer, Mats Hansson, Axel Himmelbach, Iris Hoffie, Robert E. Hoffie, Haifei Hu, Sachiko Isobe, Patrick König, Sandip M. Kale, Nadia Kamal, Gabriel Keeble-Gagnère, Beat Keller, Manuela Knauft, Ravi Koppolu, Simon G. Krattinger, Jochen Kumlehn, Peter Langridge, Chengdao Li, Marina P. Marone, Andreas Maurer, Klaus F.X. Mayer, Michael Melzer, Gary J. Muehlbauer, Emiko Murozuka, Sudharsan Padmarasu, Dragan Perovic, Klaus Pillen, Pierre A. Pin, Curtis J. Pozniak, Luke Ramsay, Pai Rosager Pedas, Twan Rutten, Shun Sakuma, Kazuhiro Sato, Danuta Schüler, Thomas Schmutzer, Uwe Scholz, Miriam Schreiber, Kenta Shirasawa, Craig Simpson, Birgitte Skadhauge, Manuel Spannagl, Brian J. Steffenson, Hanne C. Thomsen, Josquin F. Tibbits, Martin Toft Simmelsgaard Nielsen, Corinna Trautewig, Dominique Vequaud, Cynthia Voss, Penghao Wang, Robbie Waugh, Sharon Westcott, Magnus Wohlfahrt Rasmussen, Runxuan Zhang, Xiao-Qi Zhang, Thomas Wicker, Christoph Dockter Martin Mascher & Nils Stein

全 80 名 12 か国、下線はかずさ DNA 研究所の著者

研究費 : 本研究は、(公財) かずさ DNA 研究所研究補助金、JST 未来社会創造事業 18076896、JSPS 科研費(23H00333、22H05172、22H05181) の研究助成を受けたものです。

問い合わせ先

＜研究に関すること＞

かずさ DNA 研究所 理事 先端研究開発部シーズ開拓研究室 特別客員研究員

岡山大学 名誉教授

摂南大学 農学部 教授

佐藤 和広 (さとう かずひろ)

TEL : 072-896-5329

E-mail : kazuhiro.sato@setsunan.ac.jp

＜報道に関すること＞

かずさ DNA 研究所 広報・教育支援グループ

TEL : 0438-52-3930

E-mail : kdri-kouhou@kazusa.or.jp

1. 背景

オオムギは、コムギ、イネ、トウモロコシに続く第 4 位の重要な穀物です。そのため、世界中には約 50 万ものオオムギの栽培品種や野生オオムギが保存されています。

オオムギは 7 対の染色体を持ち、そのゲノム配列は約 50 億塩基対と巨大で、ヒトの 1.7 倍、イネの 13 倍もあります。これまで、我が国を含む国際コンソーシアムでは、2006 年から概要ゲノム配列の解析を進め、10 年以上をかけて、単一品種の染色体単位のゲノム情報を公開しました。さらに、オオムギの DNA 配列の概要を得るため、20 品種からなる「パンジェノム(Pan Genome)」解析を行いました。

育種や遺伝学の研究では、両親に由来する雑種個体の配列の違いを DNA マーカーによって遺伝子鑑定し、目的とする性質や遺伝子を決定します。その際、両親の間で DNA マーカーを作成するためには、複数品種のゲノム配列を取得することが効率的であるとされてきました。しかし、育種の対象となる性質の多くには複数のほぼ同一の遺伝子が作用しているので、品種間で異なる数の遺伝子がどのような構造で存在しているかを確認できる技術が必要でした。

特に、オオムギのように巨大なゲノムを持つ生物種で、高精度な染色体単位のゲノム配列を取得することは時間的、経済的に容易ではなく、多くの品種のゲノム配列と遺伝子配列を高精度に解読する技術の開発が待たれていました。

2. 研究成果の概要

- 最近、オオムギのように巨大なゲノムを効率よく解読する技術が世界中で開発されています。本研究では、岡山大学が収集、提供したオオムギを含む、2 万種類以上の栽培品種や野生オオムギのゲノムの部分配列による遺伝子鑑定を行い、世界中で収集されたオオムギを代表する 76 品種を選び出しました。
- この 76 品種をそれぞれ最新のロングリード技術でゲノム解読し、染色体単位で個々の遺伝子配列を取得しました。これらの高精度配列によって、すでに公開した 20 品種の遺伝子配列の誤りを修正しました。さらに、従来の手法による 1315 品種のゲノム解読情報を加えることで、育種に用いるオオムギの多様性を確認できるようになりました。
- これらの解読品種を比較すると、病害抵抗性遺伝子における新しい遺伝子変異と、遺伝子数の増加が見つかりました。また、醸造に必要なデンプン分解酵素遺伝子の数の変化がビール醸造に使われる酵素活性の変化と関連していました。このような研究結果は、農業環境や産業利用に対する作物の適応や選抜がゲノム内の遺伝子の数や構造の複雑な変化をもたらした可能性があることを示唆しています。
- 我が国のオオムギは用途によって、ビール醸造用のオオムギ、食用のハダカムギ、麦茶などに用いるカワムギなどに区分されます。今回解読した 76 品種には、我が国のオオムギ育種の基礎となるこれらのグループの品種がそれぞれ含まれており、

世界中のオオムギと高精度なゲノムおよび遺伝子情報を比較することで、我が国のオオムギに新たな有用形質を導入するための手がかりが得られると考えられます。

3. 期待されること

今回の研究で解析した 76 品種のゲノム情報は 2 万種類を超える栽培品種および野生オオムギの多様性が最大となるように選ばれており、オオムギの高精度なゲノムと遺伝子の構造の概要（パンジェノム）が示されたと考えられます。この中には、文部科学省ナショナルバイオリソースプロジェクトで保存されている、岡山大学の遺伝資源を代表する我が国のオオムギ在来品種およびヒマラヤ周辺の在来品種をはじめ、ゲノム編集に用いる英国の醸造用品種などが含まれています。今回の研究でこれらの品種を比較することで、オオムギに存在する多くの遺伝子およびそれが位置するゲノム構造の研究を進めるために、欠くことのできない情報が得られました。

パンジェノム解析は今後も研究が継続される予定で、岡山大学においては保存されている約 2 万点のオオムギ遺伝資源を解読することが究極の目的となります。その解読にはさらなる技術的な改良が必要ですが、新規の技術が開発されるたびに、解析にかかるコストおよび時間は急激に低下しているので、実現する可能性は高いと考えられます。将来、全てのオオムギ遺伝資源の解読が完了すれば、これらの遺伝資源を交配して育種する際、あるいはゲノム編集などで標的遺伝子を改変する際に、より精密な分子育種が可能となると考えられます。