

## ナスの全ゲノムを解読 —世界初の成果、新品種開発に弾み—

### ポイント

- ・日本では重要な野菜の一つであるナスの全ゲノムを世界で初めて解読しました。
- ・約4万2千の遺伝子の存在を明らかにし、病害抵抗性や食品の機能性に関わる遺伝子を多数見いだしました。
- ・今回見いだされた遺伝子の情報を利用することで、新品種開発が加速化します。

### 概要

農研機構と公益財団法人かずさDNA研究所は、共同でナスの全ゲノム（生物の設計図）の解読に世界に先駆けて成功しました。

海外では、同じナス科作物の中でもトマト、トウガラシ、ジャガイモの研究が先行して行われていましたが、ナスは、これらの南米を起源とする多くのナス科作物と違い、アジア原産の野菜であり、日本の各地で特徴的な地方在来品種が栽培されているなど、我が国にとって重要な作物になっていることから、今回の取組が進められました。

今回、ナスの全ゲノムの配列を解読するとともに、約4万2千個の遺伝子の存在を明らかにし、病害抵抗性に関わる遺伝子や機能性成分の合成などに関わる遺伝子を多数見いだしました。

今回明らかとなった遺伝子の情報を活用したり、今後、得られたゲノム配列情報をもとに、未だ解明されていない遺伝子の機能を明らかにしたりすることで、例えば広く流通しているF<sub>1</sub>品種や地域に定着している地方在来品種に、病気に強い特性や食品としての機能性の高い特性などを持たせる新品種開発の加速化につながります。

研究内容の詳細は国際科学専門誌「DNA Research」電子版（日本時間2014年9月19日午前0時）に掲載されます。なお、本研究成果の一部は、農水省委託プロジェクト「新農業展開ゲノム」および生研センター「基礎研究推進事業（一般型）」の資金によって得られたものです。

### 問い合わせ先

研究推進責任者：農研機構野菜茶業研究所 所長 小島 昭夫  
研究担当者：農研機構野菜茶業研究所 野菜育種・ゲノム研究領域  
上席研究員 福岡 浩之 TEL 050-3533-4615  
広報担当者：農研機構野菜茶業研究所 企画管理部  
情報広報課長 鈴木 康夫 TEL 050-3533-3861  
FAX 059-268-3124

プレス用 e-mail：www-vegetea@naro.affrc.go.jp

本資料は農政クラブ、農林記者会、農業技術クラブ、筑波研究学園都市記者会、愛知県政記者クラブ、三重県政記者クラブに配付しています。

※農研機構（のうけんきこう）は、独立行政法人 農業・食品産業技術総合研究機構のコミュニケーションネーム（通称）です。新聞、TV等の報道でも当機構の名称としては「農研機構」のご使用をお願い申し上げます。

## 研究の背景と経緯

ナスはインドを原産とするナス科ナス属の野菜です。我が国では古く奈良時代から栽培されており、私たちにもなじみの深い野菜です。近代的な品種改良によって育成された優良な F<sub>1</sub> 品種<sup>1)</sup> が広く栽培されているほか、日本の各地で様々な特徴を持つ地方在来品種<sup>2)</sup> が栽培され、郷土色豊かな食文化の一端を担っています。農研機構野菜茶業研究所ではこれまでに、世界中のナスやその近縁野生種の持つ多様な形質を利用し、重要な土壌病害<sup>3)</sup> に強い抵抗性を持つ台木品種<sup>4)</sup> 「台太郎」、「台三郎」や、受粉しなくても果実が肥大する「単為結果性」<sup>5)</sup> という性質をもつ「あのみり」などの画期的品種を開発してきました。このような農業上有用な性質を与える遺伝子を特定し、さらに改良を進めるためには、ナスの生物としての設計図であるゲノムの情報を解読することが不可欠です。しかし、特に欧米諸国では、近縁のナス科作物の中でもより優先度の高いトマト・トウガラシ・ジャガイモなどでの研究が先行しており、ナスの国際的なゲノム解読研究は遅れていました。そこで、平成 23 年から農研機構野菜茶業研究所とかずさ DNA 研究所は我が国独自の取組として、共同でナスのゲノム解読に着手しました。

