

サツマイモのゲノム研究とDNAマーカー開発

農研機構 九州沖縄農業研究センター 畑作物生理・遺伝グループ
グループ長

たなか
田中

まさる
勝

1 はじめに

サツマイモは他殖性の同質六倍体であり、複雑な遺伝様式を示す。そのため、農業形質に関する遺伝的な研究が遅れてきた。AFLPやSSRといった従来型のDNAマーカー技術を用いて低密度ながら染色体地図を構築し、形質の遺伝解析を実施した例は存在するものの、遺伝解析の精度は十分でなく、実用的なDNAマーカーの開発には至っていない。しかし、次世代シーケンサーに代表される近年のゲノム解析技術の進展は、すでにサツマイモにおいてもゲノム全体をカバーする高密度なDNAマーカーを用いた遺伝解析を可能にしている。このような技術を利用して重要な農業形質に関与するゲノム領域や遺伝子を同定することで、育種選抜に利用可能な実用的な選抜用DNAマーカーを開発することも夢ではなくなりつつある。本稿ではサツマイモのゲノム研究やDNAマーカー開発の状況について国内発の研究成果を中心に紹介するとともに、今後のサツマイモの育種におけるDNAマーカー選抜の利用に向けた課題について考える。

2 ゲノム配列解読や遺伝解析技術開発の状況

サツマイモに関するゲノム配列で最初に公開されたのは、かずさDNA研究所と農研機構が2015年に共同で解読した二倍体近縁種のドラフト（概要）ゲノム配列である¹⁾。解読に利用されたのは、近縁種の中でも最もサツマイモに近縁とされるメキシコアサガオ (*Ipomoea trifida*) の二倍体自殖系統「Mx23Hm」(図1) である。

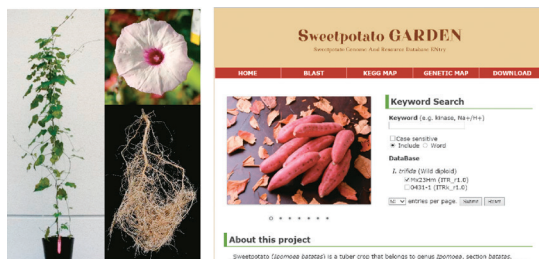


図1 メキシコアサガオの二倍体自殖系統「Mx23Hm」(左)とそのゲノムデータベース「Sweetpotato GARDEN」(右)

この自殖系統は、1965年にメキシコから導入された二倍体メキシコアサガオの種子から見つかった自殖個体を11世代に渡って自殖し、遺伝的に固定したものである。2015年に公開された概要ゲノム配列は、ヒルガオ科で報告された最初のゲノム配列であり、相同遺伝子の網羅的な検索などに有

用であった。その後、アメリカを中心とするグループからメキシコアサガオ（「NCNSP0306」系統）と、同じく二倍体近縁種であるホシアサガオ（*Ipomoea triloba*, 「NCNSP0323」系統）の高精度ゲノム配列が、また中国のグループからもメキシコアサガオ（「Y22」系統）のゲノム配列が公開されている。

サツマイモの栽培種（六倍体）については、2004年から行われている日中韓サツマイモワークショップが母体となり、日中韓の研究機関でコンソーシアムを形成して品種「徐薯18号」のゲノム配列の解読を進めている（図2）。高精度な配列の解読を目指して、長い塩基配列の取得が可能な最新型の次世代シーケンサーや、倍数体植物にも適用可能なゲノム配列のアセンブル（配列の再構築）技術を用いて進められており、近日中の公開を目指している。この間、中国及びドイツの研究機関からなるグループから栽培種（品種「泰中6号」）の概要ゲノム配列が公開されている。また、2017年にはかずさDNA研究所が中心となり、六倍体栽培種のゲノム配列データを二倍体の連鎖地図上に配置する手法により、サツマイモの高精度SNP連鎖地図を構築して公開した²⁾。



図2 品種「徐薯18号」(左)と日中韓サツマイモワークショップでのゲノム解読関係者の会合風景(右)

ゲノム研究のためにはゲノム配列の解読のみならず、倍数体に対応可能な遺伝解析の技術も必要となる。倍数体の遺伝解析技術の開発は同質四倍体であるバレイショで先行して行われていたが、最近、同質六倍体にも適用可能な手法がいくつか報告された。国内では、かずさDNA研究所と岡山大学、農研機構が協力して同質六倍体に適用可能なゲノムワイド関連解析（GWAS）の手法（ngsAssocPoly）を開発した³⁾。この手法は、次世代シーケンサーの配列データを元に各SNPマーカー遺伝子座の対立遺伝子の構成比率を確率分布として計算して遺伝解析に用いることが特徴で、対立遺伝子の構成比率を一意に推定する他の手法に比べて、少ない配列データ量でも解析が可能であるという特徴を持つ。

