

コメのサイズを制御する遺伝子の発見 ～穀物の増産を目指した育種の可能性～

芦刈基行

名古屋大学・生物機能開発利用研究センター

1. 研究の背景

現在、栄養不良の人々は世界で約8億500万人に達し、9人に1人が十分な食糧を得ることができません。全世界において、飢餓と栄養不良は未だ健康をおびやかす最大のリスクです。エイズ、マラリア、結核の健康へのリスクを合わせたものよりもさらに大きいのです。世界では、飢餓やそれに関連する病気のため、毎日2万5千人が命を落としており、そのうち、5歳以下の子どもは1万4千人を占め、6秒に1人、子どもが飢えを原因として命を落としています（WFP: World Food Programmeより）。先進国では医療技術が発達し平均寿命が劇的に上昇したこの現在にも関わらず、世界に目を向けると、飢餓による死が未だ主要要因です。現在、68億人の世界人口も、増加の一途をたどっており、2050年には90億を超えると予想され、また、世界の人口増加率（年1.4%）は食糧増加率（年1%）を超過しているため、今後、食糧問題はますます深刻化すると予想されています。食糧の需要を満たす為には、2025年までにさらに50%の穀物増産が必要とされています。食糧問題は人類の存続がかかった、人類が人類自身で解決しなければならない最もプライオリティーの高い世界共通の問題の1つです。

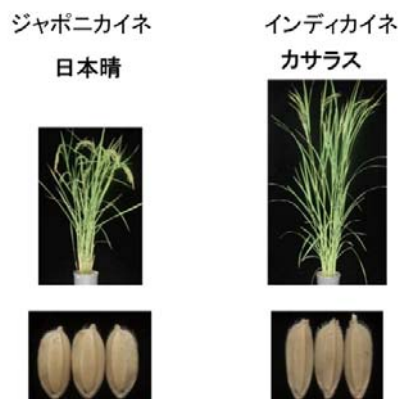
地球上には約30万の植物種があると考えられていますが、エネルギーベースで見たときに、農業生産の99%をわずか24種類の栽培植物が占めています。その中でも、イネ、コムギ、トウモロコシの3穀類は人間の摂取カロリーの50%を供給しています。

現在、食糧不足に対応するために、主要穀類の収量（生産力）増加につながる研究成果が求められています。その中でもイネは23%のエネルギーを人類に供給しており（コムギ17%、トウモロコシ10%）、イネの人類へのエネルギー供給源としての価値は計り知れないものです。特にイネはアジアの人々の主食であり我々アジア人の文化にも深く根付いた生活の1部となっています。我々はイネの収量を増加させる遺伝子の同定を試みると共に、収量増加遺伝子を利用した育種を通して食糧問題軽減へのチャレンジを行っています。

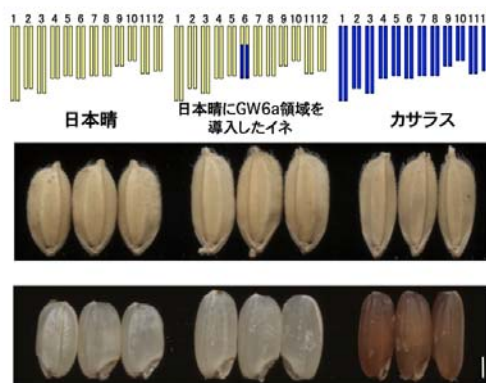
2. 研究の概要

名古屋大学・生物機能開発利用研究センターの芦荻基行を中心とする研究チーム（注1）はコメの大きさ（種子のサイズ）を制御する遺伝子の同定を進めてきました。

我々日本人が食べているお米はジャポニカイネと呼ばれ、コメの形は短く少し丸みを帯びた形をしています。一方、東南アジアの人々が食べているお米はインディカイネと呼ばれ、コメの形は細長い形をしています。研究にはジャポニカイネの「日本晴」とインディカイネの「カサラス」を供試しました。「日本晴」は「カサラス」に比べ植物体が小さく、コメの形も丸みを帯びています。逆にカサラスの種子は細長い粒型をしています。



両者のコメの形が違うことから、コメの形を決める遺伝子の存在が想像されました。そこで、研究チームはまず、遺伝学的手法を用いて、コメのサイズを制御する遺伝子の探索をおこないました。その結果、イネの12本ある染色体のうち、「カサラス」の第6染色体にコメのサイズを制御する遺伝子（GW6a: Grain Weight 6a）の存在を見いだしました。実際にカサラスのGW6a領域を日本晴に導入すると種子のサイズが大きくなりました。



