



平成 28 年 7 月 25 日

国立研究開発法人 国際農林水産業研究センター

国立大学法人 京都大学

公益財団法人 かずさ DNA 研究所

石川県公立大学法人 石川県立大学

株式会社 アクトリー

キヌアのゲノム配列の解読に世界で初めて成功 —優れた環境適応性や栄養特性の謎を解き活用への道を切り拓く—

ポイント

- キヌアのゲノム（生物の設計図）配列を世界に先駆けて解読
- 分子レベルでの解析に適した遺伝的に均質なキヌアの標準系統を開発
- 優れた環境適応性と栄養特性をもつ作物の開発への貢献に期待

概要

国際農林水産業研究センター（JIRCAS）、京都大学、かずさ DNA 研究所、石川県立大学、株式会社アクトリーは、共同でキヌアのゲノム（生物の設計図）概要配列の解読に世界に先駆けて成功しました。

キヌアは、南米アンデス地方原産の作物です。干ばつなどのさまざまな不良環境に対する適応性が高いだけでなく、きわめて高い栄養価と優れた栄養バランスを持っており、近年注目を集めています。そのため、国際連合食糧農業機関（FAO）は、世界の食料問題解決の切り札になり得る作物として、また、米国航空宇宙局（NASA）は、宇宙飛行士の食料として注目してきました。しかしながら、雑種になりやすい上にゲノム構造が複雑であることから、キヌアの詳細な遺伝子レベルでの解析は十分に進んでいませんでした。今回、共同研究グループは、分子解析に好適な標準自殖系統（純系の系統）を確立し、そのゲノム概要配列を解読しました。また、これらのゲノム配列情報をもとに作成したキヌアのゲノムデータベース（Quinoa Genome DataBase, QGDB; <http://quinoa.kazusa.or.jp>）を公開しました。これら一連の研究成果を通して、キヌア研究が飛躍的に進展するために必須な遺伝子レベルでの研究基盤を確立しました。今後、この研究成果は、共同研究グループが目指している不良環境耐性作物の開発や、アフリカをはじめとする世界の栄養改善に向けた作物開発において、キヌアの高い環境適応性や優れた栄養特性を支えるメカニズムを活かした作物品種の改良につながることを期待できます。

本研究成果は、国際科学専門誌「DNA Research」電子版（日本時間 2016 年 7 月 26 日）に掲載されました。

本研究は、株式会社アクトリーからの資金提供による産官学共同研究により行われました。

発表論文

＜論文著者＞Yasuo Yasui, Hideki Hirakawa, Tetsuo Oikawa, Masami Toyoshima, Chiaki Matsuzaki, Mariko Ueno, Nobuyuki Mizuno, Yukari Nagatoshi, Tomohiro

Imamura, Manami Miyago, Kojiro Tanaka, Kazuyuki Mise, Tsutomu Tanaka, Hiroharu Mizukoshi, Masashi Mori, and Yasunari Fujita

＜論文タイトル＞Draft genome sequence of an inbred line of *Chenopodium quinoa*, an allotetraploid crop with great environmental adaptability and outstanding nutritional properties.

＜雑誌＞DNA Research (2016) DOI: 10.1093/dnares/dsw037

研究の背景と経緯

キヌア (*Chenopodium quinoa* Willd.) は、南米アンデス地方原産の一年生植物であり、ハウレンソウやテンサイなども属するヒユ科の穀類です。主に南米のコロンビアからチリの中央部にまたがる地域で栽培されており、海拔 0 m から 4,000 m 以上の高度でも栽培されています。ボリビアとペルーが世界の二大産地となっていますが、現在 50 以上の国々で栽培されています。気候や土壌条件に恵まれていない不良環境への適応性が高いことが知られており、干ばつや塩害、凍害などに耐性をもつだけでなく、幅広い温度条件にも適応できることが報告されています。

