

人口100億人時代にも豊かな食卓を 気候変動に強いコムギの開発を促進

コムギはトウモロコシ、イネと並ぶ世界三大穀物の1つで、日本でもコメに次いで消費量が多い。世界人口の増加で高まる需要に対応した安定供給を目指すのは、横浜市立大学木原生物学研究所の清水健太郎客員教授だ。作物の多くは複数のゲノムDNAが融合した「倍数体」であることに着目し、環境ストレスに強い因子を探し続ける。



しみず けんたろう
清水 健太郎

横浜市立大学 木原生物学研究所 客員教授／
チューリッヒ大学 進化生物学・環境学研究所 教授
2016年よりCREST研究代表者

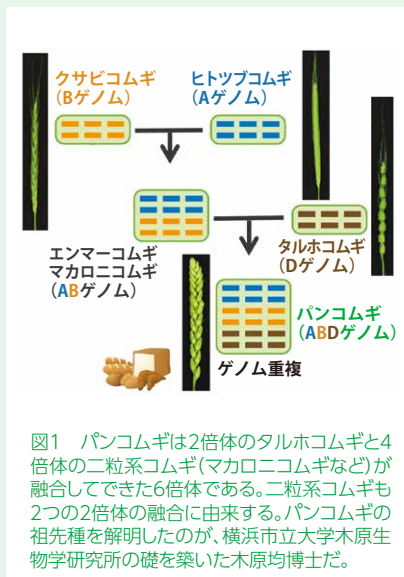
国際研究でゲノム解読 コムギ改良につなぐ

コムギは世界の穀物の中で最も作付面積が広く、年間約7億トン生産されている。たんぱく質を多く含み、パンやうどんなどの麺類として世界人口の消費カロリーの約2割を占める重要な作物だ。世界人口が100億人になるとも予測される今、食糧基盤を支えるコムギにも一層の増産と安定供給が求められている。一方で近年の地球温暖化により生産量が大幅に減少した年も

あり、安定して収穫できる品種の開発が必要とされている。

世界10カ国が参加する国際共同研究コンソーシアム「国際コムギ10+ゲノムプロジェクト」は2020年11月に、世界各地で栽培されているコムギ15品種のゲノム解読に成功した。そこで日本の実用品種「農林61号」の解読を担ったのが、横浜市立大学木原生物学研究所の清水健太郎客員教授だ。

ゲノムとは親から受け継いだ遺伝情報の総体を指す。ヒトのゲノムはひとそりの染色体を2組持つ「2倍体」だ

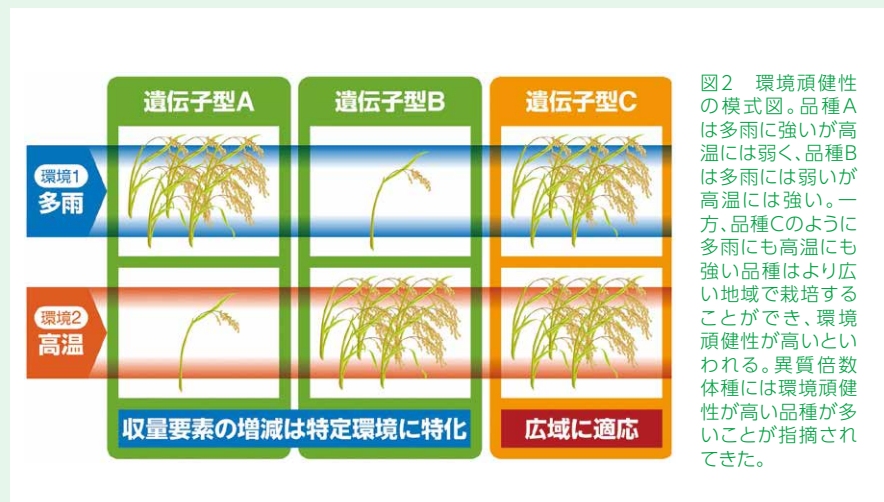


が、植物には2組以上持つ「倍数体」も多く存在する。パンコムギもその代表例で、3種が交雑してできた「6倍体」だ(図1)。「コムギのゲノムは情報量が多く、配列も似ているので、解読は極めて困難でした。近年計算機の処理速度や解析のアルゴリズムが格段に進歩し、ようやく解読できました」と難しさを語る。

有用植物には異なる親のゲノムを受け継ぐ「異質倍数体」が多い。アラビアコーヒー、ワタ、ダイズもその例だ。「コムギも従来品種のゲノム情報が解読できたので、これを用いて異質倍数体がどのように親の環境応答を組み合わせてきたのかというメカニズムが解明できれば、環境変動に強い品種を作るのに役立つはずです」と狙いを明かす(図2)。

