

コムギの高精度なゲノム解読

地球規模での気候変動により、世界のコムギ生産は大きな影響を受けています。そのため、安定した生産を実現できる新品種の開発が求められています。イネでは17年前にゲノムの解読が達成されました。これにより遺伝子の情報が整備され、品種改良が大きく進みました。コムギは、ゲノムのサイズがイネの40倍あり、その解読は困難でした。最近、日本も参加した国際共同研究プロジェクトにより、コムギでも高精度なゲノム解読が達成されました。遺伝子の詳細が明らかになり、新品種の開発が加速化すると期待されます。

☆ 技術の概要

1. 世界64カ国が参加した国際プロジェクトでは、コムギ研究の標準品種「Chinese Spring」(図1)のゲノム解読をしました。その後、10カ国の研究チームが協力して、実用的な15品種のゲノムを解読しました。そこには、日本の「小麦農林61号」(図1)をはじめ、ヨーロッパ、北アメリカ、オーストラリアの代表的な品種が含まれます。
2. 現代の品種の中に受け継がれている野生種に由来する耐病性の遺伝子が見つかるなど、ゲノムの比較からは、農耕の歴史とともにコムギの進化の歴史が見えてきました。
3. 「小麦農林61号」は欧米豪の品種と比べて、ゲノムや遺伝子の構造が大きく異なり、乾燥した地域で生まれたコムギが、日本の高湿度な環境に適応する過程で重要な役割を果たした遺伝子が見つかりました。



図1 Chinese Spring (左) と小麦農林61号(右)の穂

☆ 活用面での留意点

1. コムギが持つ遺伝子の全体像が見えてきました。この情報から有用な遺伝子を選び、生産者や実需者が求める性質を持つ新品種を設計できるようになります(図2-1, 2)。それをもとに掛け合わせを行い、できた多数の子孫の中から遺伝子の情報をもとに必要な遺伝子を持つ個体を選びます(図2-3)。
2. 従来は一つの品種を作り上げるのに10年以上の年月を要し、広大な土地を使った調査が必要でした。遺伝子の情報を活用することで、このような年月や労力を大幅に削減でき、これまでより早く生産者のもとへ届けられるようになります(図2-4)。
3. 詳細については、農研機構作物研究部門作物デザイン開発グループ(TEL:029-838-8693)にお問い合わせください。



図2 ゲノム・遺伝子情報を活用した新品種開発のイメージ