



PRESS RELEASE

本リリースは以下の宛先に配信しています。

岡山大学記者クラブ、文部科学記者会、科学記者会

令和 2 年 11 月 20 日

岡 山 大 学

理 化 学 研 究 所

科 学 技 術 振 興 機 構

報道解禁：令和2年11月26日（木）午前1時（新聞は26日朝刊より）

オオムギ遺伝資源のゲノム多様性を解明 ーオオムギのデジタル育種の実現が期待ー

◆発表のポイント

- ・岡山大学と理化学研究所が参加した国際研究グループは、最新の塩基解読法および整列技術によって 20 品種のオオムギにおける染色体単位のゲノム¹⁾ 配列解析に成功しました。
- ・品種間で遺伝子²⁾ 領域配列の 63%が共通で、残りの 37%は異なることがわかりました。
- ・本成果によりオオムギのデジタル育種³⁾ が進み、品種をデザインする技術の開発が期待されます。

岡山大学資源植物科学研究所の佐藤和広教授、平山隆志教授、理化学研究所環境資源科学研究センターの持田恵一チームリーダー（岡山大学資源植物科学研究所特任教授）らの共同研究グループは、2 万種類以上のオオムギから、ゲノムの部分配列による遺伝子鑑定で選んだ 20 品種を、最新の塩基解読法および整列技術で個別に解読し、世界中のオオムギに含まれる DNA⁴⁾配列の概要を明らかにしました。

オオムギは 7 対の染色体を持ち、そのゲノム配列は約 50 億塩基対と巨大で、ヒトの 1.7 倍、イネの 13 倍もあります。オオムギでは、これまで単一の品種の精密な塩基配列を基に、別な品種の配列を重ねることで、遺伝子同定や遺伝子鑑定技術の開発をしていました。しかし、この方法では、目的とする品種の遺伝子配列が元の品種になれば、解析することは困難でした。

このため、本研究グループは 20 種類の野生および栽培オオムギを個別に高精度解読して、オオムギの DNA 配列の概要を得る「パンゲノム¹⁾ (Pan Genome)」解析を行いました。その結果、品種間で遺伝子領域配列の 63%が共通で、残りの 37%は異なることがわかりました。また、この解析から、過去の育種の過程で起きたゲノム構造の逆位を確認しました。

この研究成果は、イギリス時間 11 月 25 日 16:00（日本時間 26 日 1:00）に英国科学雑誌「Nature」オンライン版に掲載されました。

本研究での複数品種の高精度解読によって、有用形質に関わる遺伝子の解析や育種への応用が可能となるほか、本研究の進展によって、オオムギのデジタル育種が可能となり、目的とする品種をデザインする技術の開発が期待されます。



PRESS RELEASE

■発表内容

<現状>

オオムギは、コムギ、イネ、トウモロコシに続く第4位の重要な穀物です。そのため、世界中には約50万ものオオムギの栽培品種や野生オオムギが保存されています。

オオムギは7対の染色体を持ち、そのゲノム配列は約50億塩基対と巨大で、ヒトの1.7倍、イネの13倍もあります。これまで、岡山大学を含む国際コンソーシアムでは、2006年から概要ゲノム配列の解析を進め、10年以上をかけて、単一品種の染色体単位の高精度なゲノム情報を公開しました。しかし、解読品種とは別の品種の特性に関わる遺伝子を特定する際に、解読品種のゲノム配列にその遺伝子配列が存在しない事例が複数報告されてきました。

また、育種や遺伝学の研究では、両親に由来する雑種個体の配列の違いをDNAマーカー³⁾によって遺伝子鑑定し、目的とする性質や遺伝子を決定します。その際、両親の間でDNAマーカーを作成するためには、複数品種のゲノム配列を取得することが効率的であるとされてきました。このため、世界中で収集されたオオムギに含まれるゲノムの全容（パンゲノム）を解明することが望まれていました。

一方、ゲノムの小さなイネなどでは、既存の技術で多数品種のゲノム解読ができるので、すでにパンゲノム情報が得られていました。しかし、オオムギのように巨大なゲノムを持つ生物種で、高精度な染色体単位のゲノム配列を取得することは時間的、経済的に容易ではなく、新しい技術の開発が待たれていました。

<研究成果の内容>

最近、オオムギのように巨大なゲノムを効率よく解読する技術が世界中で開発されています。今回、岡山大学が提供したオオムギを含む、2万種類以上の栽培品種や野生オオムギのゲノムの部分配列による遺伝子鑑定をドイツの研究所で行い、世界中で収集されたオオムギを代表する20品種を選び出しました。

