

遺伝育種学が担うこれからの バレイショ育種への貢献



帯広畜産大学地域環境学研究部門
バレイショ遺伝資源開発学講座 特任助教

さねとも 玲奈
實友

バレイショ遺伝資源開発学講座の役割

バレイショ遺伝資源開発学講座は、カルビー(株)、北海道馬鈴しょ協議会、キューピー(株)、ケンコーマヨネーズ(株)、日本スナック・シリアルフーズ協会および松尾雅彦(元カルビー株式会社社長)の資金支援を受け2013年度に帯広畜産大学に設立され、アンデス在来種やバレイショ野生種などの新しい遺伝資源を利用した中間育種を行っている(写真1)。中間育種とは育種の前段階に当たる仕事であり、直接品種を作るのではなく、優良品種を産み出す能力をもつ親系統を作ることである。

バレイショは栄養繁殖器官の塊茎を利用するため、コムギやイネで行われている系統育種法(交雑を行い、その後に自殖を8~10世代繰り返しながら遺伝的に均一な個体群を作る育種)とは異なり、一回の交配により播いた種子からできた個体が選抜され直接品種になっていくので、親の能力そのものが問われる。しかし、近年、日本では育種場や研究機関であっても短期間の成果が求められるようになったため、限られた品種どうしの交配による品種育成が主流となり、新しい遺伝資源を利用した育種が滞ってきた。これによって遺伝的多様性が減少し、既存品種を上回るような優良形質

を持つ品種の育成が困難になってきた。

そこで当講座では長期的な戦略として、遺伝的多様性を広げるために、海外からの導入系統や野生種などさまざまな遺伝資源を利用し、これらから有用な遺伝子を親系統に導入することを目標に日々材料づくりに励んでいる。そして優良系統を選抜後、各育成場へ優秀な親系統を配布し、交雑育種に利用してもらえれば、新しい遺伝的能力を持った優良品種の育成が可能であると考えている。

現在行っている中間育種の概要

バレイショ遺伝資源開発学講座では、まず遺伝的多様性を広げることと、多収量を目標にしてアンデス在来品種を素材として利用している。毎年実施している中間育種の流れは3つのステップに分けられる。

アンデス在来品種は日本の気候には不向



写真1 松尾記念温室

きであり北海道で栽培すると塊茎をつけないこともあるため、まずステップ1では素材選抜として、十勝の夏の気候でアンデス在来種を栽培し、収量の高いものを選抜する（写真2）。ステップ2ではステップ1で選抜した素材系統と交配親Aを掛け合わせてF₁雑種を作り、より日本の栽培品種に近いものにするための“取り込み”を行う。ここでのもう一つの目的は交配親Aが持つ抵抗性遺伝子を材料系統へ持たせることである。作られたF₁雑種は翌シーズンに播種され、十勝の夏の気候で収量の高いものから選抜する。ステップ3では、選抜したF₁雑種を標準品種と掛け合わせ、さらに栽培品種に近づいた交雑後代集団を作り、その後代集団の収量を評価する。そして最終的に、後代集団で非常に高い収量を挙げることができるF₁親（収量の高い子ども世代を生み出すことができる親）を優良系統として国内の各育種場に配布するという流れになっている（図1）。

当講座では、上記のステップ3までの工程を経て選抜されたアンデス在来品種を使った優秀な30系統を2013年秋に国内の6

カ所の育種場に配布した。これらは各育種場で交配親として利用されている。2回目の配布は2015年秋、3回目の配布は2016年秋を予定しており、それに合わせて毎年夏には選抜のための収量評価、冬には取り込みのための交雑試験を進めている。

マックスプランク植物育種学研究所・ポテトゲノム研究室の貢献

前述したとおりバレイショ遺伝資源開発学講座では、多様性を広げることを目標に取り組んでいるが、無作為にただアンデス在来種や野生種を利用している訳ではない。目的とする有用な農業形質や病害虫抵抗性を獲得するためにはどの材料が相応しいのか、そしてそれが何パーセントの確率で遺伝するのかを知るためには遺伝育種学の情報が必要不可欠になってくる。

当講座では遺伝子発現解析や一塩基多型（SNP）などの遺伝情報を有効に利用してDNAマーカーを利用した抵抗性遺伝子の探求や、農業形質の選抜を行っていく方向である。筆者は2013年から2014年までの約1年間ドイツのマックスプランク植物育種

