

報道解禁日時

2002年4月4日(木)
米国東部標準時、午後2時

問合せ先：大永理沙

+1-202-326-7088

lonaga@aaas.org

農作物では初めてゲノムが解読されたイネが世界的な飢えを救う

- サイエンス誌掲載論文著者

毎日、2,4000人が飢えや飢えに関連する原因で死亡し、8億人が飢餓状態にある。人口の膨張と農地の縮小に伴い、干ばつ、政情不安、貧困、その他の複雑な理由による食糧不足がますます深刻化すると予想される。

世界人口の半数以上が主食とするイネの遺伝コードが解明されたことで、「栄養の質、作物収穫量、および持続可能な農業の向上が加速され、増大する世界のニーズが満たされるであろう」と、米国科学振興協会(AAAS)発行のサイエンス誌編集長、Donald Kennedyは述べている。

驚くべきことに、イネは科学者がこれまで推測してきたよりもはるかに複雑で、多数の小さな遺伝子が高密度で存在している。おそらくその遺伝子数はヒトゲノムより多いかもしれない。イネゲノムにより、トウモロコシ、コムギ、オオムギなどの類似穀物を研究するためのロードマップも低コストで提供されるであろう。

学名 *Oryza Sativa* (オリザ・サティヴァ) として知られるイネは、世界人口の3分の1を越える人々にとって主要なカロリー源となっている。

北京ゲノム研究所およびワシントン大学ゲノムセンターのJun Yuと、中国の11の研究所に所属する科学者たちが解読したインディカ種というイネの品種は、中国と他のアジア太平洋地域における主要な亜種である。インディカ種と別の品種の交配により、1ヘクタール当たりの収穫量が他のイネ作物よりも20~30%多いスーパーハイブリッド米が生まれる。

シンジェンタ(Syngenta)社のStephen Goffらが率いる別のチームは、より乾燥した地域に多く見られるニッポンバレ亜種のジャポニカを研究した。ジャポニカ種のイネゲノムにより、ビタミンAの生成を促進するカロチン生合成経路に係わる遺伝子が明らかになることから、同社の研究によってビタミン豊富なイネが生み出されるであろうと、Goffは述べている。さらにイネゲノム情報によって、耐寒性と病虫害抵抗性の高い作物が開発され、さらにはレンガ作りや水の濾過、また他のさまざまな用途に対するイネの有用性が向上するとも述べている。

ジェンバンク(GenBank)から入手できるインディカ種の配列と、サイエンス誌に預託された、シンジェンタ社を通して入手できるジャポニカ種の配列によって、ゲノミクス研究がさらに推し進められ、最終的に世界の食糧供給も向上するであろう。AAASの新

たな契約である Electronic Information For Libraries (EIFL) により、サイエンス誌に発表される情報が最も役立つ可能性のある地域は、こうした情報を自由に利用できるようになる。EIFL 契約の下、世界の最も貧しい 41 ヶ国に拠点を置く非利益団体は、サイエンス誌に発表された論文に無料でアクセスできる。

インディカ種のイネゲノム

結果

Jun Yu らが作成したインディカ種のドラフト配列には、4 億 6,600 万の塩基対が含まれる。この数値は、既に解読された唯一の植物ゲノムであるシロイヌナズナ (学名 : *Arabidopsis*) の 3.7 倍多く、ヒトゲノムより 6.7 倍少ない。

イネゲノムとヒトゲノムはどのように異なるのであろう。インディカ種のイネゲノムは 45,000 ~ 56,000 個の遺伝子を含み、各遺伝子の長さは平均 4,500 塩基対である。ヒトの遺伝子数については今だ議論的であるが、およそ 30,000 ~ 40,000 個と考えられ、遺伝子の長さは平均 72,000 塩基対である。*Arabidopsis* は推定 25,498 個の遺伝子を持ち、その平均長さは約 2,000 塩基対である。遺伝子の長さの違いは、蛋白質の多様性を生む機序がそれぞれ異なっていることを示していると思われる。インディカ種のイネゲノムには (*Arabidopsis* ゲノム同様) 広範な遺伝子重複が認められ、同遺伝子の 70% 以上が重複している。

