

自然変異集団の中へ、遺伝子の探索とその先

清水 顕史

生物資源管理学科

私の専門分野である（植物）遺伝育種学では、品種の改良のために種内自然変異集団を利用する。例えば栽培イネ(*Oryza sativa* L.)には10万種以上の多様な性質を持つ系統・品種・近縁野生種をはじめとする自然変異集団が存在する。この変異の正体の凡そは、進化の過程で自然集団内に蓄積したDNA塩基配列の置換・挿入・欠失で説明できる。育種目標となる形質の改良とは、よりよい形質をもたらすDNA変異を見出すことである。その実現のためには、可能な限り多様な自然変異集団の中から有用形質を持つ遺伝資源を探し出すのが理想である。

見出した遺伝資源を利用して既存の品種に新しい形質を付与する育種法の1つに、戻し交配育種がある。これは、見出した遺伝資源（供与親）に既存品種（反復親）を繰り返し交配し、供与親の目的遺伝子以外は反復親の遺伝情報を持つように選抜する育種法である。例えば、現在、新潟県産コシヒカリとして販売されているコシヒカリBLは、いもち病抵抗性遺伝子をコシヒカリに5～6回戻し交配して作成したコシヒカリBL1～6号が基になっている。戻し交配は、古典的には、目視で判別可能な優性形質を付与するための育種法であった。しかし現在では、DNA塩基配列中の変異をDNAマーカー多型として利用するマーカー支援選抜により、どんな形質でも戻し交配をすることが可能になった。マーカー支援選抜は、形質と連鎖するDNAマーカーを利用することで遂行できるが、選抜効率を上げ育種の精度を高めるためには、形質に関わる遺伝子の位置情報を明らかにしておく方がよい。

形質に関与する遺伝子座（原因遺伝子座）を探索するための王道は、マップベース・クローニングである。マップベース・クローニングでは、形質を分離する交雑後代を用いて、継承される形質と隣接DNAマーカー群との組換え関係からより密接に連鎖するDNAマーカーを探索する。高等動植物の場合、連鎖マーカーと形質との距離を、塩基数にして数十キロの範囲内にまで縮めることができれば、形質の差をもたらす塩基変異を十分絞り込むことができる。そのために必要な高密度DNAマーカー情報は、従来は塩基配列解読の進んだモデル生物でのみ行うことができた。しかし、近年

の塩基配列解読技術の飛躍的な発展により、まだ全塩基配列の解読されていない生物でも、分離集団中の形質と高密度なDNA多型情報との関係から原因遺伝子を単離できる時代がやってきた。また、マップベース・クローニングでは必須である交雑後代を使わずに自然変異集団の高密度DNA多型情報と形質値のアソシエーション解析による遺伝子探索法も開発されている。

当研究室では、栄養ストレス耐性という環境によって変動する複雑な形質を対象に、イネの遺伝解析に取り組んでいる。上述のマップベース・クローニング法により、リン肥料の削減に寄与する形質の原因遺伝子探索に取り組み、幾つかについては百キロ塩基の範囲への絞り込みを行うことができた（投稿論文準備中）。また、日本イネ集団とその全ゲノム領域にわたるDNA多型情報を利用して、連続無施肥水田での収量性状関連形質のアソシエーション解析を行い、粒数や穂数の増加に寄与する遺伝領域を明らかにすることができた（投稿論文準備中）。

育種をはじめとする農学は、自然を管理するための技術・学門であると捉えることができる。そして塩基配列を扱う実験技術もまた、ありのままの自然観察や自然の計測と対の技術であるかの様に扱われる場合があり、遺伝子工学などという用語も存在する。塩基配列はA、C、G、Tの4文字からなるデジタル情報として扱えるために、眼前に広がる自然のアナログさとは異質のものであると思わせてしまうのだろうか。しかし、塩基配列情報そのものは、生命現象とその継承の本体ともいべきものであり、自然変異集団中に存在する塩基多型は生物多様性の根源である。塩基配列を情報学として扱う必要性は、塩基解読技術の急進展により急増した。生命現象の解明にマイクロピペットが必須ツールだった時代は終わり、PC接続する小さなデバイスで長分子のDNAが解読できるようになった。大量のデータのマイニングから、より深層へと潜るための解析が求められるようになり、ようやく生物学も物理学のレベルでの自然の深部への探求に踏み込めるようになってきた。農学はその上で更に自然変異を管理・編集する作業にも手を染め始めており、人間の飽くなき追求はもっともっとと進んでいこう。