

ハイブッシュブルーベリーに暖地適応性をもたらした遺伝要因を解明 －ゲノムに刻まれたブルーベリーの育種履歴－

京都大学大学院農学研究科 西山総一郎 助教、田尾龍太郎 同教授、山根久代 同准教授、藤川真央 同修士課程学生（当時）は、Ebrahiem Babiker 米国農務省研究員、および白澤健太かずさ DNA 研究所主任研究員との国際共同研究により、日米の遺伝資源を用いたブルーベリーのゲノム解析を行い、ハイブッシュブルーベリーの育種過程の一端を明らかにしました。

近年、世界的に生産量と消費量が著しく増加しているブルーベリーですが、中でもサザンハイブッシュブルーベリーは、品質も良好で、また暖地での栽培が可能であるため人気の品種群です。ブルーベリーの近代育種では種間交雑が頻繁に用いられたことが知られています。サザンハイブッシュの育種では、寒地での栽培が適しているノーザンハイブッシュと、アメリカ南部に自生する野生種との交雑が頻繁に行われました。本研究では、米国農務省との国際共同研究により、アメリカの遺伝資源と日本に流通している品種を対象に集団ゲノム解析を行い、ハイブッシュブルーベリーの品種分化に関わるゲノム領域を明らかにしました。

本研究成果は、ハイブッシュブルーベリーの多様なゲノム構造の基礎を明らかにしたものであり、世界各地で盛んにおこなわれているブルーベリーの育種に応用することが期待されます。

本研究成果は、2020年9月1日に、英国遺伝学会(The Genetics Society)の発行する国際学術誌「Heredity」に掲載されました。



1. 背景

現在、世界では様々なブルーベリーが栽培されていますが、メインとなっているのは四倍体のハイブッシュブルーベリーと六倍体のラビットアイブルーベリーです。中でもハイブッシュブルーベリーは食味が良く、世界中で人気の品種群です。ハイブッシュブルーベリーは、その育種の歴史により「ノーザンハイブッシュ」と「サザンハイブッシュ」に分類されます。ノーザンハイブッシュはもともとアメリカ北部で開発され成立した品種群で、栽培も寒冷地に限定されていました。二十世紀後半以降フロリダ南部に自生する野生種との交雑を経てサザンハイブッシュブルーベリーが開発され、栽培適地が広がりました。現在世界中に栽培が広がり、各地で育種が進められています（図1）。新品种の育成には、親となる品種のゲノム情報やその特性情報が必要ですが、ゲノムの側面から育種過程や品種群の特徴を研究した例はこれまでありませんでした。

2. 研究手法・成果

今回、米国農務省との国際共同研究により、米国農務省に保存されている遺伝資源と、日本に流通している品種を対象に、多様な137品種／系統のゲノムを ddRAD-seq 法により解読しました。サザンハイブッシュブルーベリーの育成には、種間交雑が大きな役割を果たしたことが知られています。ゲノム解析の結果、アメリカ南部（フロリダ、ミシシッピ等）で育成されたサザンハイブッシュは、より北部で育種されたものよりもゲノムが複雑で、種間交雑の割合が高いという興味深い結果が得られました。この結果は育種を担った機関ごとの育種目標の違いが反映されているため得られたと考えられました。また、ブルーベリー集団のゲノムは9種類に区分するとしたときに最も当てはまりがよくなりました。この9という数字は、ブルーベリーの成立に用いられた文献上の種の数と一致していました。（図2、図3）

また、すべてのサザンハイブッシュが共通して有しており、ノーザンハイブッシュが有していないゲノム断片は検出されなかったことから、サザンハイブッシュの暖地への適応は、ポリジーン制御により達成された可能性が示唆されました。いくつかのゲノム解析手法の適用により、サザンハイブッシュとノーザンハイブッシュの差異と関連したゲノム領域を複数検出しました。これらのゲノム領域はこれまで報告されていない未知の領域で、暖地適応に関わる遺伝子座の一部であることが示唆されました。

3. 波及効果、今後の予定

本研究では、国際共同研究により非常に多様なブルーベリーを対象とした研究が可能となりました。本研究は、ブルーベリーの多様性をゲノム上の位置と対応させた初めての研究です。今回サザンハイブッシュブルーベリーはゲノムの側面から見ると非常に複雑な構成を有していることが明らかになりました。今後、遺伝資源の限られている環境においても効果的な育種を行うには、ゲノム情報を含めた育種母本の理解が欠かせません。本研究を基盤として、さらにブルーベリーの品種とゲノムの理解が進み、優良な品種の育成に発展していくと思われれます。

4. 研究プロジェクトについて

本研究は科研費・国際共同研究強化(B)「ゲノム科学と認知科学の融合による消費者指向型高品質ブルーベリー育種の基盤整備」（19KK0156）の支援により行われました。

