

主要マメ科作物ダイズのゲノム解析に貢献

—有用作物ダイズの学術研究や品種改良の効率化に期待—

本研究成果のポイント

- 米国で行われたダイズゲノム塩基配列解読後の遺伝子機能の注釈付けに貢献
- 46,430種のダイズ遺伝子を同定し、20対の染色体ごとの整列にも成功
- 5,900万年前と1,300万年前の2度の全ゲノム重複が、現生ダイズのルーツ

独立行政法人理化学研究所（野依良治理事長）と米国の複数の研究機関は共同でダイズゲノム解読プロジェクト^{*1}を実施し、食生活や飼料に欠かせない世界の主要マメ科作物であるダイズ^{*2}のゲノム解析に世界で初めて成功しました。特に、理研植物科学研究センター（篠崎一雄センター長）ゲノム情報統合化ユニットの櫻井哲也ユニットリーダー、機能開発研究チームの梅澤泰史研究員および篠崎一雄チームリーダーらは、完全長 cDNA^{*3} 配列情報を活用してタンパク質遺伝子の解析を行い、約 46,000 種の遺伝子同定に貢献しました。

ダイズは、マメ科に属する世界的な主要作物で、有用な特徴を数多く備え、食用、搾油用、飼料用、工業用の原料などに欠かせず、需要は年々増加しています。生産性向上や有用形質の改良などを目指した研究が進んでおり、理研植物科学研究センターを中心とした国内複数の研究グループで組織したダイズ完全長 cDNA 解析コンソーシアム^{*4} は、ダイズゲノム塩基配列解読に先立ち、農林二号のダイズ完全長 cDNA を収集し、約 23,000 種のダイズ遺伝子同定についての報告をしています（2009年1月28日プレスリリース）。

すでに、マメ科のモデル植物として、同じマメ亜科に属すミヤコグサ^{*5} とタルウマゴヤシ^{*6} のゲノム塩基配列が、それぞれ日本、米国・EU の研究グループで決定または進行していますが、それらと比べてダイズは染色体数が 2~3 倍と大きく（全ゲノム塩基配列も推定では約 11 億塩基対と大きい）、ほかのマメ科植物との遺伝的な関連は分かっていませんでした。

今回、米国の研究グループは、11 億塩基対とされるダイズゲノムに対し、全ゲノムショットガン法^{*7} によるゲノム塩基配列決定を行い、ほぼ染色体毎の配列データの集合と高密度な遺伝地図の作製を行いました。作製した遺伝地図を基に、類似遺伝子の存在とその重複の分布の解析を行った結果、ダイズは、5,900 万年前と 1,300 万年前に全ゲノムの重複が生じ、遺伝子の多様化と欠損、そして多くの染色体の再配置が引き起こされたことが分かりました。

これらの成果による高精度なダイズゲノム情報は、今後、多くのダイズ遺伝的形質の理解や、有用ダイズ品種開発などの効率化に貢献すると期待できます。

本研究成果は、科学雑誌『Nature』（1月14日号）に掲載されます。

1. 背景

ダイズは、日本人にとってとてもなじみの深い作物で、食生活になくてはならないものとなっています。日本人は、古くからダイズを食し、豆腐や味噌、醤油、納豆など、さまざまな独自の加工食品に利用してきました。世界的に見てもダイズは重要な作物で、生産量増加率が最も高い作物の 1 つとなっています (図 1)。ダイズは、植物の中では唯一、肉に匹敵するだけのタンパク質を種子に含有するほか、油脂含量が高いのも特徴で、食用油の原料として広く利用されます。また、その絞りがすが家畜の飼料として使われたり、種子成分のイソフラボンがサプリメントとして利用されたりするなど、用途は枚挙にいとまがありません。また、ダイズはマメ科植物であり、根粒菌との共生による窒素固定^{*8}という、ほかの主要作物に無い特徴があります。窒素固定メカニズム解明は、農業生産の観点からも重要で、今後さらにダイズ研究を推進していくためには、モデル植物であるシロイヌナズナやイネで達成されているような、高精度なゲノム塩基配列などの遺伝子情報の充実化が不可欠です。主要生産国の米国によるダイズの発現遺伝子の部分塩基配列情報 (EST^{*9}) の大量収集のほか、マメ科モデル植物であるミヤコグサ、タルウマゴヤシのゲノム塩基配列が、それぞれ日本、米国・EU で解読されるなど、世界のダイズ研究は加速度を増しています。