## 研究の内容・意義

1. 果実、へた、茎の色など日本のナスとして典型的な性質を持つ品種「なかくてしんくろ中生真黒」(図 1) を用い、ナスのゲノムの解読に世界で初めて成功しました(推定 11 億 2,700 万塩基対の全塩基配列を解読、うち 500 塩基対以上につながったもの、計 8 億 3,300 万塩基対)。
2. 得られたゲノム配列の解析から、約 4 万 2,000 個の遺伝子の存在が推定されました。今回の解読でナスの持つ遺伝子のほとんどが解読され、そのうちの約 7,600 個はナスに特有のものと推定(図 2) されました。また、ナスの特徴的な紫色をもたらす色素であるアントシアニン<sup>6)</sup> や強い抗酸化活性をもつクロロゲン酸<sup>7)</sup> の合成に関与する遺伝子、病害抵抗性に関与する遺伝子など、今後の品種改良への利用が期待できる遺伝子が数多く見いだされました。
3. ナスの品種間で違いのある配列に基づいて約 1,700 個の DNA マーカーを開発し、これらを位置づけた詳細な染色体地図<sup>8)</sup> を構築しました。
4. ゲノム配列の解読がすでに完了しているトマトとの比較解析により、直系関係<sup>9)</sup> が推定できる約 1 万 6,600 個の遺伝子が見いだされました。また、両種の染色体の間に、進化の過程で構造が保存された 56 個の領域が存在することがわかりました。

## 今後の予定・期待

1. 今回解読したナスのゲノム情報を活用することで、防除の難しい重要病害に対する抵抗性を持つ品種や結実特性が向上した収益性の高い品種など、画期的な新品種の開発を大きく加速することができます。
2. ゲノム配列や DNA マーカーの情報は、遺伝的純度<sup>10)</sup> の維持向上、品種の特徴を維持したまま有用形質だけを導入するピンポイントの品種改良、DNA 品種判別技術の開発など、地方在来品種の利活用技術の向上に大きく貢献します。
3. ナスのゲノム配列や染色体地図を、起源地の異なるトマトやトウガラシと比較解析することによって、形態、生態、生理機能が多様に分化しているナス科植物の進化の過程を理解する糸口が得られるなど、基礎的な研究への貢献も期待されます。



図1. ゲノムを解読したナス品種「中生真黒（なかくてしんくろ）」  
 果実、ヘタ、茎がいわゆる「茄子紺」と呼ばれる濃紫色であり、  
 日本のナスとして典型的な性質をもつ品種のひとつです。