ミヤマハタザオと出会い 異質倍数体研究の道へ

清水さんと異質倍数体の出会いは、大学院時代にさかのぼる。この頃はモ



デル植物として知られるシロイヌナズナのゲノム解読が急速に進んだ時期で、「シロイヌナズナの分子メカニズムと植物種としての多様性をもたらす分子的背景を知りたいと考え、分類学上近い野生種を探していました。そこで出合ったのがミヤマハタザオです」と振り返る。清水さんはミヤマハタザオの配列を解析する中で、異質倍数体だと気付いた。ミヤマハタザオの両親種を同定したところ、緯度、標高ともに両親種よりも広い地域に分布していた(図3)。

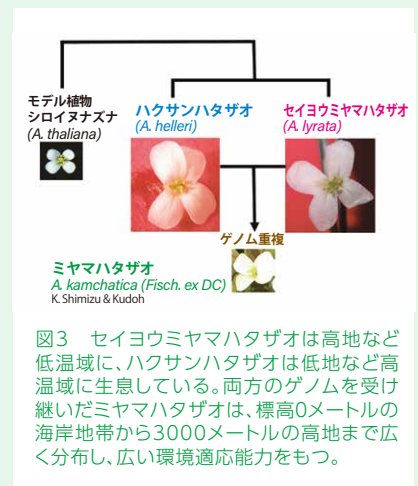
次にこれまでより格段に高い精度で倍数体のDNA配列を解析する手法を確立し、ミヤマハタザオの環境応答性遺伝子の解明に乗り出した。一方の親は重金属に応答する遺伝子群の発現量が高く耐性を持つことから、ミヤマハタザオにも重金属処理を施したところ、その発現量と耐性が受け継がれていた。さらにもう一方の親が持つ低温耐性も同様に受け継がれていることが

分かった。「全ゲノムの1パーセントに当たる約200遺伝子が一方の親の性質を受け継ぎ、異なる挙動を示していた。これが倍数体での耐性にも関係しているはずです」。乾燥応答や水没応答でも同様の結果を得た清水さん。比較的少数の遺伝子を組み合わせることで、異質倍数体がより広い環境ストレスに対応できるようになったと考えた。こうして20年をかけて知見と技術を確立し、ミヤマハタザオをモデル倍数体として取り扱えるまでにいった。

情報を集めて新発見 「第二の緑の革命」へ

これまで清水さんが培ってきた異質倍数体の研究をコムギの品種改良にも生かしたいと考えていた時、CRESTで気候変動に適応できる植物を対象とする領域に採択された。前後してコムギのゲノム変異解析を目指す「国際コムギ10+ゲノムプロジェクト」が企画されていることを知ったが、当初日本は参加していなかったという。清水さんがスイス・チューリッヒ大学教授を兼任していた縁や、日本品種が1970年ノーベル平和賞の「緑の革命」で、世界のパンコムギの飛躍的な収量向上に貢献した経緯もあり、その後日本の研究者が多く参加して日本品種も解読することになった。

清水さんらはこの国際プロジェクトで日本の代表的な品種である「農林61号」のゲノム解読と解析を進めた。その結果、出穂の誘導に関わるフロリ



ゲンという植物ホルモンに関係するFT7遺伝子の数が増えていることを明らかにした。遺伝子コピー数の増加は、個人差にも重要であることが知られているが、高精度のゲノム情報がなければ発見が難しい。出穂のタイミングは気候変動の影響を受けやすい。すでに収量の減少を引き起こしており、さらなる深刻化が懸念される。コムギは湿気にも弱いため、日本では病気が多発する梅雨の前に収穫しなければならず、栽培期間の制御は最も重要な課題だ。新たに判明したゲノム情報は、気候変動に頑健な品種の育種を加速することが期待される。

世界の実用品種の解読により、病原抵抗性遺伝子など農業的に重要な遺伝子の解明も進んだ。「ゲノムは1品種だけを解析しても分からないことが多いです。しかし1000品種解析できれば、有用な変異の単離などを通じて育種につながります。今こそ『第二の緑の革命』が必要なのです」と国際プロジェクトの意義を語る。

実環境で多角的に評価 健康な食生活を支えたい

植物は実験室の中では順調に育っても、屋外では予想外の変化に見舞われることも多い。今後より過酷な気候変動が起こることも想定し、国内外の試験場で試験栽培して得られたデータを機械学習にかけている。これにより個々の品種がさまざまな条件下で、どのように育つかを予測するシステムを開発中だ。

コムギの品種改良に向けた清水さんの挑戦はまだ始まったばかりだが、世界中で飢えに苦しむ人々がいることを意識しない日はない。「科学技術の研究は、社会をより豊かで便利にすることだと思われがちです。しかし私たちの研究が大きく取り上げられるのは、危機が起きてしまった時でしょう。そんな日が来ないよう、誰もが当たり前のように食事ができる環境を整え、気づかれずに支え続けることが目標です」と清水さんは力強く語った。