理研植物科学研究センターを中心としたダイズ完全長 cDNA 解析コンソーシアムは、ダイズのゲノム塩基配列解読に先立ち、ダイズ完全長 cDNA を収集し、約 23,000 種のダイズ遺伝子同定について報告しています (2009 年 1 月 28 日プレスリリース : <http://www.riken.jp/r-world/research/results/2009/090128/index.html>)。

2. 研究手法と成果

米国の研究グループは、発芽後 3 週間程度のダイズ幼植物体を用いて、ゲノム DNA の抽出、単離を行いました。収集したゲノム DNA を約 3,000 塩基、6,000~8,000 塩基、35,000~38,000 塩基の 3 種類のサイズに断片化し、全ゲノムショットガン法によるゲノム塩基配列決定を行いました。その結果、11 億 1 千万塩基対と推定される全ゲノム塩基配列の約 85%に相当する 9 億 5 千万塩基対以上のゲノム塩基配列を解読しました。今回のゲノム塩基配列解読では、単にゲノム塩基配列を決定しただけでなく、解読部分の多くを 20 対 ($2n=40$) ある染色体ごとに整列することに成功しました (図 2)。さらに、米国のダイズ発現遺伝子の部分塩基配列情報 (EST) のほか、ダイズ完全長 cDNA 解析コンソーシアムが収集した完全長 cDNA 配列情報を活用し、ダイズゲノム上の遺伝子領域を探索した結果、46,430 個の遺伝子を同定しました。この同定した遺伝子の 73%は、ほかの被子植物にも見られる遺伝子でした。理研のグループは、完全長 cDNA 情報を基に多くの遺伝子の正確な同定に大きな貢献をしました。

ダイズや直接的な祖先種のツルマメの染色体は $2n=40$ (20 本ずつの 2 セットで合計 40 本) で、同じマメ亜科のミヤコグサ ($2n=12$) やタルウマゴヤシ ($2n=16$) と比べ、染色体数が多く、これまで、ほかのマメ科植物との遺伝的な関連は明らかになっていませんでした。今回明らかにしたゲノム塩基配列を基に、類似遺伝子の存在とその重複の分布を解析したところ、ゲノムが広範囲に類似する領域を検出することができ、その結果、5,900 万年前と 1,300 万年前に全ゲノムの重複が生じたことが分かりました。

3. 今後の期待

今回の研究成果は、2万種を超えるマメ科植物を理解する鍵となり得るもので、例えば、組織特異的な遺伝子発現の観察といった大規模かつ包括的な研究を可能にする基盤となります。この10億塩基対を超えるダイズゲノムから得た知識は、ダイズの品種改良の効率化だけでなく、人間や動物が必要とするタンパク質やその他の栄養素を、植物が二酸化炭素、水、窒素から生み出す能力の理解を助け、世界の農業における持続可能な食糧生産、環境バランス維持のための技術改善に大きく貢献します。

<報道担当・問い合わせ先>

(問い合わせ先)

独立行政法人理化学研究所

植物科学研究センター

ゲノム情報統合化ユニット

ユニットリーダー 櫻井 哲也 (さくらい てつや)

TEL : 045-503-9488 FAX : 045-503-9489

機能開発研究チーム

研究員 梅澤 泰史 (うめざわ たいし)

TEL : 029-836-4359 FAX : 029-836-9060

横浜研究推進部 企画課

TEL : 045-503-9117 FAX : 045-503-9113

(報道担当)

独立行政法人理化学研究所 広報室 報道担当

TEL : 048-467-9272 FAX : 048-462-4715

<補足説明>

※1 ダイズゲノム解読プロジェクト

参画機関は以下のとおり（順不同、理研以外は米国の機関）。

HudsonAlpha Genome Sequencing Center

Joint Genome Institute

USDA-ARS

University of North Carolina

Purdue University

Center for Integrative Genomics, University of California

University of Arizona

University of Maryland

University of Missouri

The National Center for Genome Resources

RIKEN Plant Science Center

Iowa State University

University of Wisconsin-Stevens Point

University of Nebraska

※2 ダイズ

和名は大豆、学名は *Glycine max* (L.) Merr. で、マメ科 (Fabaceae) のマメ亜科 (Papilionoideae) の1年草。東アジア原産とされており、世界中で広く栽培されている農作物である。成熟した種子が食用、油料用、加工用および飼料用に用いられ、大豆油は食用油および工業原料として用いられている。また、暗所で発芽させた幼苗をもやし、未熟大豆を枝豆として食する。全世界の収穫量は約 2.2 億トン(国際連合食糧農業機関統計データベース 2007 年)で、イネ、コムギ、トウモロコシに次ぐ主要作物として位置づけられる。