また、キヌアは、必須アミノ酸を網羅し、高いタンパク質含有量を有する一方、グルテン¹⁾を含まないため小麦アレルギーの人でも摂食できます。リノレン酸などの不飽和脂肪酸²⁾、各種ミネラルやビタミンのほか、フェトエストロゲン³⁾などのさまざまな機能性成分を含むことが知られています。このように高い栄養価と優れた栄養バランスをもつだけでなく、不良環境下においても栽培することから、共同研究グループでは、世界の食料問題解決の切り札になり得る作物として注目してきました。国連でも、2013 年を国際キヌア年と定め、食料安全保障や飢餓の撲滅においてキヌアが重要な役割を果たす作物であることを提唱しました。また、米国航空宇宙局 (NASA) も、宇宙空間での長期滞在時の食料として注目しています。一方で、キヌアは、幅広いウイルス種が感染できる特殊な性質を持っていることから、ウイルス種の同定に使う指標植物⁴⁾として、植物の病気の研究においても、重要な植物であることが知られています。

このように注目度の高い作物でありながら、キヌアは一つの株に両性花⁵⁾と雌花⁶⁾をもっているため、雑種になりやすい上にゲノム構造が複雑 (異質四倍体⁷⁾) です。そのため、キヌアの詳細な遺伝子レベルでの解析は十分に進んでおらず、キヌアの優れた環境ストレス適応性や栄養特性を支える分子メカニズムの解明が遅れていました。本研究では、20 年以上京都大学の植物育成室において栽培されてきた単一の系統をもとにして、JIRCAS の環境制御温室で自殖系統⁸⁾Kd (Kyoto-d) を確立し、共同研究により、そのキヌアの自殖系統のゲノム配列の解読を行いました。

研究の内容・意義

1. 京都大学農学研究科の植物育成室内で 20 年以上他のキヌア品種と交雑できない環境下で継代されていた単一のキヌア系統をもとにして、JIRCAS の環境制御温室で自殖系統 Kd を確立し、これを標準系統としました (図 1)。
2. キヌア自殖系統 Kd は、高い耐塩性を示すことを明らかにしました。今回の研究では、対照として用いたモデル植物のシロイヌナズナが枯死する塩水処理区 (300 mM の塩化ナトリウム水溶液を与えて 3 週間育てた区) においても、キヌアが生存することが確認できました。

- 3.キヌア自殖系統 Kd は、よく研究されている代表的な 2 種類の植物ウイルスの感染によって特徴的な病斑を示したことから、植物病理学研究に有用であることを確認しました。
- 4.本研究で確立したキヌアの標準自殖系統である Kd から全 DNA を抽出し、異なった性能をもつ 2 種類の次世代シーケンサーを組み合わせることで、ゲノム概要配列⁹⁾を解読しました。
- 5.次世代シーケンサーにより得られた塩基配列を整列化することにより、キヌアの推定ゲノムサイズ 1.5 Gb (15 億塩基) の 73%に相当する 1.1 Gb (11 億塩基) の配列を解読することに成功しました。
- 6.得られたゲノム配列と次世代シーケンサーを用いた転写産物の配列情報との比較から、機能が推測できた遺伝子は 62,512 個ありました (図 2)。
- 7.得られたゲノム配列に基づいて、キヌアのゲノム配列データベース Quinoa Genome DataBase (QGDB) を構築し、かずさ DNA 研究所より公開しています (<http://quinoa.kazusa.or.jp>)。
- 8.QGDB を用いて、干ばつや塩害時に重要な役割を果たすと考えられるアブシシン酸¹⁰⁾シグナル伝達に関わる遺伝子や、ウイルス感染防御に関わっている遺伝子の存在を明らかにしました。

今後の展望

- 1.本研究で、キヌアのゲノム概要配列が明らかになったことにより、農業上有用な遺伝子の単離やその機能解析および品種改良のための DNA マーカーの開発等が迅速かつ効率的に行えるようになります。その結果、食料安全保障上の重要性や消費者層の拡大で注目されつつあるキヌアの環境ストレス耐性や多収性、栄養特性等を利用した優良品種の作出が加速します。
- 2.本研究で、キヌアの標準自殖系統を確立したことにより、キヌアの遺伝子レベルでの解析への道を切り拓きました。その結果、異質四倍体のキヌアのもつ耐塩性などの優れた環境適応性や栄養特性を支える分子メカニズムが解明されることにより、キヌアのみならず、イネやコムギなどの作物品種の改良への貢献も期待されます (図 3)。