より小さな遺伝子の重複が植物の適応進化に必要な蛋白質の多様性を生み出していると、Yu のチームは示唆している。ヒトのような脊椎動物は、比較的大きな遺伝子を破壊し再び集めて新規結合を構築する遺伝子スプライシングなどのプロセスを通じて、さまざまな蛋白質を合成するのであろう。

インディカ種のイネゲノムのおよそ 1.7% が単純反復配列から成り、複合反復配列は 1% である。単純反復にはほんの少しの塩基対が関与し、有用な「マーカー」、すなわちゲノム上の基準点になり得る。

複合反復、つまり「転位因子」はゲノムの周囲を飛び回る DNA 塩基配列である。ヒトゲノムのトランスポゾンのほとんどが遺伝子の非転写領域であるイントロン内で見られる。一方、ジャポニカ種およびインディカ種イネゲノムのトランスポゾンは遺伝子間に存在していることを研究者らは認めた。

研究方法

インディカ種のイネゲノム解読のために、Yu らは「全ゲノムショットガン方式」を用いた。これは以前、ショウジョウバエのゲノム解読に使用され、ヒトゲノムを解読する民間の研究者らにも使用された方法である。

Yu のチームは、イネゲノム全体から既知の長さを持つ DNA 断片を大量に作成した。DNA

塩基配列が重なる領域に従って並べられた断片の量は、およそ4倍のゲノムをカバーするのに十分であった。研究者らはその後、各断片に対する塩基対の配列を確認し、コンピュータプログラムを用いて、これらの断片を集めて長い分節を作成した。これら分節(隣接するDNA塩基配列が重なるゲノム領域をさすので、「コンティグ」と呼ばれる)を整理し集めて、103,044個の「スキャフォールド」と呼ばれる大きな構成要素を生成した。

研究者らはイネの塩基配列と、公共データベースや遺伝子予測ソフトウェアプログラムにある既知の遺伝子シーケンスとを直接比較して、インディカ種のイネゲノム内の遺伝子を探索した。また複数のソフトウェアプログラムを用いて、代謝、細胞間コミュニケーション、細胞増殖調節などの通常の機能カテゴリーに従って、イネの遺伝子を分類した。

精度

精度確認のため、Yuらは公開されているイネ遺伝子の塩基配列とマーカーをすべて集め、インディカ種のドラフト配列内にこうした塩基配列を探した。その結果、インディカ種イネゲノムのドラフト配列は全イネゲノムの92%をカバーしていることが示唆された。

同チームは次の研究段階としてさらに詳細な配列を作成し、これをイネゲノムの物理および遺伝地図と統合させるであろう。詳細な塩基配列により、遺伝子を含んでいるであろう現在のドラフト配列のあらゆるすきまが明らかになり、こうした遺伝子すべてが機能カテゴリーに入るはずである。

イネと *Arabidopsis* の比較

Yuがインディカ種のイネゲノムと *Arabidopsis* ゲノムを比較した結果、ヒトゲノムと比べて、これら両ゲノムにはいくつかの類似点(遺伝子重複など)があることが判明した。しかし解析では、単子葉植物と双子葉植物という2大種子植物を代表するこれら植物において、興味深い相違点も認められた。最も顕著に異なるのは、*Arabidopsis* 遺伝子の80.6%がイネで見つかるのに対し、*Arabidopsis* で観察されるインディカ種の遺伝子はわずか49.4%であるという点である。

こうした違いから、イネゲノムが大規模な遺伝子重複の結果としての *Arabidopsis* の「スーパーセット」であることが示唆される。また、単子葉植物や双子葉植物がおよそ2億年前に、どのように進化・分岐したのかを解明するヒントとなるかもしれない。

ジャポニカ種のイネゲノム

結果

Stephen A. Goffらが作成したジャポニカ種のドラフト配列には、イネゲノムに対し彼らが推測した4億2,000万塩基対のうちの389個が含まれている。複数のソフトウェア予

測プログラムでは、ジャポニカ種のイネゲノムには 42,000 ~ 63,000 個の遺伝子が含まれると示唆されている。同チームの解析には遺伝子の平均の長さは含まれていないが、遺伝子である可能性が最も高い配列は 500 塩基対よりも長いことが示されている。

