

バレイショとサツマイモの品種開発の効率化に向けたDNAマーカー迅速作製法の開発

農研機構 作物研究部門 作物デザイン研究領域
作物デザイン開発グループ 上級研究員

やまかわ ひろもと
山川 博幹

1. バレイショとサツマイモの品種開発の難しさ

バレイショとサツマイモは、重要な畑作物として全国で栽培されているが、種いもや苗で増殖するため、それらの調整に手間がかかる。品種開発や研究開発に携わる者にとっても、育成したいもを、穀物種子のように冷蔵貯蔵庫で長期間そのまま保管することができず、毎年種いもや苗を植え継いで維持していくのは、たいへん手間がかかり、その分の場所も必要となる。いかにして良い性質をもったいもだけを効率よく選んでいくかは、いもの品種開発において重要な問題である。

さらに、バレイショとサツマイモの品種開発の難しいところは、染色体セットが多いため、非常に複雑な遺伝を示すことである。図1にある通り、イネなどの主要な作物や、われわれヒトも、その姿形を決めている遺伝子は、よく似たセットが1組ずつ、2組の染色体に存在しており（二倍体という）、それぞれセットで遺伝する。1つの遺伝子が父親と母親から子供へ受け継がれる組み合わせはわずか3通りに過ぎない。ところが、バレイショは4組、サツマイモは6組の染色体をもつため（それぞれ四倍体、六倍体という）、1つの遺伝子の受け継がれ方だけでも、36通り、400通りにも

	イネ	バレイショ	サツマイモ
			
	二倍体	四倍体	六倍体
染色体セット数	2組	4組	6組
遺伝子組み合わせ数	少	多	非常に多
目的遺伝子の検出	易	難	非常に難
DNAマーカー作製	易	難	非常に難

図1 バレイショとサツマイモのゲノムとDNAマーカー作製について

なる。このため、バレイショやサツマイモの品種開発の現場の感覚としては、異なる品種の交配で得られる子供の種類は無限にあるといった印象である。そんな一期一会のなかで新しい品種が誕生している。

2. DNA マーカーで品種開発を効率化

農研機構では現在、バレイショは北海道芽室で5名、サツマイモは宮崎県都城と茨城県つくばで6名の育種家たちが品種開発を支えており、育種家でない筆者にとっては憧れの存在である。そんな少数精鋭の育種家が、より良いものを選んでいますが、病気に強い、美味しいといった重要な性質は、病原菌を接種して発病程度を評価したり、いもを調理して食べたりしないと評価できないため、たいへん手間がかかる。また、調査できる数も限られる。これらの性質も遺伝子によって決まっているため、関わる遺伝子のDNAの配列の違い（DNA上の目印なので、DNAマーカーと呼ぶ）を見つけ出すことができれば、ヒトの病気の診断などと同様に、PCRで簡単に優れた個体を判別することが可能となる。交配して得られる多数の個体について、苗の段階で予めDNAを分析して、病気に強く、美味しいものだけを選んで、畑に植えることができれば、最終的に捨てられて無駄になってしまう個体にかかる手間を大幅に減らすことができる。また、最初から“ハズレ”を避けておくことで、“アタリ”を引く確率も高められる。実際にバレイショの品種開発では、種いもを得る際に、後述する苦労して作製したDNAマーカーを使ってウイルス病や疫病などの重要な病気に対して強い個体を選んでおり、作業の効率化に役

立っている。そこで、筆者らは、品種開発のさらなる効率化を目指して、バレイショとサツマイモのDNAマーカー迅速作製法の開発を試みた。

3. 難しかったDNAマーカー開発

DNAマーカーを作製するうえでも、バレイショとサツマイモの染色体セットの多さは問題となる（図1）。バレイショやサツマイモの品種開発では、病気に強いことや、特徴的な色、味、調理特性をもつものを見つけてきて、その遺伝子を取り入れることで、その部分が強化された新品種を育成している。このため、これらの目的とする特徴をつかさどる遺伝子がどの染色体のどのあたりにあるのかを明らかにして、その箇所でDNAマーカーを作ることになる。染色体セット数が多いと、よく似たDNA配列が多数あるため、遺伝子の位置を見極める作業も難易度が上がる。

このように難しいバレイショ、サツマイモであっても、これまでもDNAマーカーの作製が試みられてきた。図1の赤丸で示されているように、多くの場合は、新品種に取り入れたい有用な目的遺伝子は1つの染色体のみに存在している。そこで、よく似た配列をもつ染色体セットの中から、染色体1本ごとを区別して、子供への受け継がれ方を調べる必要がある。そのためには、交配して得られた子供たちのすべての個体についてDNA配列を大量に解読して、高性能な大型コンピューターで計算して、目的とする性質といっしょに受け継がれるDNA配列を見つけ出す必要があった。複数の研究グループが綿密に協調した作業となるため、たった1つのDNAマーカーを

作製するために年単位の期間を必要とした。それでも、粘り強い共同作業のおかげで、2019年に、イギリスでバレイショのセンチチュウに対して強くなる抵抗性のDNAマーカーが作製され、国内でも岡山大学、農研機構、かずさDNA研究所の共同グループによりサツマイモのセンチチュウ抵抗性や紫いもの色のDNAマーカーの作製に至った（いも類振興情報145号36-40ページの田中の記事を参照されたい）。

しかしながら、バレイショやサツマイモの産地では、農薬散布だけでは防ぎきれない病虫害がまだまだ多くあり、それらに対する抵抗性品種の迅速な開発や普及が切望されている。また、バレイショは野菜として調理して食べる以外にも、ポテトチップスなどへの加工、デンプン（片栗粉）の製造など、多様な用途があり、サツマイモもホクホクからネっとりまで多様な食感のいもが求められるなど、市場ニーズは多様化している。以前よりも、スピード感のある