用語の解説

- 1) グルテン：コムギなど主に麦類の穀物の胚乳から生成されるタンパク質で、アレルギー症状などを引き起こす原因物質としても知られています。
- 2) 不飽和脂肪酸：炭素二重結合などの不飽和の炭素結合をもつ脂肪酸の総称。脂肪酸は、脂質の構成成分であり、リノレン酸やオレイン酸などの不飽和脂肪酸は、人間の体内のコレステロールをよい状態に保つことが知られています。
- 3) フェトエストロゲン：更年期障害予防、骨粗鬆症予防等に期待されており、女性ホルモンに似た作用を持っています。
- 4) 指標植物：植物に対する病原性や誘導する病徴に基づいて様々なウイルス種を区別する役目を果たす宿主植物。
- 5) 両性花：雄しべと雌しべを一つの花に両方持つ花。
- 6) 雌花：雌しべのみを持つ花。花の構造上で他の植物個体の花粉を容易に受け入れることができ雑種になりやすいことが知られています。
- 7) 異質四倍体：種間交雑に由来する異なる二種のゲノムを合わせ持った生物。
- 8) 自殖系統：自家花粉のみを用いた継代自殖により得られる遺伝的に均一化された個体群。キヌアでは 1 つの個体に雄しべと雌しべをもつ両性花と、雌しべし

かもたない雌花の二種類の花が着花します。雌花では他の個体からの花粉が受粉しやすくなるため、自殖系統を作成するためには、隔離育成や花房への袋掛けが必要となります。

9) ゲノム概要配列：ある生物がもつ遺伝情報の1セットをゲノム（Genome）と呼んでいます。ゲノム配列中には、多くの場合、繰り返し配列などの解読が困難な箇所が含まれており、完全な全ゲノム配列を決定するには非常に多くの時間と労力がかかります。このため、ある生物のおおよそのゲノムを理解するために、ゲノム概要（Draft genome）レベルのゲノム解読がよく行われています。特にキヌアのゲノムは四倍体であり、イネやヒトなどがもつ二倍体ゲノムよりも複雑であるため、解読上の技術的難易度はより高くなっています。

10) アブシシン酸：ABA（Absciscic acid）という植物ホルモンの一種。種子の休眠保持や、乾燥条件下でのストレス耐性の獲得を制御する重要な物質です。「アブシジン酸」とも表記されます。