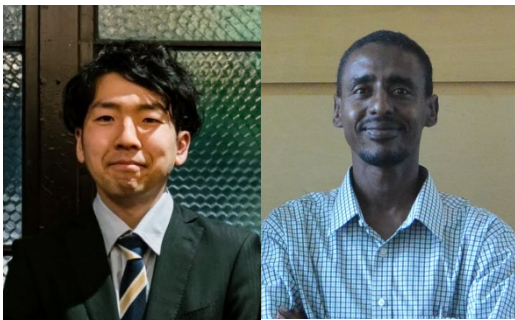
<用語解説>

ddRAD-seq 法：2 種類の制限酵素でゲノム DNA を切断し、その切断部の周囲を解読するゲノム解析手法。効率的で再現性の高いゲノム解析が可能となる。

ポリジーン制御：複数の遺伝子座による制御。

<研究者のコメント>

当研究室で数年前から進めてきた共同研究が形になり、非常に喜ばしく思います。我々が現在食べているおいしい果物は、長年の育種の賜物です。今後も改良を持続的に行っていくためには、ゲノム情報等を用いた効率化が不可欠です。ブルーベリーは果樹の中でもとくに、短い期間で集中的に育種されたことが特徴です。倍数性の果樹であるブルーベリーは遺伝研究の材料として非常に扱いにくいですが、その「おいしさ」と、種間交雑による多様性は非常に興味深く、世界中の研究者の興味を引く対象です。よりすぐれた品種の開発に貢献できるように、今後とも地道に研究を進めていきたいと思っております。



(左より：西山助教、Babiker 研究員)

<論文タイトルと著者>

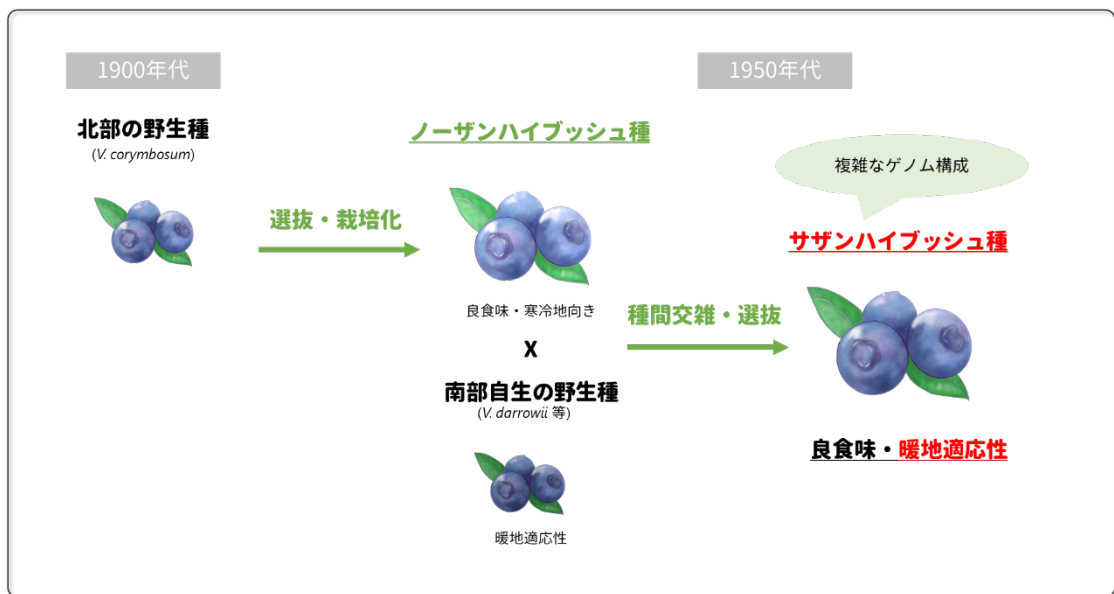
タイトル：Genomic insight into the developmental history of southern highbush blueberry populations (サザンハイブッシュブルーベリー集団の開発の歴史に関するゲノム上の知見)

著者：Soichiro Nishiyama, Mao Fujikawa, Hisayo Yamane, Kenta Shirasawa, Ebrahiem Babiker, Ryutaro Tao

