

[成果情報名] ギニアヤムのゲノム情報の解読および性別判別マーカーの開発

[要約] ヤマノイモ(*Dioscorea*)属作物の一種であるギニアヤム(*D. rotundata*)の全ゲノム配列を世界に先駆けて解読した。得られたゲノム情報からギニアヤムの性別を決定するゲノム領域を同定した。この領域に特異的な性別判別マーカーを用いることで品種改良を加速できる。

[キーワード] ギニアヤム、全ゲノム配列、性別決定領域、DNA マーカー、品種改良

[所属] 国際農林水産業研究センター 熱帯・島嶼研究拠点

[分類] 研究

[背景・ねらい]

アフリカではヤムが主食として広く栽培され、「ヤムベルト」と呼ばれる西アフリカのギニア湾岸一帯で、世界の生産量の約 95% (5,400 万トン) が生産されている (図 1)。特にギニアヤム(*D. rotundata*)は、この地域の食生活に欠かすことのできない重要な主食作物であると共に、農家の主要な換金作物である。しかし、利用対象が地下部であり、経時的な栽培試験や調査が難しいなどの理由から、生産性や品質向上に向けた育種研究はほとんど進んでいなかった。また、雌雄が品種・系統によって異なり、開花しないと性別が判断できないことも効率的な育種の大きな妨げとなっていた。こうした状況を踏まえ、ヤムの育種の効率化を図るため、その基盤となる科学的情報の整備や技術開発に関する国際共同研究を実施している。本研究では、ヤムの DNA 情報に基づいた育種を可能にするため、ギニアヤムのゲノム配列を解読する。また、ゲノム情報を基に性別を決定する遺伝子座を同定し、幼植物期での性別の推定を可能にする DNA マーカーを開発する。

[成果の内容・特徴]

1. フローサイトメトリーによるゲノムの推定値を超す 594Mb (5.94 億塩基) を解読した結果、合計で 26,198 個の遺伝子があると推定される (図 2)。
2. この内、ゲノム配列が決定されているモデル植物 3 種 (イネ、シロイヌナズナ、ミナトカモジサ) で推定された遺伝子と相同な (祖先を共通とする) 遺伝子は 5,557 個、独自の遺伝子は 12,625 個である (図 2)。
3. 雌雄の分離が認められたギニアヤム F₁ 分離集団 (雄株と雌株の交雑によって生じる第一代目の子孫) の全ゲノム配列の解析により、ギニアヤムの雌がもつ特有の DNA 配列を含む遺伝子領域を特定し、この領域の配列を基に開発した DNA マーカーにより幼植物期のギニアヤムの雄株・雌株推定が可能である (図 3)。

[成果の活用面・留意点]

1. 開発した性別判別マーカーを用いることで、通常の栽培では確実な性別の判別に 2~3 年を要するところ、幼植物期に開花を待たずに優れた性質を持つ品種・系統を育種親として選定できるとともに、試験栽培で扱う個体数や圃場面積も縮小できる等、ギニアヤムの育種の効率化が期待できる。
2. F₁ 集団や多様な遺伝資源にゲノム解析技術を活用し、効率的なヤムの遺伝解析を可能にするためには、今後、農業・品質形質の評価をさらに進める必要がある。
3. 農業・品質形質の遺伝解析により、将来的にギニアヤムの生産性や栄養価の改良を加速し、西アフリカにおける食料生産、栄養改善に貢献することが期待できる。また、ギニアヤムのゲノム情報を利用することで、他のヤマノイモ属作物の育種の効率化にも貢献できる。

[具体的データ]



図 1 西アフリカにおけるヤムの栽培 (左) とヤム市場 (右)

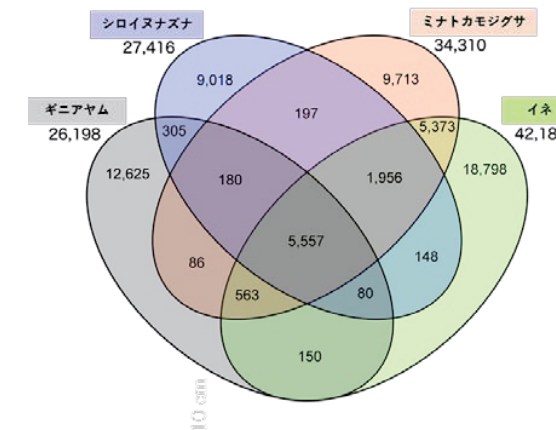


図 2 ギニアヤムと主なモデル植物の遺伝子の比較

ギニアヤムのゲノム解析による遺伝子と、ゲノム配列がわかっている主なモデル植物における遺伝子との比較。数字は遺伝子数。楕円の外は各植物で推定された合計遺伝子数 (重複遺伝子を含む)。楕円内の数はそれぞれの比較で相同な遺伝子の数 (重複遺伝子群は 1 つとする)。

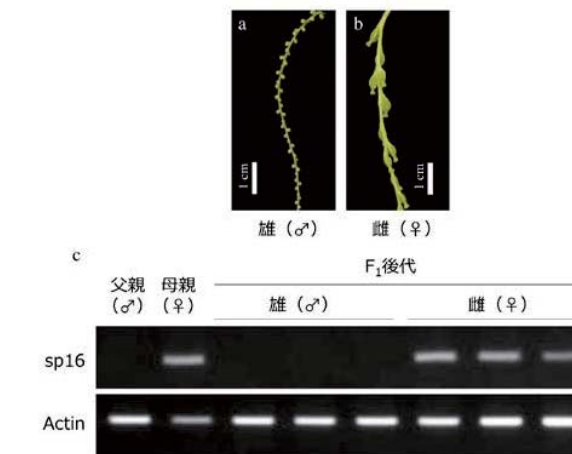


図 3 DNA マーカーを用いたギニアヤムの性別推定

(a) 雄花。(b) 雌花。(c) 雌株の決定に関わる遺伝子領域の近傍にある配列の DNA マーカー (sp16) を用いたところ、雄株と雌株を交雑した F₁ 後代のうち、雄花 (♂) を付けた株では DNA が検出されず、雌花を付けた株 (♀) では DNA が検出された (赤矢印の位置のバンドの有無)。下段 (Actin) はコントロールとして検出したアクチン遺伝子。

[その他]

研究課題：アフリカの食料問題解決のためのイネ、畑作物等の安定生産技術の開発
 プログラム名：熱帯等の不良環境における農産物の安定生産技術の開発
 予算区分：交付金 [熱帯作物開発]、交付金 [アフリカ食料]
 研究期間：2017 年度 (2011~2020 年度)
 研究担当者：山中慎介、村中聡、高木洋子、Tamiru M・寺内良平 (岩手生工研)、Asiedu R (国際熱帯農業研究所)
 発表論文等：Tamiru M et al. (2017) BMC Biology, 15:86