

「二酸化炭素資源化を目指した植物の物質生産力強化と
生産物活用のための基盤技術の創出」
平成 24 年度採択研究代表者

H26 年度
実績報告書

堤 伸浩

東京大学 大学院農学生命科学研究科
教授

高速ジェノタイピングを利用したエネルギー作物のテーラーメイド育種技術の開発

§ 1. 研究実施体制

(1) 堤グループ

- ① 研究代表者:堤伸浩 (東京大学大学院農学生命科学研究科、教授)
- ② 研究項目
 - ・次世代シーケンサを用いた高速ジェノタイピングシステムの開発
 - ・ソルガム実験系統間の SNP ジェノタイピング
 - ・ゲノムワイドアソシエーション解析による重要形質のマッピング
 - ・ゲノミックセレクションモデルを用いた個体選抜や交配組み合わせの決定
 - ・選抜実験の評価、新開発育種技術のポテンシャル検証
 - ・乾汁性決定遺伝子の機能解析

(2) 岩田グループ

- ① 主たる共同研究者:岩田 洋佳 (東京大学大学院農学生命科学研究科、准教授)
- ② 研究項目
 - ・ゲノミックセレクションのための予測モデル構築とゲノムワイドアソシエーション解析を用いた原因遺伝子探索
 - ・表現型計測の高効率化のためのシステム開発
 - ・選抜シミュレーションシステムの開発と育種デザインの決定

(3) 矢野グループ

- ① 主たる共同研究者:矢野 健太郎 (明治大学農学部生命科学科、准教授)
- ② 研究項目

- ・次世代シーケンシングデータからの高精度ジェノタイピングツール **Heap** の開発
- ・表現型と圃場マップの統合データベースシステムの開発

(4) 佐塚グループ

- ① 主たる共同研究者:佐塚 隆志 (名古屋大学生物機能開発利用研究センター、准教授)
- ② 研究項目
 - ・開花およびバイオマス関連形質の作期移動試験
 - ・開花およびバイオマス関連遺伝子の形質転換系の検討

(5) 徳永グループ

- ① 研究代表者:徳永 毅 ((株)アースノート、代表取締役)
- ② 研究項目
 - ・F1 間の相互交配による次世代の作出およびリモデリング用交配系統群の作出
 - ・交配系統の多環境における形質評価
 - ・F1×F1 交配後代の相互交配による次世代の作出

§ 2. 研究実施の概要

- H25年度までに、純系約500系統を用いた実験でソルガムのゲノムワイドなジェノタイプピングにおいてRAD-Seqが非常に有効であることを示すことができた。ゲノムシャッフリングとアリのルの集積を進めるにあたり、交雑後の後代集団において各個体はヘテロ接合型のSNPsをもつため、これらの個体のジェノタイプピングはより困難となる。本年度は、SNPsのヘテロ接合型を高効率・高精度でジェノタイプピングを可能とするRAD-seqの実験手法と得られたDNA配列データの解析ソフトウェアツール“HEAP”を新たに開発した。また、RAD-seqによる個体ごとのSNP座の欠測を補完するため、公共データベースで公開されている様々なソルガム系統の全ゲノム塩基配列を活用し補完精度を向上させる手法を考案し、補完の誤りを8%から3%に減らせることが分かった。
- 目的形質を支配する遺伝子の検出のため、栽培試験で得られた形質データとゲノムワイドDNA多型データを用いたゲノムワイドアソシエーション解析を行った。ゲノムワイドアソシエーション解析(GWAS)では、いくつかの形質について有意なアソシエーションが検出され、その近傍に未発見の遺伝子が存在している可能性が示唆された。9番染色体上にあると予測されていた矮性遺伝子座*dw1*が、特に稈長に重要であることが明らかになった。これまで*dw1*遺伝子はクローニングされていなかった。イネではジベレリン生合成酵素の遺伝子が短稈化育種に利用されたことが知られている。そこで、ソルガムのジベレリン生合成酵素や情報伝達因子の遺伝子座と*dw1*遺伝子座とを比較した。その結果、両者は一致しなかったことから、*dw1*はジベレリン関連以外の遺伝子である可能性が示唆された(参考論文1)。また、すでに同定していた乾汁性遺伝子*D*が本研究のGWASでも検出されたので、この遺伝子の機能を詳細に調べたところ、*D*は茎柔組織の細胞死や細胞壁の特性転換を駆動する転写因子をコードすることが判明した。
- 次に、栽培試験で得られた形質データとゲノムワイドDNA多型データを用いて、目的形質の高速改良のためのゲノミックセレクションの予測モデルを構築した。この予測モデルの精度評価を行った結果、糖度など、GWASで有意なアソシエーションが検出されなかった形質においても比較的高い精度で選抜できることが分かった。構築した予測モデルをもとにメキシコおよび福島でそれぞれ選抜したF1系統をCMS系統に交配した家系の形質評価を行ったところ、ほぼ期待された結果が得られていた。なお、メキシコでは、全個体のbrixが20度を超える家系もみられた。
- 圃場で成長する植物を効率的に計測することを目的として、UAVを用いたリモートセンシングシステムによる植物計測を行った。草丈について、リモートセンシングで計測したデータと、収穫調査で計測したデータの両方から、ゲノミックセレクションの予測モデルを構築した結果、両モデルを用いた予測値が高い相関をもつことが分かった。現状のシステムでは、計測精度の向上に改良の余地を残すが、改良を進めていくことで、圃場に成長する植物を経時的・効率的に計測できるようになると期待される。
- Reynante L. Ordonio, Yusuke Ito, Asako Hatakeyama, Kozue Ohmae-Shinohara, Shigemitsu

Kasuga, Tsuyoshi Tokunaga, Hiroshi Mizuno, Hidemi Kitano, Makoto Matsuoka and Takashi Sazuka. “Gibberellin deficiency pleiotropically induces culm bending in sorghum: an insight into sorghum semi-dwarf breeding”, *Sci Rep.*, 4, 2014 (DOI: 10.1038/srep05287).