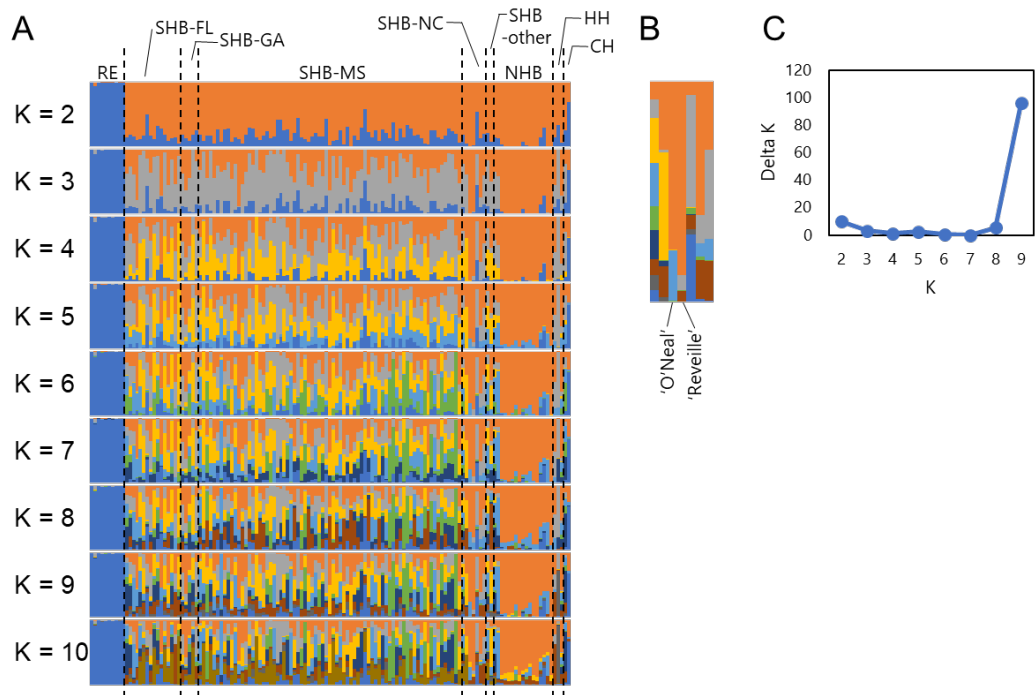
掲載誌：Heredity

DOI: 10.1038/s41437-020-00362-0

< 参考図表 >

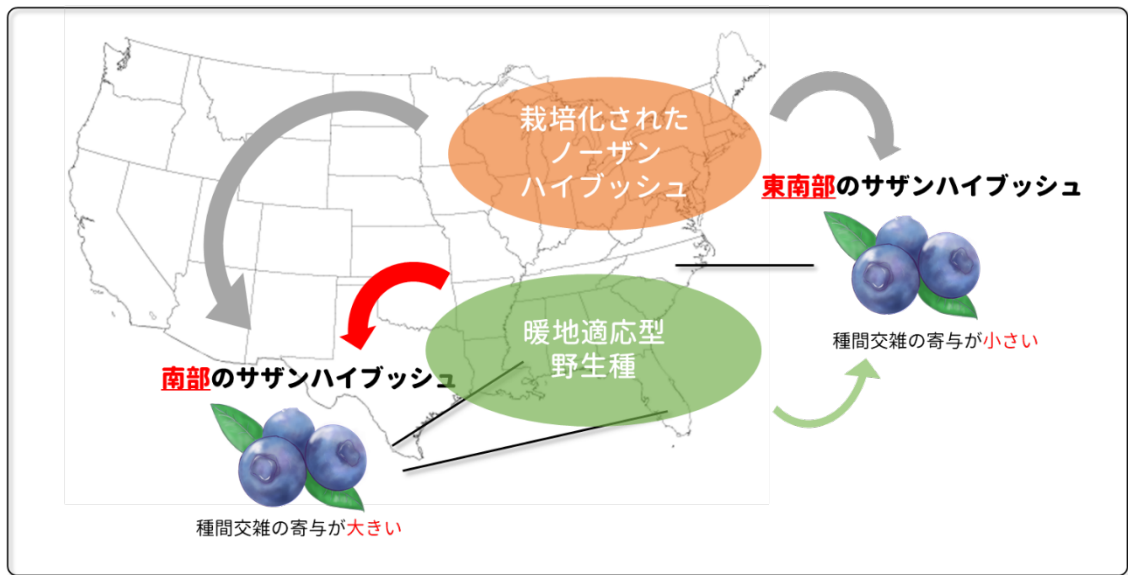


第1図 サザンハイブッシュブルーベリーの成立過程



第2図 ブルーベリー集団の推定ゲノム構成

(A) STRUCTURE による集団構造の推定。RE: ラビットアイブルーベリー、SHB: サザンハイブッシュブルーベリー、NHB: ノーザンハイブッシュブルーベリー、HH: ハーフハイブッシュブルーベリー、CH: complex hybrid。SHB は栽培地ごとに示した。FL: フロリダ、GA: ジョージア、MS: ミシシッピ、NC: ノースカロライナ。(B) $K=9$ におけるノースカロライナ育成品種の推定集団構造。(C) delta K 指標による異なる K 値の評価



第3図 育成地別の種間交雑由来ゲノムの寄与