1. 素材選抜



図1 中間育種の概要



写真2 素材選抜の様子（左2列：高収量性のF₁雑種、右2列：高収量から低収量までのアンデス在来種）

学研究所に滞在し、ゲノム情報をいかに上手くバレイショ育種ないしは中間育種に利用すべきかを学んだ。そこでの研究内容およびバレイショ育種への役割について紹介したい。

ドイツの西部の街ケルンに位置するMax-Planck Institute for Plant breeding Research center (MPIPZ) にある現在のポテトゲノム研究室 (Potato Genome Laboratory) は100年以上のバレイショ研究の歴史をもつ由緒正しき研究所である。1900年初期から1930年にかけてK.O. Muller博士が世界で初めて野生種を使った育種を開始し、メキシコ原産野生種*S. demissum*から導入された疫病抵抗性をもつ系統“W-race”を作り上げた。続くHans Ross博士も率先的に野生種を利用し疫病抵抗性、ジャガイモシストセンチュウ抵抗性やウイルス病抵抗性を含むバレイショの抵抗性育種の礎を作った。よって今日のヨーロッパバレイショ品種の系譜を辿ればほとんどが彼らの材料を利用していることがわかる。現在のリーダーであるChristiane Gebhardt博士は1986年からRoss博士の後を継ぎ、それまで交配試験だけで抵抗性の導入を行っていた方針から、分子遺伝学の技術を取り入れ抵抗性と関連する遺伝子をつきとめる研究へと展開していった。さらに抵抗性だけでなく、でん粉価、打撲耐性やチップ適性などの農業形質に関与するゲノム領域や遺伝子を探し、遺伝的な役割を解明していくと共に、育種で誰もが有用遺伝子を利用できるようにDNAマーカーを開発し実際の品種育成に大いに役立たせてきた。

日本においても、現在利用されているほとんどの疫病抵抗性の遺伝資源は*S.*

*demissum*由来の*R*遺伝子由来であり、「コナフブキ」を含むさまざまな品種の元親にW-raceが使われている。そして、疫病抵抗性、シストセンチュウ抵抗性の有無を識別するDNAマーカーも今やはなくてはならない技術になっている。

DNAマーカーの育種への利用について簡単に述べると、育種では複数年にわたって圃場で抵抗性の評価をしたり、収穫後に試験を行ったりして何万個体という数の膨大なデータを取らなくてはいけない。そこでもし選抜前の早い段階で各個体からDNAを抽出し、DNAマーカーにより遺伝子の有無を調べることができれば、余分な調査をせずに早期選抜が可能になる利点を持っている。例えば抵抗性遺伝子をターゲットにした場合、生育初期段階でDNAマーカーがあるものだけを残し、それ以外を淘汰することにより確実に抵抗性が期待でき、個体数を絞ることができるし、その後は、他の形質に着目すればよいので選抜効率が上がるわけである。

この利用価値の高いDNAマーカーを開発しポテトゲノム研究室はバレイショ育種の現場へ大きな影響を与えてきた。しかし、重要な抵抗性遺伝子発見の背景には育種会社やジーンバンクなどの他機関との密接な協力関係があった。

農業形質に関連する遺伝子を探すためには表現型とよばれる形質値が絶対不可欠である。抵抗性遺伝子を見つけるならば、病気に対してどれだけかかりやすいかのデータ、加工適性に関連する遺伝子ならチップカラーと貯蔵試験のデータ、でん粉価や打撲耐性ならその測定値のデータが必要であり、それらのデータが厳密であるほど、主

働遺伝子への到達はより早く正確になる。しかし、100個体以上の農業形質のデータを3年以上にわたって測定することは1つの研究機関にとっては時間、場所、技術などの条件により難を要する。そこでポテトゲノム研究室ではいくつかの民間育種会社とプロジェクトを組むことでその研究を可能にさせた。

おおまかなDNAマーカー開発の流れは図2に示してある。はじめに問題の形質や病気に対して解析を行う集団を決める。集団は100個体以上で、病気に強いものから弱いものまで、あるいは形質の良いものから悪いものまでが混在していることが望ましい。集団を決めた後は、信頼性の高い目的の形質のデータを育種場や試験場側が取る。その次は研究所が1個体ずつDNAを抽出し育種場が取ったデータと付け合せながらDNAを解析し、目的の形質にかかわっている遺伝子やゲノム上の重要箇所を探し出す。遺伝子が特定できれば次は誰でもがその遺伝子を簡単に識別できるDNAマーカーをつくり、どの品種に対しても利用可能なマーカーと判断されれば、最後にその情報を育種会社へ提供し、現場での選抜に使うという流れである。