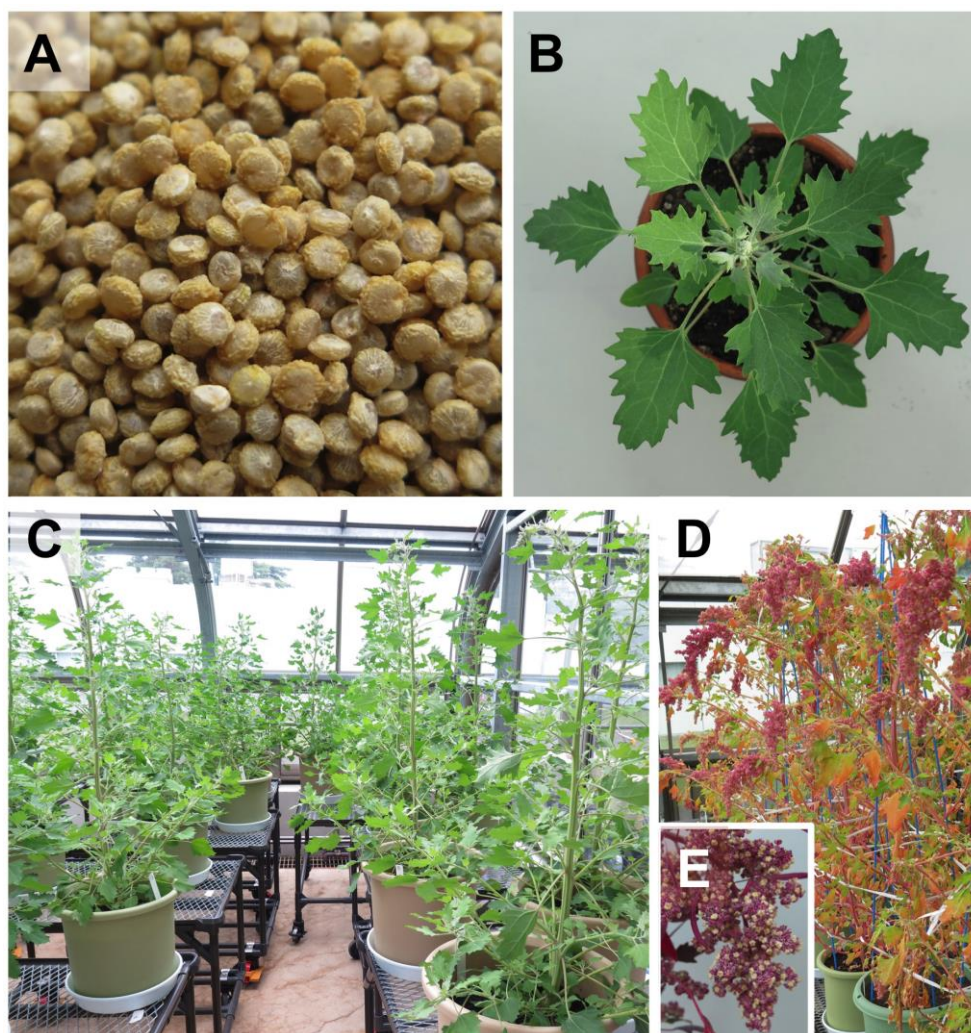


図 1. キヌアの写真

ゲノム解読を行ったキヌア系統（Kd）のさまざまな生育段階の写真。直径が 2 mm 程度のキヌア種子（A）。播種後 6 週間後（B）、8 週間後（C）および 16 週間後（D）のキヌア植物体。収穫期（播種後 17 週間後）のキヌアの穂（E）。

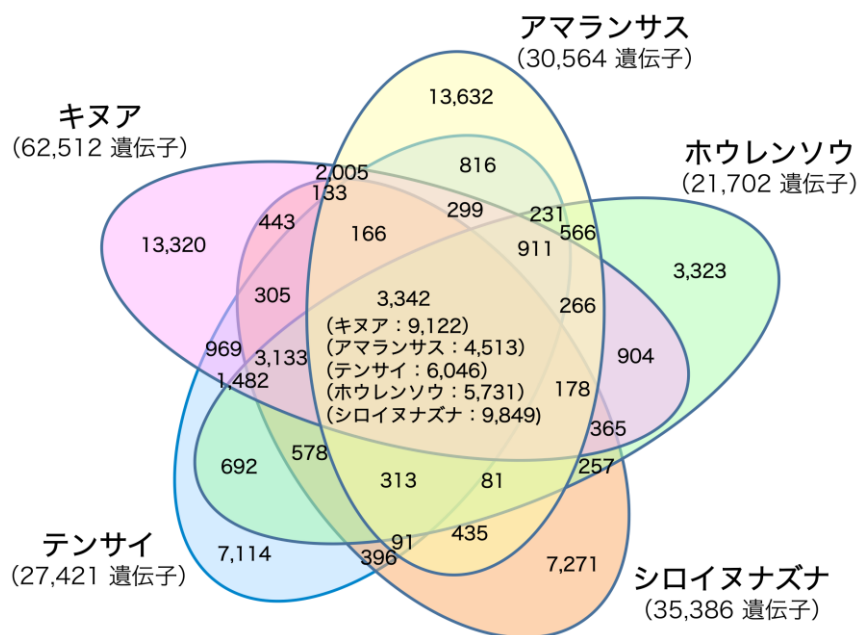


図 2. キヌア遺伝子の近縁種などとの比較

キヌア遺伝子とヒユ科近縁種（テンサイ、ハウレンソウおよびアマルンサス）およびモデル植物のシロイヌナズナの遺伝子を比較しました。各区画において、数字は類似の遺伝子をまとめたグループの数を示します。また、括弧内の数字はそのグループに属する遺伝子の数を示します。5 種類の植物すべてに共通する遺伝子グループは、3,342 種でした（図の中心の区画）。キヌアだけにみられる遺伝子は 13,320 種でした（図の左上の区画）。



図 3. キヌアのゲノム解読が切り拓く新たな作物改良への展開