

同時発表：農政クラブ、農林記者会、文部科学省記者会、千葉県政記者会、
千葉民間放送テレビ記者クラブ、木更津記者クラブ、



公益財団法人

かずさDNA研究所



大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構

国立遺伝学研究所

栽培化歴のある雑草ヤハズエンドウのゲノム多様性

～遺伝的多様性を導入した育種で農作物に雑草のたくましさを～

令和3年10月20日

公益財団法人 かずさDNA研究所
大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所

- ◇ かずさDNA研究所は東京大学、国立遺伝学研究所と共同で、全国12地点から採取した1243個体のヤハズエンドウ（別名カラスノエンドウ）のゲノム^{*1}を比較し、その遺伝的多様性^{*2}を評価しました。
- ◇ 農作物を育てるには、雑草を排除し病害や虫害を農薬などで防がなくてはなりません。農作物が雑草より弱いのは、栽培化^{*3}の過程で遺伝的多様性を失ったことが原因のひとつと考えられます。
- ◇ ヤハズエンドウはかつて農作物として栽培化された雑草で、どの程度の多様性があれば野生で生き延びられるのかを知る手掛かりとして注目されます。
- ◇ ゲノム全体にわたって遺伝的多様性が見られたなかで、開花時期に関する遺伝子セットは多様性が縮小していました。この結果は、一部の遺伝子セットで多様性がなくてもゲノム全体で遺伝的多様性があれば雑草のたくましさは保たれることを示しています。
- ◇ 今回の結果は、農作物として重要な形質^{*4}に関わる遺伝子以外のゲノム領域に、野生の原種が持つ多様性を導入することで、除草・防虫・消毒といった農作業コストや環境への負荷を低減させた農業が実現できることを期待させるものです。
- ◇ 研究成果は国際学術雑誌 Plant Direct において、10月7日（木）にオンライン公開されました。

(問い合わせ先)

<報道に関すること>

かずさDNA研究所 広報・研究推進グループ

<研究に関すること>

かずさDNA研究所 植物ゲノム・遺伝学研究室 ゲノムユニット

ゲノムユニット長 白澤 健太 (しらすわ けんた)

国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系 比較ゲノム解析研究室

特任教授 豊田 敦 (とよだ あつし)

1. 背景

ヤハズエンドウ (*Vicia sativa*) は、一般にカラスノエンドウとも呼ばれ、春に赤紫のかわいい花をさかせて沢山の豆をつけます。豆のさやで草笛を作って遊ぶことでとても親しまれています。北海道以外の日本のどこでも見られる雑草ですが、地中海沿岸原産でかつては牧草としてある程度栽培化が進んでいたという歴史があります。

農作物を育てるには、雑草を排除し病害や虫害を農薬などで防がなくてはなりません。雑草に比べて農作物が弱いのは、品種改良の過程で近親交配が繰り返され、遺伝的多様性が失われたことが原因のひとつと考えられています。実際、複数の品種を一緒に栽培すると病気に強くなるということも知られており、このことはタマネギやクローバーなど自家受粉しない植物では応用されています。しかし自家受粉できるタイプの植物では遺伝的多様性の度合いとたくましさの度合いを関係づけることはできていません。

かつて農作物としてある程度の栽培化が進められたヤハズエンドウは、遺伝的多様性が縮小した可能性が考えられます。この雑草の遺伝的多様性を調べれば、どの程度の多様性があれば野生で生き延びられるのかを把握できると期待されます。

名前にはエンドウとつきますが、エンドウ (*Pisum sativum*) とは別の属で、実はソラマメ (*Vicia faba*) と同じソラマメ属 (*Vicia*) の植物です。エンドウのゲノム (33 億塩基対) は最近 (2021 年 5 月) 報告したところですが、ソラマメ属のゲノム配列は今回初めて明らかにしたものです。

2. 研究成果の概要と意義

- ① かずさ DNA 研究所が立地する千葉県木更津市に生えていたヤハズエンドウを、三世代自家受粉を繰り返して遺伝的均一性を高めた個体のゲノムを解読しました。15 億塩基対の DNA 配列上に 31, 146 個の遺伝子を見出しました。
- ② これを参照配列として、日本全国 12 地点から採取した各地点 100 個体前後、全体として 1243 個体のゲノム配列を比較しての遺伝的多様性を評価しました。それぞれの採取地点で生存している集団は、それぞれ限られた数の祖先に由来しており、また 2 地点の集団は他の 10 集団とは遠縁であることが分かりました。
- ③ 遺伝的多様性はゲノム全体にわたって見られましたが、開花時期に関する遺伝子セットについては緯度が高くなるにしたがって多様性が縮小していました。これは高緯度で開花時期の同調という選択圧^{*5}があったためと考えられます。同時にこの結果は、ゲノム全体で遺伝的多様性があれば、特別な遺伝子セットについては多様性が縮小しても雑草として生存可能であることを示しています。
- ④ 遺伝的多様性の程度とヤハズエンドウのたくましさの度合いについての量的な評価は今後の課題です。
- ⑤ 雑草といっても、さまざまな植物種が含まれます。ヤハズエンドウ以外の雑草がどのような生存戦略でたくましさを示しているのかを調べることで、農作物に雑草のたくましさを付与するために更に新しい知見が得られる可能性があります。