3 有用形質の遺伝解析とDNAマーカーの開発

サツマイモではこれまでに、塊根の収量や乾物率、澱粉含量、 β -カロテン含量、皮色のほか、サツマイモネコブセンチュウ（以下、センチュウ）抵抗性、ゾウムシ抵抗性、地上部の節間長などについて遺伝解析を行った報告がある。このうち、センチュウ抵抗性については、複数のレース（病原性の異なるセンチュウ系統）に抵抗性を示す品種「ジェイレッド」と、感受性を示す品種「潮州」のF₁集団を利用してGWASやQTL解析が行われ、異なるレースへの抵抗性に共通に関与すると考えられる遺伝子領域が明らかにされている⁴⁾。見つかった遺伝子領域のDNA配列から作成したDNAマーカーは3種類のレースについてそれぞれ約70%の確率で抵抗性、感受性を

識別可能であった(図3)。また、同一の集団を用いて、乾物率、澱粉含量、 β -カロテン含量の遺伝解析も行われており、それぞれの形質に関連する遺伝子領域が検出されている⁵⁾。

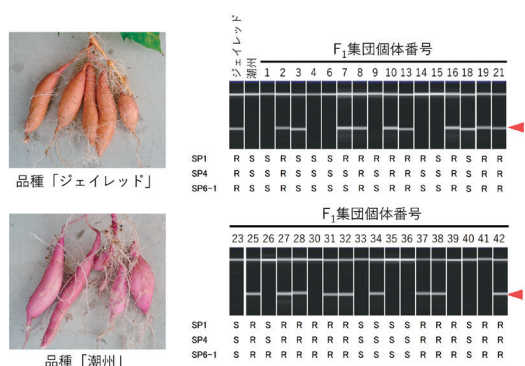


図3 サツマイモネコブセンチュウ抵抗性判別用DNAマーカーの開発
左側はF₁集団の親となった線虫抵抗性品種「ジェイレッド」と感受性品種「潮州」。右側は抵抗性判別用DNAマーカー(赤矢印)の電気泳動像。電気泳動像下段の文字はF₁集団の各個体が線虫レースSP1、SP4、SP6-1のそれぞれに対して抵抗性(R)または感受性(S)であることを示す。DNAマーカーを持つ個体の多くが、各レースに抵抗性となっている。(写真およびデータは農研機構田淵宏朗氏提供)

塊根の収量については青果用の紫サツマイモ品種「パープルスイートロード」とインドネシアから導入された遺伝資源「90IDN47」のF₁集団を用い、熊本と沖縄の2地点の収量データについて解析が行われている⁶⁾。GWAS解析の結果、収量との関連が見られる遺伝子領域が2地点で異なったことから、収量を制御する遺伝子が環境条件によって異なる可能性が示唆されている。同じ論文の中では、アリモドキゾウムシに対する抵抗性の遺伝解析も行われており、抵抗性に関与すると推測される遺伝子領域が見出されている。

塊根の皮色と地上部の節間長について

は、品種「徐薯18号」と六倍体のメキシコアサガオのF₁集団を形質評価したデータをもとに、上述のngsAssocPolyによって解析が行われ、それぞれの形質に関連する遺伝子領域が検出されている³⁾。このうち、節間長に関連する遺伝子領域は対立遺伝子の構成比率を考慮しないGWAS手法では検出困難な遺伝子領域であった。

現在までのところ、国内においてゲノム情報を用いた遺伝解析の結果をもとにDNAマーカーが設計されたのは、センチュウ抵抗性の判別マーカーのみである。一方、塊根のアントシアニン色素の蓄積については、分子生物学的なアプローチにより制御遺伝子が特定され⁷⁾、その配列をもとにDNAマーカーが作成されている⁸⁾(図4)。また、著者らはアントシアニンの生合成経路の酵素遺伝子の変異を元にDNAマーカーを作成し、交配・選抜によって変異を集積することで、これまでとは異なるアントシアニン組成を有する系統を作出することに成功した⁹⁾。今後、他の形質についても研究が進み、育種に利用可能なDNAマーカーが開発されることを期待したい。