続いて、ポジショナルクローニングという手法を用いてGW6a遺伝子を突き止めました。GW6a遺伝子はヒストンアセチルトランスフェラーゼというヒストンのアセチル化を行う酵素をコードしていることが明らかになりました。このGW6a遺伝子を過剰発現するとコメのサイズが大きくなり、発現を抑制すると種子のサイズが小さくなり、GW6a遺伝子がコメのサイズを制御して



いることが確認できました。

またこの遺伝子を導入すると植物体自体も大きくなりバイオマスが上昇することが明らかになりました。

人類のエネルギー摂取に重要な穀類の収量増加を目指した取り組みは、世界中でいろいろな手法で多岐にわたりますが、数%を上昇させるのは大変なことです。今回、我々が見いだした



コントロール カサラスのGW6a遺伝子を導入したイネ

た GW6a 遺伝子を育種に利用することで、イネの収量を増加させることが期待されます。イネで見いだされた収量増加遺伝子など重要農業形質を支配する遺伝子は、遺伝子組み換えすることなく、交配と分子マーカー（注2）によって効率的にイネ育種を進めることができます。実際、これまでに明らかになった穂の枝の数を上昇させる WFP 遺伝子や、種子の数を増加させる Gn1a 遺伝子など収量性向上遺伝子と一緒に GW6a 遺伝子を用いて有用イネ品種育成に取り組んでいます。近い将来、これらの遺伝子を活用した新品種を世界に分譲し、食糧問題軽減の一躍を担うことを期待しています。

3. 今後の研究成果の展開

イネはこれら穀類中でゲノムサイズ（染色体の大きさ）が最も小さく（イネのゲノムサイズは 400Mb {約 4 億塩基対} ですが、トウモロコシはイネの 8 倍、オオムギはイネの 12 倍、コムギは 40 倍のゲノムを有しています）、形質転換技術が確立されているとともに、全ゲノム配列が解読されていることなどから、主要穀類であると同時に単子葉のモデル植物として位置づけられています。さらに、イネは他の重要穀類である、トウモロコシ、コムギ、オオムギなどの主要穀類と同じ祖先のイネ科に属し、ゲノム構造上の類似性があります。つまり、同じ祖先から由来するこれらの穀類は、同じ遺伝子セットを保持しているわけです。このことにより、イネの研究成果はイネのみならず、他の穀類の育種にも応用することが可能です。これらの理由により、イネの生産性に関連した重要遺伝子を同定することは、人類の食糧安定供給への突破口になるものと期待されています。

また、イネは長年の人類の手による育種過程の中で、耐病性や環境耐性などに関わる遺伝子を失ってしまっている可能性が指摘されています。その一方、イネ属の中には野生種を含め世界中に特徴のある様々な品種が存在しており、

これらは現在大切にコレクションされています。これらの中から生産性向上に関わる遺伝子の探索、病虫害抵抗性遺伝子、乾燥地や塩害地など不良環境地適応性遺伝子などを同定し、従来品種に導入すればさらなる増収が望めます。また、実際の栽培現場の環境に合致した、遺伝子の組み合わせによる「テーラーメイド分子育種」(注3)が可能と成りつつあります。今回の我々の発見が、来るべき食糧危機を回避するべく「第2の緑の革命」を起こすための一歩となることを望んでいます。

本研究成果は、米国科学アカデミー紀要 (PNAS) に掲載されました。

補足説明

注1 研究チーム

名古屋大学・生物機能開発利用研究センター (芦荻基行、宋猷軍、黒羽剛、綾野まどか、永井啓祐、古田智敬、米田典央、小川大輔、北野英己)

名古屋大学・生命農学研究科 (犬飼義明、森仁志)

名古屋大学・生命理学研究科 (東山哲也、嘉村巧、鈴木孝正、)

福井県立大学 (三浦孝太郎、瀬上修平)

神戸大学 (山崎将紀)

理化学研究所・環境資源科学研究センター (榊原均)

農業生物資源研究所：呉健忠

カリフォルニア大学：Steven Jacobsen

注2 分子マーカー

染色体の位置情報を示すタグ。分子マーカーを用いることで、育種過程でどの遺伝子が保持され、どの遺伝子が置換しているかモニタリングすることが可能となり、効率的な育種が可能となる。

注3 テーラーメイド分子育種

それぞれの要求に応じた有用遺伝子のみを分子マーカーで導入した育種法。

例えば、有る地域には、耐塩性と収量増加遺伝子のみを導入した品種を、ある別の地域用に、病虫害抵抗性遺伝子と収量増加遺伝子のみを導入した品種など、地域や使用者のニーズにあった遺伝子を効率的に導入した育種法。