3. 将来の波及効果

- ① 今回の結果は、農作物にとって重要な形質（実が大きくて美味しいなど）に関わるもの以外の遺伝子において、野生の原種が持つ遺伝的多様性を導入した農作物品種を開発すれば、除草防虫消毒といった農作業コストや環境への負荷を低減させた農業が実現できることを期待させるものです。その視点において、ゲノム解析は遺伝的多様性の評価と有用形質を担う遺伝子を追跡できる強力なツールとなります。

論文タイトル: Genome features of common vetch (*Vicia sativa*) in natural habitats

著者: Kenta Shirasawa, Shunichi Kosugi, Kazuhiro Sasaki, Andrea Ghelfi, Koei Okazaki, Atsushi Toyoda, Hideki Hirakawa, Sachiko Isobe

掲載誌: Plant Direct

DOI: 10.1002/pld3.352

用語解説

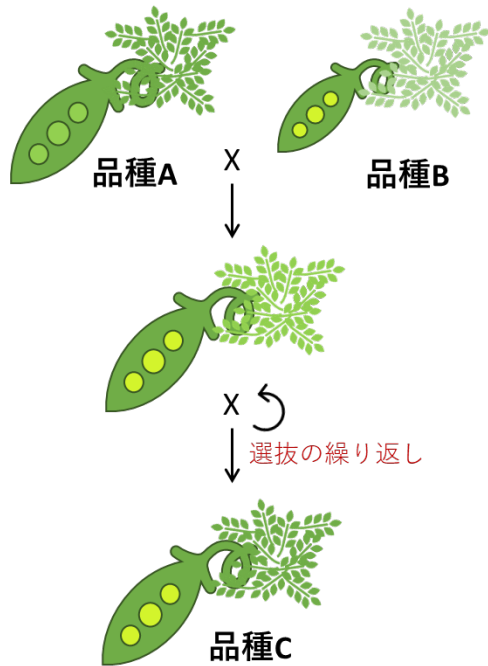
- *1 ゲノム：生物をその生物たらしめるのに必須な最小限の染色体のひとまとまり、または DNA 全体のことをいう。
- *2 遺伝的多様性：ひとつの生物種が種全体としてもつゲノムのバリエーション。遺伝的多様性は様々に変化する環境に適応しながら種が生き延びて行くのに重要であり、絶滅危惧種では個体数の減少により遺伝的多様性が縮小することで絶滅が加速するといわれる。
- *3 栽培化：人間が野生植物を栽培し、人間の都合のいい性質をもつ個体を選抜してそこから種子をとることを繰り返すことで栽培品種が確立されて行く過程。動物の家畜化に対応する言葉。
- *4 形質：生物が示す性質や特徴のこと。遺伝子の働きが発現された結果として見えるもの。
- *5 選択圧：生物が子孫を残す場面で作用する淘汰の力。

研究費

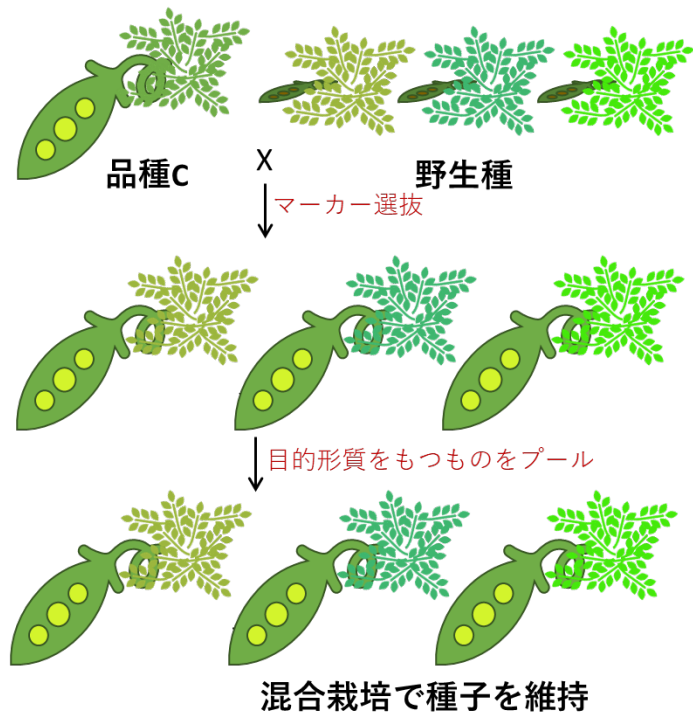
本研究の一部は科研費（24710237 と 221S0002）の助成を受けて実施しました。

参考となる図や写真

従来の育種



多様性を保持した育種



従来の育種では、新品種を確立するための選抜の過程で遺伝的多様性が排除される。ゲノム解析により、高い多様性を維持しつつも、農業生産に適した遺伝子を固定した集団が作成できれば、たくましさと高い生産性を持つ作物が開発できる可能性を示している。