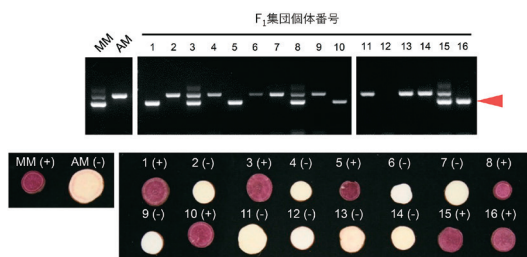


図4 塊根のアントシアニン蓄積と連鎖するDNAマーカーの開発。
上段は品種「ムラサキマサリ」(MM)と品種「アヤムラサキ」の肉色変異体(AM)を交配したF₁集団におけるDNAマーカー(赤矢印)の電気泳動像。下段は両親およびF₁集団各個体の塊根断面。括弧内の+、-はDNAマーカーの有無を示す。マーカーを持つ個体は塊根にアントシアニンが蓄積している。

4 サツマイモ育種におけるDNAマーカーの利用可能性

上述のようにサツマイモにおいてDNAマーカーが設計された農業形質は少なく、現時点で国内のサツマイモの育種にDNAマーカーは利用されていない。遺伝解析によって得られたDNAマーカーが適用可能な範囲は、基本的に解析集団の作成に用いた交配親と同じ有用遺伝子を持つ親から得られた集団に限られるため、遺伝解析で有用形質に関連した遺伝子領域が明らかとなっても、すぐに育種集団に適用可能というわけではない。サツマイモは他殖性でヘテロ性も高いため、イネなどの自殖性の作物で行われているように、戻し交雑とDNAマーカー選抜を組み合わせることで既存品種の弱点をピンポイントで改良することは出来ない。そのため、サツマイモでDNAマーカー育種を実現していくためには、遺伝解析で見出された有用遺伝子を育種集団に取り入れていくための、中間母本のような育種素材の開発が重要になると考えられる。上述のアントシアニン組成を改変した変異系統については、多収品種や高アントシアニン品種と交配を行い、再度変異を集積した系統を作出している。これらの系統については育種のための交配母本として提供し、その利用可能性を評価中である。

育種素材の開発に留まらず、DNAマーカーを系統選抜のための技術として活用していくには、さらにいくつかの条件をクリアする必要がある。一般的に遺伝解析やDNAマーカー開発に適した形質は評価が行いやすく、それぞれの形質についてはDNAマーカーを利用するよりも、圃場試験などで形質を評価した方が簡便な場合が

多い。上で紹介したセンチュウの各レースに対する抵抗性は圃場での検定が難しく、室内での検定も時間と労力を要するため、DNAマーカーの利用価値が高い形質である。圃場等で簡単に評価が可能な形質でも、いくつかの形質をまとめてDNAマーカーで評価できるようになれば、DNAマーカー選抜の有効性が高まると考えられる。

現在のところ、サツマイモから高品質のDNAを低コストかつ迅速に調整することが難しいため、DNA抽出手法の改善も必要である。DNAマーカーの検出手法も多数あるが、なるべく品質の低いDNAにも対応可能な検出手法でDNAマーカーを設計しておくことも重要である。

育種においてDNAマーカーによる選抜が効果を発揮するのは遺伝的な多様性が最も高い実生世代における選抜であると考えられる。しかし、サツマイモの場合、実生世代の個体数は毎年数万個体に上り、DNAマーカー選抜を実施するためには、多数の個体に番号等をつけて管理する必要がある。このようにDNAマーカーを育種選抜に利用するためには、長年にわたって行われてきたサツマイモ育種のシステム自体を一部見直す必要がある。今後DNAマーカーの開発が進めば、品種育成に携わる研究者と協力してDNAマーカーを用いた新たな育種システムを模索していく必要があると考えられる。

参考文献

- 1) Hirakawaら (2015) DNA research, 22: 171-179.
- 2) Shirasawaら (2017) Scientific Reports, 7: article number 44207.

- 3) Yamamoto ら (2020) G3, 10: 2661-2670.
- 4) Sasai ら (2019) DNA Research, 26: 399-409.
- 5) Haque ら (2020) Breeding Science, 70: 283-291.
- 6) Okada ら (2019) Plant Cell Reports, 38: 1383-1392.
- 7) Mano ら (2007) Plant Physiology, 143: 1252-1268
- 8) Tanaka ら (2012) Molecular Breeding, 29: 565-574.
- 9) Tanaka ら (2019) Molecular Breeding, 39: article number 152.