本研究では、この20品種をそれぞれゲノム解読し、染色体単位の配列を取得しました。これらはすでに公開されているゲノム配列の誤りを修正できる精度で解析されています。これら20品種の配列のうち、ゲノム内で重複がなく（single copy）、遺伝子が含まれる領域を相互に比較したところ、全体でその領域は6億塩基あまりあり、20品種で共通する領域が63%、共通しない領域が37%あることが分かりました。このことは遺伝子全体の3分の2は品種間で配列の比較ができますが、3分の1は比較できないことを示しています。また、品種の系譜の中で、染色体の一部が大きく切断されて逆の位置で接合（逆位）した品種が出現し、それが以降の品種に遺伝するというプロセスによって育種が進んできたことが明らかになりました。このような品種と逆位のない品種を掛け合わせると、雑種で穀粒の稔りや生育が劣る現象も現れますが、本研究でその存在が複数確認されました。



PRESS RELEASE



図 1 岡山大学で保存されているオオムギ遺伝資源

<社会的な意義>

今回の研究で解析した 20 品種のゲノム情報は 2 万種類を超える栽培品種および野生オオムギの多様性が最大となるように選ばれており、オオムギのゲノムに含まれる塩基配列の大意が明らかになったと考えられます。この中には、岡山大学の遺伝資源を代表する我が国の食用オオムギ在来品種およびネパールの在来品種をはじめ、ゲノム編集に用いるイギリスの醸造用品種などが含まれています。今回の研究によって、オオムギに存在する多くの遺伝子およびそれが位置するゲノム構造の研究を進めるうえで、欠くことのできない情報が得られました。

パンゲノムは今後も研究が継続される予定で、岡山大学においては保存されている約 2 万点のオオムギ遺伝資源を解読することが究極の目的となります。その解読にはさらなる技術的な改良が必要ですが、新規の技術が開発されるたびに、解析にかかるコストおよび時間は急激に低下しているので、実現する可能性は高いと考えられます。将来、オオムギ遺伝資源の解読が完了すれば、これらの遺伝資源を交雑して育種する際に、交雑親のゲノム配列情報に基づいて、ゲノム配列をデザインしながら目的の品種を開発するデジタル育種が可能となると考えられます。

■論文情報

論文名：The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding

邦文題名「オオムギのパンゲノムは育種の隠れた過去の出来事を明らかにする」

掲載紙：Nature



岡山大学
OKAYAMA UNIVERSITY



PRESS RELEASE

著 者 : Murukarthick Jayakodi^{1,§}, Sudharsan Padmarasu^{1,§}, Georg Haberer², Venkata Suresh Bonthala², Heidrun Gundlach², Cécile Monat¹, Thomas Lux², Nadia Kamal², Daniel Lang², Axel Himmelbach¹, Jennifer Ens³, Xiao-Qi Zhang⁴, Tefera T. Angessa⁴, Gaofeng Zhou^{4,5}, Cong Tan⁴, Camilla Hill⁴, Penghao Wang⁴, Miriam Schreiber⁶, Lori B. Boston⁷, Christopher Plott⁷, Jerry Jenkins⁷, Yu Guo¹, Anne Fiebig¹, Hikmet Budak⁸, Dongdong Xu⁹, Jing Zhang⁹, Chunchao Wang⁹, Jane Grimwood⁷, Jeremy Schmutz⁷, Ganggang Guo⁹, Guoping Zhang¹⁰, Keiichi Mochida^{11,12,13}, Takashi Hirayama¹³, Kazuhiro Sato¹³, Kenneth J. Chalmers¹⁴, Peter Langridge¹⁴, Robbie Waugh^{6,14,15}, Curtis J. Pozniak³, Uwe Scholz¹, Klaus F. X. Mayer^{2,16}, Manuel Spannagl², Chengdao Li^{4,5,17*}, Martin Mascher^{1,18,*}, Nils Stein^{1,19,*}

所 属

¹Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben, Seeland, Germany

²Plant Genome and Systems Biology, Helmholtz Center, Munich, Germany

³Department of Plant Sciences, University of Saskatchewan, Saskatoon, Canada

⁴College of Science, Health, Engineering and Education, Murdoch University, Western Australia, Australia

⁵Department of Primary Industries and Regional Development, South Perth, WA, Australia

⁶The James Hutton Institute, Dundee, UK

⁷HudsonAlpha, Institute for Biotechnology, Huntsville, AL, USA

⁸Montana BioAg Inc., Missoula, Montana, USA

⁹Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing, China

¹⁰College of Agriculture and Biotechnology, Zhejiang University, Hangzhou, China

¹¹RIKEN Center for Sustainable Resource Science, Yokohama, Japan

理化学研究所環境資源科学研究センター

¹²Kihara Institute for Biological Research, Yokohama City University, Yokohama, Japan

横浜市立大学木原生物学研究所

¹³Institute of Plant Science and Resources, Okayama University, Kurashiki, Japan

岡山大学資源植物科学研究所

¹⁴School of Agriculture, Food and Wine, University of Adelaide, South Australia, Australia