インディカ種のゲノム同様、ジャポニカ種のゲノムも主要な重複を経験したようである。ジャポニカ種のイネゲノムにおける予測遺伝子の約 75% が重複遺伝子であろう。おそらくこうした重複の多くは比較的小さなエピソードにおいて完成され、最も最近の重複といっても少しも最近ではなく、4,000 万 ~ 5,000 万年前に起こったかもしれないと、Goff らは述べている。

科学者らは、2、3、および 4 個の塩基対の 4 万回を超える単純反復配列を同定した。インディカ種の単純反復配列は、育種および集団遺伝学の有用なマーカーとなるであろう。

研究方法

ジャポニカ種イネゲノムの塩基配列解読にあたり、Goff らもショットガン方式を採用し、最終的に、解読済み断片を集めて 38,357 個のコンティグを作成した。彼らは、公的資金を受けたイネゲノムデータの一部を、アセンブルを導くマーカーとして使用したが、いずれの公共イネゲノムデータも彼らのドラフト配列には組み込まれなかった。予測遺伝子を蛋白質に翻訳後、研究者らは別のソフトウェアプログラムを用いて、それらを各機能カテゴリーに分類した。結果として、分類されたジャポニカ種遺伝子の大半が細胞間コミュニケーションや代謝に関与していることが判明した。解析から、特殊なリン酸塩トランスポーター遺伝子も同定されたが、これは、植物が土壌から重要な養分であるリン酸塩を吸収するのにきわめて重要な遺伝子である。

精度

Goff によると、ジャポニカ種イネゲノムのドラフト配列には、公開されているイネ遺伝子塩基配列の 95% 以上と、民間の 10 万を超えるイネの cDNA 配列コレクションの 99% が含まれているという。

「インディカ種のドラフト配列は不完全であるが、高精度の塩基配列を完成するための堅実な基盤を提供して、遺伝子の同定を可能にし、物理および遺伝子地図の作成を促進するものである」と、研究者らは述べている。

トウモロコシやコムギなど他の重要な穀物のゲノムに取り組む研究者にとっても、イネゲノムは有用であろう。Goff らは、公開されているトウモロコシやコムギ、またオオムギの蛋白質配列のうち 98% を、ジャポニカ種イネゲノムの配列とマッチさせることができた。イネがこれら穀物との広範な「シンテニー」、すなわち相当する染色体間での遺伝子順序と方向の維持を示していることも、解析で確認されている。相当数のゲノムが重複していることから、興味の対象となる遺伝子の探索や、こうした重要な農作物のゲノム全般にわたる主要な調節領域の同定が容易になるであろう。

イネと *Arabidopsis* の比較

Goff が行ったジャポニカ種イネゲノムと *Arabidopsis* ゲノムの比較により、病害抵抗性関連の遺伝子と一部の開花期遺伝子における類似点が明らかになった。インディカ種のドラフト配列同様、ジャポニカ種のドラフト配列にも *Arabidopsis* ゲノムのおよそ2倍の遺伝子が含まれている。一方、*Arabidopsis* 遺伝子の約88%がイネゲノムで観察できる。

遺伝子転移

ジャポニカ種の研究チームは、イネゲノムとヒトゲノム間での遺伝子転移のあらゆる兆候を探した。これは遺伝子組み換え食品の出現により、最近の関心事となっている。Goff チームによれば、イネとヒトは一部の塩基配列データを共有しているが、「こうした遺伝子もいかなる遺伝物質も、イネからヒトやヒトの祖先に転移したという証拠は全くなかった」ことから、遺伝子組み換えイネから遺伝子が転移する可能性はまずないという。

米国科学振興協会 (AAAS) は世界最大の総合科学機関で、サイエンス誌の発行団体である。1848年に創設された同協会は、会員134,000名、関連機関273、および科学者1,000万人を擁している。

同研究に関するさらなる情報や図表の入手を希望される方は、AAAS News and Information Office (電話: +1-202-326-6440、Eメール: scipak@aaas.org) までお問い合わせ下さい。登録されている報道関係者の皆様には、EuekAlert! ウェブサイト (<http://www.eurekalert.org>) にてご覧いただけます。

###

(上記の世界飢饉統計データは、国連世界食糧計画により作成された。)