

令和2年11月30日

若手研究者海外挑戦プログラム報告書

独立行政法人日本学術振興会 理事長 殿

受付番号 201980440

氏名 田 萌子

(氏名は必ず自署すること)

若手研究者海外挑戦プログラムによる派遣を終了しましたので、下記のとおり報告いたします。
なお、下記記載の内容については相違ありません。

記

- 派遣先: 都市名 チューリッヒ (国名 スイス連邦)
- 研究課題名 (和文) : 倍数体化に伴う植物の環境応答能力向上の分子機構の解明
- 派遣期間: 令和元年 1 月 1 日 ~ 令和 2 年 1 0 月 3 1 日 (366 日間)
- 受入機関名・部局名: University of Zurich, Department of Evolutionary Biology and Environmental Studies
- 派遣先で従事した研究内容と研究状況 (1/2 ページ程度を目安に記入すること)

派遣先では、異質倍数体であるパンコムギのゲノム解析、表現型解析と発現解析を行った。とくに、日本を代表するパンコムギ品種である農林 61 号新規ゲノムアセンブリを、国際コムギ 10+プロジェクトのデータと比較して、東アジア環境に重要な遺伝子変異の解析を行い、N61 が持つ新規変異や代表品種である Chinese Spring (CS) と N61 の間の多型の情報を明らかにした。

まず、開花に関連する既知の 45 遺伝子について、CS と N61 の間の相同性解析から、A、B、D のホモオログごとに対応する遺伝子リストを作成した。特に *FT* 遺伝子では、N61 と CS それぞれから 45 と 62 の *FT* ホモログを検出し、ムギ類が 12 の *FT* 遺伝子ファミリーを持つことを明らかにした。

さらに開花制御に関わる *FT* 遺伝子群、コムギ赤さび病抵抗性遺伝子 *TaHRC*、日長応答性を制御する *Ppd*、種子色を決める *Tamyb10*、「緑の革命」での半矮性導入に重要な *Rht1* に注目して遺伝子配列の比較解析を行った。*FT* 遺伝子について、CS は 3 コピーの *FT-B1* を持つ一方で、N61 は *FT-B1* 遺伝子を 2 コピー持ち、N61 の *FT-D1* 遺伝子は 1 塩基の欠失によって機能を欠損していることが明らかになった。また、N61 が持つ *TaHRC* 遺伝子には開始コドンを含む欠失が確認され、N61 が示す赤さび病抵抗性の原因となるアレルを確認することができた。*Ppd1* 遺伝子では、N61 が持つプロモーター領域の 2089 bp の欠失を伴う *Ppd-D1a* アレルがゲノム配列から確認された。*Tamyb10* 遺伝子については、N61 の種皮色を赤くする機能的なアレル(*Tamyb10-A1b*, *Tamyb10-B1b*, *Tamyb10-D1b*)と CS が持つ機能欠損型アレル(*Tamyb-A1a* と *Tamyb-B1a*)を検出した。半矮性遺伝子 *Rht1* の解析では、N61 が持つ 1 塩基置換を含む半矮性アレル *Rht-D1b* が検出された。本解析で検出した *Ppd1*、*Tamyb10*、*Rht1* の各アレルは、既報の PCR ベースでの遺伝子型解析結果と 1 塩基置換レベルで一致しており、今回発表された N61 のゲノムアセンブリが十分に高精度であることが示された。

6.研究成果発表等の見通し及び今後の研究計画の方向性（1/2 ページ程度を目安に記入すること）

今回の研究によって、10+ゲノムプロジェクトで発表されたコムギ品種農林61号(N61)のゲノムアセンブリは1塩基レベルの配列比較を行えるほどに十分高精度であることが示された。また、CSとN61の間の相同性解析によってFTをはじめとする出穂・開花に関連する遺伝子や、育種、環境適応に重要な様々な遺伝子について新規変異情報、多型情報、相同遺伝子リストの作成・整備に成功した。この遺伝子リストや多型情報は、コムギの環境応答の調査やコムギ育種における有用遺伝子座の検出にも利用できる。また今回発表されたゲノム配列は1塩基レベルでの比較解析に耐えうる高精度なものであることから、N61が持つ新規遺伝子の発見や各種現象における遺伝子発現メカニズムの解明にも大きく貢献すると期待される。この結果について国際学術雑誌投稿用に原稿を執筆した。また、12月にオンラインで開催予定のムギ類研究会、2022年9月に延期されたが北京で開催予定の2nd International Wheat Congressで発表予定である。

N61を中心としたコムギ10ゲノム情報は、今後のゲノムワイド多型解析や発現解析の重要な基盤となる。またN61は欧米の品種群とは大きく異なる遺伝的背景を持つため、日本を含む東アジアのコムギ品種の参照ゲノム配列として大変有用であると考えられている。N61を片親としたNested Association linesがすでに作製されており、今回発表されたN61ゲノム配列や今回整備した遺伝子リストと合わせて利用することで、農業的に重要な形質を司る遺伝子座の同定をより迅速に行うことができ、温暖化などの気候変動などによる食糧危機に対応できる新品種開発の推進につながると期待される。出穂時期の鍵遺伝子であるFT-B1のコピー数変異を発見し、またFT-D1遺伝子が機能欠損していることを発見したことから、これらの遺伝子の発現パターンや機能の解析が今後の重要な課題になる。これらの解析について、受入研究機関と引き続き共同研究を行う予定である。

7.本プログラムに採用されたことで得られたこと（1/2 ページ程度を目安に記入すること）

これまでにもバイオインフォマティクスやゲノミクス解析の経験はあったが、今回の派遣で相同染色体ごとに細かく解析を行う手法を新たに習得することができた。この手法は自身の研究テーマに用いる解析にも必須であるため、帰国後に行う研究がより進展すると期待される。また、受け入れ研究機関ではシロイヌナズナの倍数性の研究も行われており、受入研究者のご好意により、シロイヌナズナを用いた実験も行った。私はこれまでコムギだけを扱ってきたため、モデル植物を用いた基本的な実験手法を再確認できる良い機会であった。

滞在期間中に受入研究室のセミナーやスイスの植物学会に参加し、自分の研究テーマについて発表する機会が得られた。発表や質疑応答を通じて国際的な学術交流に必要な英会話力を向上させることができた。帰国後も語学力の向上に努めたい。また、質疑応答の中で専門や扱う植物が異なる研究者の方々と議論を交わし、貴重な助言をいただくことができたので、今後の研究に活かしたい。

本滞中で、受入研究室や他の研究室の国際色豊かなメンバーと交流することができ、頻りに連絡を取り合える同世代の研究仲間ができた。また、ゲノミクス、集団遺伝学、進化生物学を専門とする多くの研究者の方々、最先端のムギ類研究を進めておられる研究者の方々との人脈を築くことができ、共同で解析を行ったり意見交換ができた。多くの共同研究者と議論や雑談を交わしながら研究を進める面白さを知ることができ、今後の研究生活の方向性について考えるいい機会となった。

今回のスイス滞在は私にとって初めての海外の研究室での滞在であったが、1年という長期間の滞中でじっくりと腰を据えて研究に取り組むことができたために、学会や学術雑誌での発表や、国際共同研究につながる成果を得られた。コロナ禍にあつて尚多くの人脈を築けたことは、チューリッヒ大学の環境あつてこそで、日本で研究を進めるだけでは不可能なことだと思う。この貴重な研究機会をご支援くださった日本学術振興会に深く感謝し、今後も研究に邁進していきたい。