¹⁵School of Life Sciences, University of Dundee, Dundee, UK

¹⁶School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich, Germany

¹⁷Hubei Collaborative Innovation Centre for Grain Industry, Yangtze University, Jingzhou, Hubei, China

¹⁸German Centre for Integrative Biodiversity Research Halle-Jena-Leipzig, Leipzig, Germany

¹⁹Center for Integrated Breeding Research, Georg-August-University Göttingen, Göttingen, Germany



PRESS RELEASE

U R L : <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2947-8>

D O I : <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2947-8>

■研究資金

本研究は、科学技術振興機構 未来社会創造事業（重点公募テーマ「ゲームチェンジングテクノロジー」による低炭素社会の実現、課題名：超開花性による高バイオマス雑種オオムギ育種法の開発、研究代表者：佐藤和広）および戦略的基礎研究創造事業 CREST（領域名：環境変動に対する植物の頑健性の解明と応用に向けた基盤技術の創出、課題名：データ科学に基づく作物設計基盤技術の構築、研究代表者：平山隆志）の支援を受けて実施しました。

■補足・用語説明

<用語説明>

1) ゲノムとパンゲノム

ゲノムとはそれぞれの品種（個体）が持つ遺伝情報の一セットで、全 DNA 塩基配列を指すこともあります。ゲノムは一つの品種で解析されることが多いので、このようなゲノム配列には生物種の遺伝情報がすべて含まれているわけではありません。一方、生物種が持つすべての遺伝情報はパンゲノムと呼ばれています。パンゲノムを解析する目的は、(1) 品種間で一致するゲノム領域と (2) 品種間で異なるゲノム領域を同定することであり、後者には遺伝子の存在の有無、反復配列の回数およびゲノムの物理的な構造の変化などが含まれます。

2) 遺伝子

遺伝子は、「メンデルの法則」で有名なメンデルが、親から子へ受け継がれていく遺伝物質として仮定した因子であり、実際には DNA 配列の一部を指します。細胞中のたんぱく質を構成するアミノ酸の配列は遺伝子の DNA 配列が決めています。このため遺伝子はたんぱく質の設計図であり、たんぱく質がいろいろな機能を発揮することを通じて生物の形質を決定しています。遺伝子の変異は塩基配列が変化することで、この変異によってはたんぱく質の性質の変化が引き起こされることがあります。

3) DNA マーカーとデジタル育種

有用な形質は遺伝子の働きの結果として表れることから、形質に関連する DNA 配列の差異を形質の目印として利用する技術が開発されてきました。この目印を DNA マーカーと呼び、DNA マーカーを利用した選抜育種技術を DNA マーカー（選抜）育種と呼びます。目印として利用される DNA 配列としては、ゲノムの中でも特に遺伝子配列にある両親間の DNA 配列の差異が用いられます。DNA マーカー育種は従来の育種法と比べて (1) 幼苗段階で遺伝子の有無が判定できるため、選抜に要する時間と手間を省くことができる、(2) 遺伝子そのものを指標に選抜するため、有用形質と一緒にゲノム上で近くにある不良形質と一緒に導入してしまうリスクが少なくなる、などの利点があり、これらを利用して、オオムギの種子休眠性を選抜して雨でも生育中の穂で発芽するのを防いだり、酸性土壌でも根が障害を受けずに収量を維持したりする耐性を獲得する育種が行われていま



PRESS RELEASE

す。

多様な品種について染色体レベルの塩基配列情報を利用することができれば、染色体上のあらゆる領域に DNA マーカーを作成することが可能になります。育種の素材となる品種の塩基配列情報と形質の情報をデジタルデータとして整備することで、遺伝子やゲノム領域の組み合わせに基づいて形質を予見しながらゲノム配列をデザインし、望ましい形質をもつ品種を効率よく開発するデジタル育種が可能になると考えられます。

4) DNA (デオキシリボ核酸)

DNA の単位は糖 (デオキシリボース、図では D)、リン酸 (図では P) からなる基本骨格と、4 種類の塩基 (A=アデニン、T=チミン、G=グアニン、C=シトシン) 部分から構成されます。各塩基は糖とリン酸を介してつながって長い鎖状になっており、また生体中の DNA は通常は 2 本の鎖から構成されるらせん状の (図参照) 構造をとっています。DNA では 4 種類の塩基 A、T、G、C の並び順 (配列) が重要です。

<お問い合わせ>

・ 研究に関すること

岡山大学 資源植物科学研究所 教授 佐藤 和広

(電話番号) 086-434-1244

・ JST事業に関すること

科学技術振興機構 未来創造研究開発推進部 大矢 克

(電話番号) 03-3512-3543

・ 広報に関すること

岡山大学 総務・企画部広報課

(電話番号) 086-251-7292

理化学研究所 広報室 報道担当

科学技術振興機構 広報課

(電話番号) 03-5214-8404