品種開発が期待されており、それに伴って、DNAマーカー開発もさらなる迅速化が必要となっている。

4. 最新型DNAシーケンサーの開発が転機に

筆者らは、最近、石川県立大学と共同で、バレイショとサツマイモのDNAマーカーを短期間で作製する方法を開発した。これまでのバレイショやサツマイモのDNAマーカー作製法は、図2に示した通り、交配で得られた子世代の全個体について個別にDNA配列を解読し、個体ごとに配列の受け継がれ方の関連性を調べるための複雑な計算（遺伝地図作成や連鎖解析）が必要で、それぞれの作業に大きなコストと時間がかかることが課題であった。そこで、筆者らは岩手生物工学研究センターで開発されたQTL-seq法（キューティーエル・セック法）に着目した。この方法では、交配で得られた個体を、目的とする性質を受け継

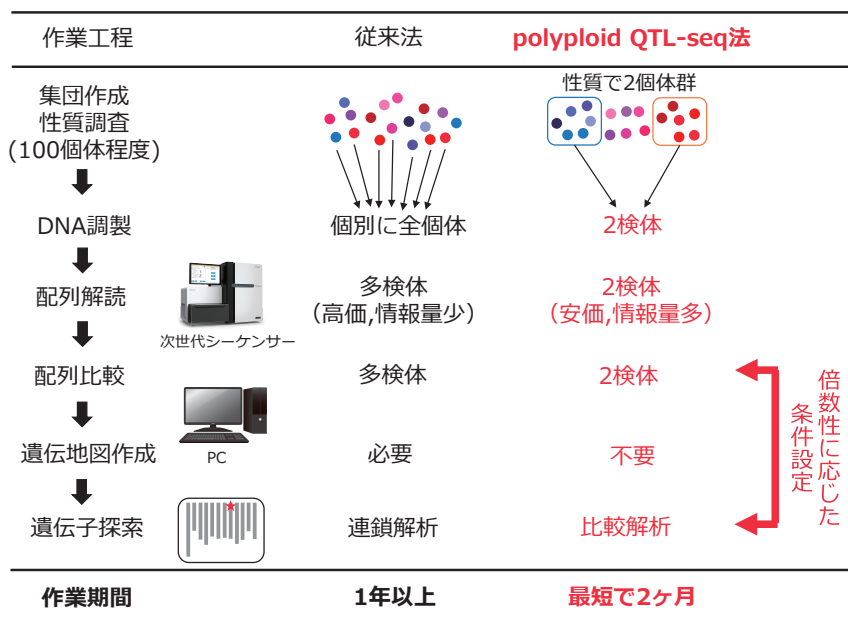


図2 従来法とpolyloid QTL-seq法の比較

いだ個体と、受け継がなかった個体の2グループに分けて(図2で赤丸と青丸で示す)、グループごとに1つにまとめてDNA配列を解読し、グループ間で配列が異なるところを見つけ出すという方法である。これにより、DNA配列を解読する検体の数を大幅に削減できるとともに、その後のコンピューターによる解析も2つの配列の違いのみを調べるため、解析プログラムもシンプルなものとなる。

しかしながら、QTL-seq法はイネなどの2組の染色体をもつ二倍体の作物のみに対応した方法であったため、4組や6組の染色体をもつバレイショやサツマイモに適用できるように改良する必要がある。複数組ある染色体セットの染色体1本ずつを網羅し、それぞれ区別して調べるためには、DNA解列を大量に解読する必要がある。これまでは、コストがかかりすぎて、すべての遺伝子を完全に網羅することは現実的ではなかった。ところが幸運なことに、ちょうど筆者らが研究に着手した時期に、DNAの配列を解読するシーケンサーの新型機が開発され、大量の配列を安価に解読できるようになった。そこで、大量に得られた配列データを用いて、1本ずつの染色体を区別して子世代への受け継がれ方を調べるための解析条件を構築し、適用したところ、バレイショやサツマイモでもQTL-seq法で、バレイショのセンチュウ抵抗性と、サツマイモの紫いもの色のDNAマーカーがそれぞれ作製できることが明らかとなった。筆者らはこの方法を、四倍体、六倍体などの倍数体の作物に適用できるQTL-seq法ということで、polyploid QTL-seq法(ポリプロイド・キューティーエル・

セック法)と命名した(Yamakawaら、2021)。これらのことが転機になり、筆者らのような小さな研究グループでもpolyploid QTL-seq法を用いれば、大きな予算を必要とせずに、わずか数か月でバレイショとサツマイモのDNAマーカーを作製できるようになった。

5. 今後の展開

polyploid QTL-seq法はまだ開発されたばかりで、バレイショの既知のセンチュウ抵抗性、サツマイモの紫イモの色素蓄積など、1つの遺伝子のみが関わる単純な遺伝を示す事例で、迅速なDNAマーカー作製が実証されたところである。一方、品種開発で改良される多くの性質は複数の遺伝子が関わっている。そのような複雑な遺伝を示す性質については、十分な検証がなされていない。まだまだ多くの事例での検証が必要である。今後は、いもの加工品質や病害抵抗性など、品種開発における重要な性質についてDNAマーカーを作製し、産地や実需者のニーズに応える品種の迅速な開発に役立ててまいりたい。

また、2組を超える染色体セットをもつ作物には、バレイショ、サツマイモ以外にも、サトウキビ、キク、バラなどがある。今回開発したpolyploid QTL-seq法は設定値を変えることで、これらの作物へも適用可能と考えられるので、今後は幅広い作物について貢献できるよう取り組みを進めてまいりたい。

(発表論文) Yamakawaら (2021) *Plant Biotechnology Journal* 19 (10): 2040-2051