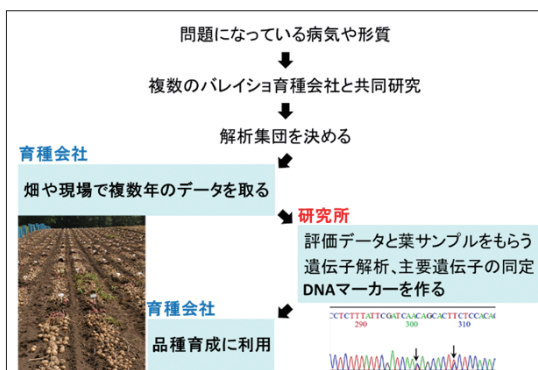


図2 精密育種の例

この圃場データと研究室での遺伝解析を合わせた選抜は精密育種と呼ばれる最先端のアプローチである。従って、優秀な材料、信頼性の高い圃場データ、正確な遺伝解析、この3点さえ揃えば、複雑な形質あるいは病気であっても解決を図ることができる。当講座でもポテトゲノム研究室の技術やこのような考え方を継承し、これから育種場や試験場と協力して精密育種をうまく利用し、遺伝子レベルからも重要形質の向上を目指していきたいと考えている。

これからの疫病抵抗性

すべての抵抗性や農業形質が容易に1つのDNAマーカーで評価できるわけではない。例えば、そうか病抵抗性など段階評価の抵抗性や収量や熟期といった形質は複数の遺伝子が関与していると考えられている。1つの遺伝子の有る無しだけで識別できる抵抗性は真性抵抗性と呼ばれ、ジャガイモシストセンチュウ（*HI*遺伝子）などがその代表例である。一方、段階的な抵抗性を示す複数の遺伝子（量的遺伝子）が関与している抵抗性は圃場抵抗性と分類されている。

疫病抵抗性の R 遺伝子は真性抵抗性遺伝子であるが、その数は11種類（ $R1$ から $R11$ ）に及ぶ。その理由は、真性抵抗性遺伝子は1種類の菌にしか抵抗性を示さないため、菌が病原型や菌型などの形状を変えると効力のあったはずのその遺伝子は全く無効になってしまうからである。よって11種類もの抵抗性遺伝子があることはつまり疫病菌には非常に多くのタイプが存在していることを示す。従って疫病抵抗性育種とは非常に難しい目標であることが窺える。

しかし実際、北海道のバレイショ生産の現状を見ると、一作あたり10回から15回、週に一度のペースで薬剤散布をしており、その労力とコストは生産者の大きな負担となっている。また、いつ疫病に襲われ大きな被害を受けるかもしれないという不安も精神的苦痛となっている。さらには食の安全を考えても、たとえ基準値を下回っている農薬量であっても、消費者にとって化学農薬の量は少ないほうが好ましいはずである。この様にわが国でも疫病抵抗性育種は避けて通れないのが現状であり、バレイショ遺伝資源開発学講座では今期より疫病抵抗性にも力を入れて材料づくりに取り組んでいく。

北海道をはじめ日本に生息する疫病菌は多種多様であることが知られている。よって前述したように、特定のタイプにしか効き目のない*R*遺伝子はもはや長期型の戦略ではない。そこで当講座では圃場抵抗性

遺伝子をもった疫病抵抗性系統をつくることを目標にしていく意向である。昨年春に、マックスプランク研究所のポテトゲノム研究室が10年以上研究してきた量的遺伝子を蓄積した疫病に強い系統を日本へ持ち帰り、2014年の冬に当講座の温室にて栽培し塊茎を収穫した（写真3）。これらを2015年の夏に圃場にて疫病抵抗性の調査を行ない、北海道でも十分に疫病抵抗性を示すことがわかれば育種材料として利用していきたい。また今までに導入した海外の抵抗性系統も含め、現在日本国内に存在する全ての遺伝資源をもう一度圃場抵抗性という視点で圃場試験ならびに遺伝解析を行い、わが国特有の強い疫病抵抗性を示す育成材料を選び出したいと考えている。そして今後国内でどのレースに対しても有効な疫病抵抗性をもった品種の育成を可能にしていきたい。



写真3 マックスプランク研究所から譲り受けた疫病抵抗性の材料