※3 完全長 cDNA

cDNA は、ゲノム DNA の中から不要な配列を除き、タンパク質をコードする単位だけを転写した（写し取った）遺伝情報分子である mRNA（メッセンジャーRNA）を鋳型にして作られた DNA のこと。cDNA は mRNA を逆転写して作られるが、その際 mRNA のすべての領域をカバーできずに不完全なものになることが多い。完全長 cDNA は、特殊な方法を使って mRNA の全領域をカバーするように作られているため、遺伝子の完全な構造が分かり、翻訳してタンパク質を合成することができる。

※4 ダイズ完全長 cDNA 解析コンソーシアム

参画機関は以下のとおり（順不同）。

理研植物科学研究センター

理研旧ゲノム科学総合研究センター

独立行政法人国際農林水産業研究センター

国立大学法人東京大学大学院農学生命科学研究科

独立行政法人農業生物資源研究所
かずさ DNA 研究所
独立行政法人北海道農業研究センター
国立大学法人佐賀大学農学部
国立大学法人京都大学農学部
国立大学法人宮崎大学農学部ナショナルバイオリソースプロジェクト

※5 ミヤコグサ

学名は *Lotus japonicus* で、ダイズと同じマメ科 (Fabaceae) のマメ亜科 (Papilionoideae) に属する。マメ科のモデル植物として用いられており、染色体は $2n=12$ 、ゲノムサイズは 4 億 7 千万塩基対で、かずさ DNA 研究所 (千葉県) を中心とした日本の研究機関による共同研究によって、2008 年 5 月にゲノム塩基配列が解読された。

※6 タルウマゴヤシ

学名は *Medicago truncatula* で、ダイズと同じマメ科 (Fabaceae) のマメ亜科 (Papilionoideae) に属す。マメ科のモデル植物として用いられており、染色体は $2n=16$ 、ゲノムサイズは 5 億から 5 億 5 千万塩基対といわれ、米国、仏国、英国の研究機関による共同研究によって、ゲノム塩基配列の解読が進んでいる。

※7 全ゲノムショットガン法

ゲノム DNA の塩基配列決定法の 1 つで、すべてのゲノム DNA を制限酵素 (DNA を切断する酵素) で適当な断片に切断し、各々の DNA 断片の端より塩基配列を読んで、配列の共通部分を使ってコンピュータで連結 (アセンブル) させていく方法。比較的、低コストでのゲノム解読が可能。

※8 窒素固定

空気中の窒素を植物体の成分として取り込むこと。マメ科植物体の中で様々な窒素化合物に変換され、食物連鎖を介してあらゆる生物に利用される。マメ科植物は根粒菌と共生し、根粒菌が固定した窒素を栄養源として利用する。そのため、マメ科植物には窒素源の少ないような劣悪な環境下でも生育できるものが多い。

※9 EST

Expressed Sequence Tag の略。cDNA ライブラリーからランダムに選んだクローンの末端から数百塩基程度の配列を決定したもの。部分長 cDNA である場合が少なくないため、タンパク質などを作ることはできないが、その領域がゲノム DNA から RNA に転写されていることが分かり、その遺伝子が実際に発現していることの証拠が得られる。