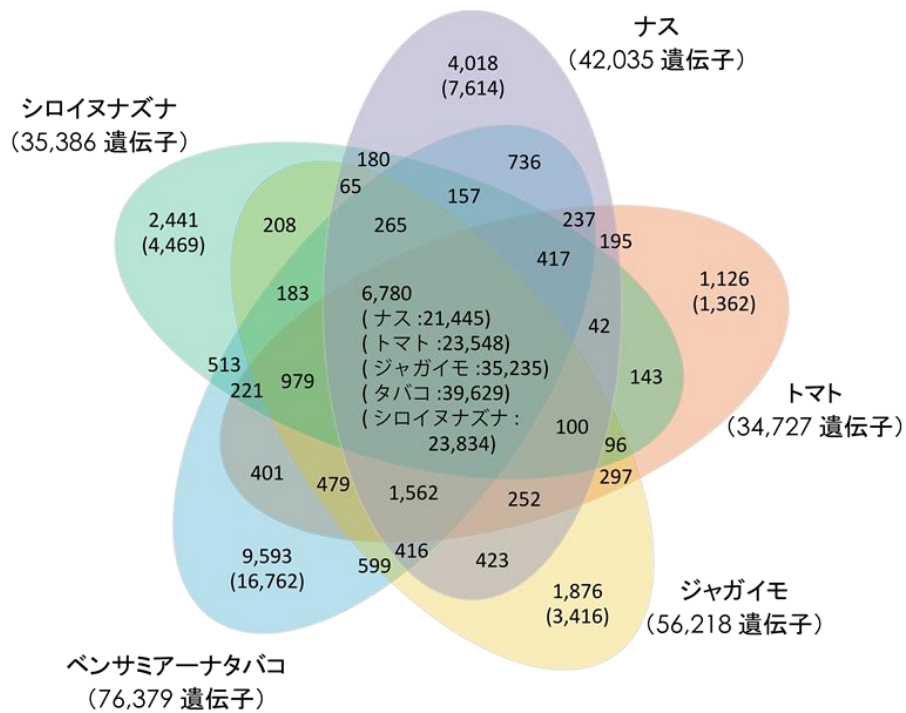


図2. ナス遺伝子の他種（トマト、ジャガイモ、タバコ、シロイヌナズナ）との比較  
 それぞれの区画において、数字は類似の遺伝子をまとめたグループの数、()内はそのグループに属する遺伝子の数を示します。5つの植物全てに共通する遺伝子グループは6,780種でした（図の中心の区画）。ナスだけに見られる遺伝子は4,018のグループに属する計7,614個でした（図の最も上の区画）。

## 用語の解説

---

### 1) F<sub>1</sub> 品種

遺伝的に純粋な2つの親系統を交雑して得られる次世代（これを雑種第一世代とよび、F<sub>1</sub>世代と表記する）を品種として栽培するもの。性質が揃う、生育が旺盛である、などの利点があり、ナス、トマトなどのナス科野菜をはじめ、多くの野菜においてF<sub>1</sub>品種が主に栽培されている。

### 2) 地方在来品種

各地域において古くから独自に栽培と採種を繰り返して伝えられてきた品種。ナス、ダイコン、漬け菜類など我が国で古くから栽培されてきた野菜に多い。

### 3) 土壌病害

栽培される畑の土壌中に存在する細菌や糸状菌などの病原体が感染して発病する病害。一般に薬剤防除が困難であり、抵抗性品種の開発が解決策として期待される。ナスの主要な土壌病害には青枯病、半身萎凋病などがある。

### 4) 台木品種

台木として専用を用いる品種。強度の土壌病害抵抗性を持つ台木品種に品質や収量性に優れるが病気に弱い品種を接ぎ木することで、土壌病害の被害を回避しつつ、優良品種を栽培することができる。

### 5) 単為結果性

植物では、花粉が雌しべに付き（これを受粉という）正常に種子が形成されることが果実の着果および果実肥大の一般的条件である。一方、何らかの要因によって受粉が妨げられ種子が形成されない場合でも果実が正常に肥大・成熟する性質をもつ品種・系統がある。この性質を単為結果性とよぶ。ナス、トマトなどの施設野菜栽培では、ホルモン処理やミツバチなどの受粉を助ける昆虫の放飼などによる着果促進作業が安定生産のために必要であるが、単為結果性を持つ品種ではこれが不要であり、安定かつ低コストな生産に大きく役立つ。

### 6) アントシアニン

植物の作る色素の一種。それぞれの植物がそれぞれ多様なアントシアニンを合成しており、自然界には多くの種類がある。ナスの果皮やへたなどの紫色は主に「ナスニン」と呼ばれるアントシアニンによるものである。抗酸化物質として知られる。

### 7) クロロゲン酸

ナスの果実に含まれる主要なポリフェノール化合物。コーヒー豆から初めて単離された化合物で抗酸化作用などの機能が期待される。

### 8) 染色体地図

染色体上に並ぶ遺伝子やDNA配列の位置を示した図。本研究によりナスの12本の染色体を詳細に表現した地図が作成された。トマトも染色体数は12本であり、すでに詳細な地図が作成されている。2つの種の間で地図上の遺伝子の並び方を比較することで、進化の過程で順序が保存されている領域や染色体が再構成された領域などを推定することができる。

#### 9) 直系関係

異なる2種の生物の遺伝子が、進化上の祖先種における同一の遺伝子に直接由来すること。

#### 10) 遺伝的純度

単一の品種における個体ごとの遺伝的違いの程度。地方在来品種は農家での自家採種により維持されているが、もともと品種内に保持されている個体ごとの遺伝的ばらつきや近隣で栽培されている別の品種との交雑などの原因によって、品種としての遺伝的純度が低下し本来の性質が失われてしまうことがある。