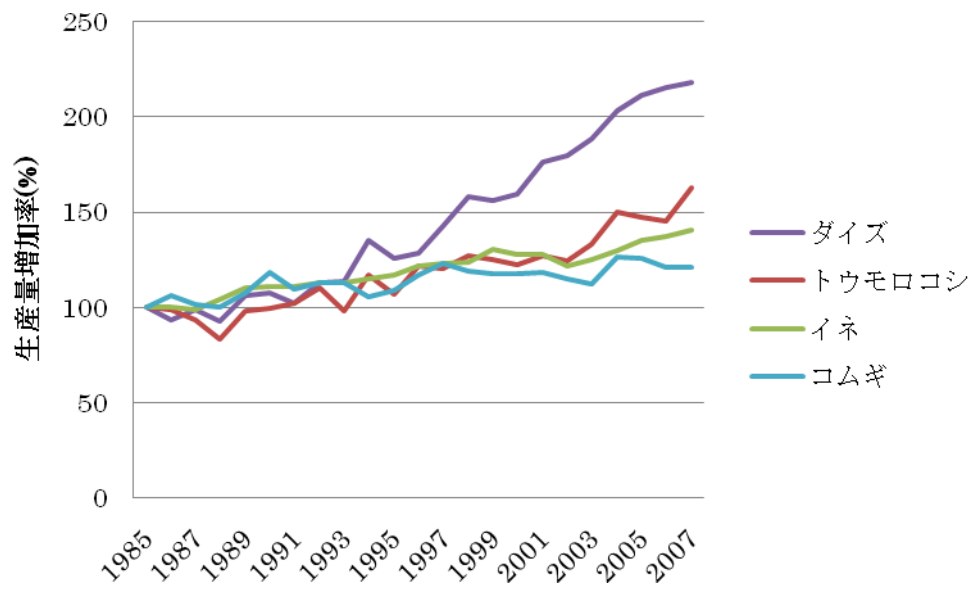


図1 近年における主要作物の生産量増加率の推移
 (国際連合食糧農業機関統計データベースより)

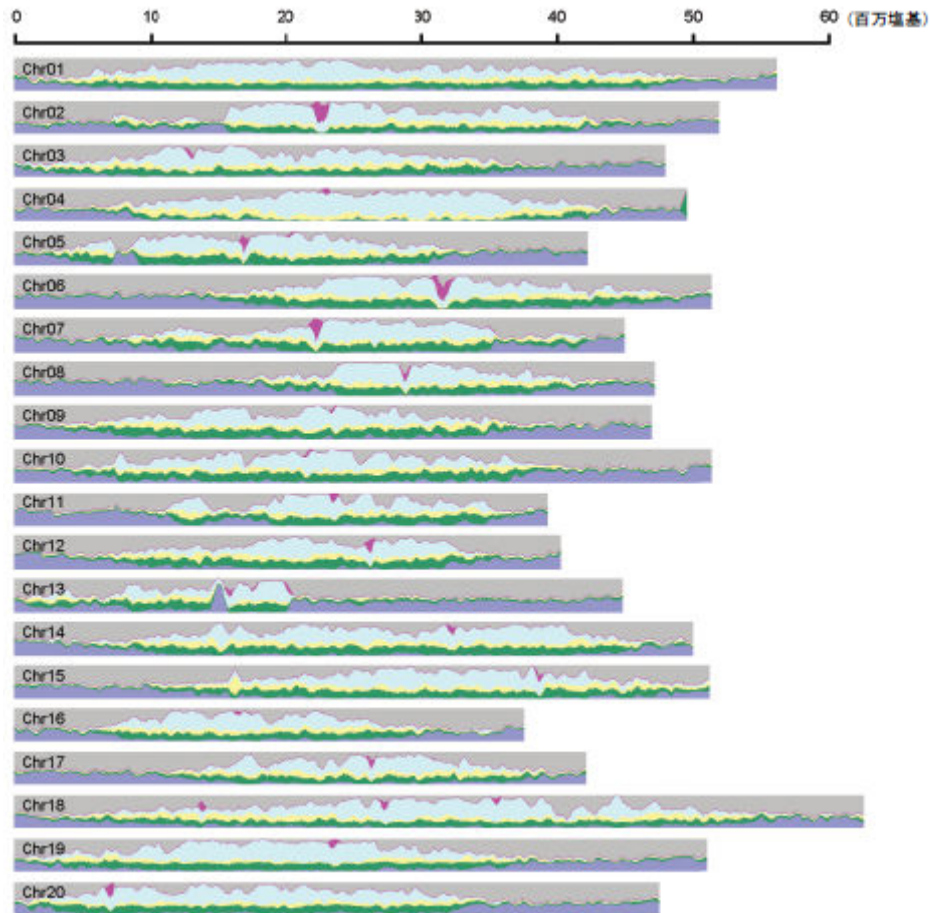


図2 ダイズゲノムの概観

ゲノム DNA の主たる構成を示したもの。(青) 遺伝子配列、(緑) DNA トランスポゾン配列、(黄) コピヤ型レトロトランスポゾン配列、(水色) ジプシー型レトロトランスポゾン配列、(ピンク) セントロメアの繰り返し配列、(グレー) そのほかの配列。今回のゲノム塩基配列解読では、単にゲノム塩基配列を決定しただけでなく、解読部分の多くを 20 対ある染色体ごとに整列することに成功した。