

紀州南高梅の染色体レベルでの高精度ゲノム解読

—気候温暖化適応型品種改良に貢献—

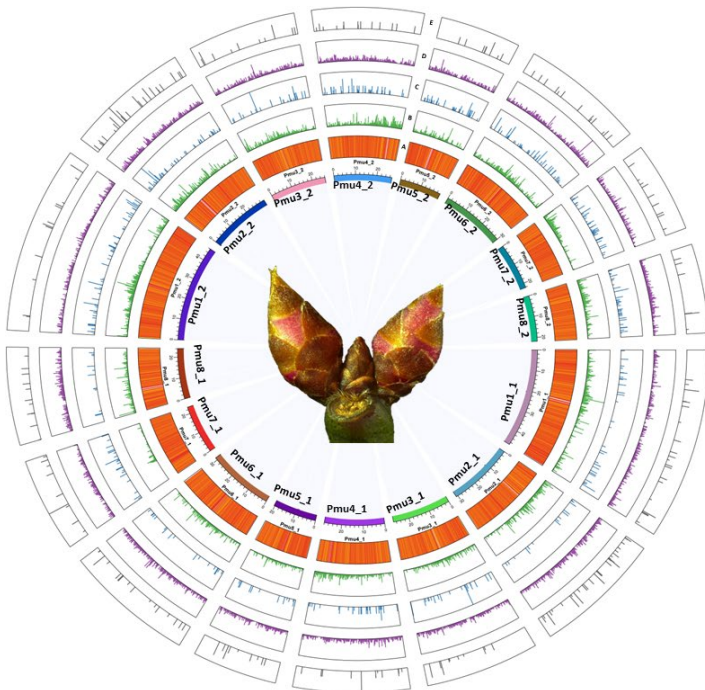
概要

京都大学大学院農学研究科山根久代准教授、向子帆同特定助教、Yuan-Jui Lin 同修士過程学生（研究当時）、西山総一郎同助教、田尾龍太郎同教授らの研究グループは、高級梅干し・梅酒ブランド「紀州南高梅」としても知られるウメ'南高'のゲノムを、ハプロタイプレベルで解読することに成功しました。

本研究グループは、気候変動による収量不安定化の主な要因となっている開花や発芽の温度応答性形質について、それらを決定する遺伝領域を同定し育種の高度化をはかることを目的に、'南高'のゲノム解読と QTL 解析を行いました。最新ロングリードシーケンス技術による塩基配列解読とアッセンブル技術を用いることで、8本×2組=合計16本の染色体から構成される合計478.7Mbの配列データを明らかにしました。さらに、'南高'がもつ第4染色体の2つのハプロタイプの1つに生じた5.6Mbの染色体逆位が発芽期の多様化に寄与する可能性を明らかにしました。

本研究成果は、'南高'だけでなく日本に分布する他のウメ品種群の参照ゲノムとして広く利用され、今後の気候温暖化適応型ウメ育種の効率化に貢献することが期待されます。

本研究成果は、2024年12月4日に国際学術誌「DNA Research」にオンライン掲載されました。



解読した'南高'ゲノム



'南高'の開花の様子(上)、結実の様子(下)

1. 背景

我が国のウメ生産量 1 位の品種は'南高'で、全国生産量の 6 割を占める和歌山県では、8 割以上の農家が'南高'を栽培し出荷しています。'南高'果実を使った梅干しや梅酒は「紀州南高梅」としてブランド化され、高値で取引されています。しかしながら最近、気候温暖化による開花期の前進、受粉樹との開花期のずれや不完全花の発生などによる'南高'の収量低下が問題化しており、2024 年の収穫量は平年に比べ半分以下となりました。気候温暖化適応型品種の育種が喫緊の課題となっています。

2. 研究手法・成果

研究グループは、最新ロングリードシーケンスならびにアッセンブル技術 (PacBio および 10x Genomics linked-read sequencing) を利用して、'南高'ゲノムをハプロタイプレベル^{※1} で塩基配列解読することに成功しました。解読したゲノム配列は高品質であり (BUSCO^{※2}=99.1%)、合計 478.7Mb の配列データと、96,891 (対立) 遺伝子の遺伝子情報を得ることができました。

早春に迎える開花とそれに続く春の発芽の時期は気候温暖化による影響が顕著な形質で、開花・発芽の温度応答性は品種に依存して量的に異なるため、量的形質遺伝子座 (QTL) による遺伝的支配を受けています。解読した高精度ゲノムを利用した QTL 解析の結果、第 4 染色体上に発芽期を制御する主要な QTL が検出されました。さらに、第 4 染色体上には 5.6Mb の染色体逆位^{※3}が存在し、検出された QTL とほぼ同位置であることもつきとめました。すなわち、染色体レベルの構造変異が発芽期制御に影響を与える可能性が示されました。

3. 波及効果、今後の予定

これまでにゲノム解読が完了したウメ品種は中国に分布するものに限られました。中国のウメ品種群は、日本に分布するウメ品種群とは遺伝的背景や進化過程が大きく異なることが指摘されており、日本のウメ品種群のゲノム解析や育種進展のためには、日本のウメ品種のゲノム解読が必要不可欠でした。本研究は日本のウメ品種のゲノムを解読した最初の報告になります。今後、解読した'南高'ゲノムが日本のウメ品種群の参照ゲノムとして広くゲノム解析・遺伝解析等に活用されると考えられます。

現在、解読した'南高'ゲノムを利用して、開花期を制御する QTL 領域の探索等を進めています。今後の気候温暖化に適応可能な開花形質や果実形質をもつ品種の育成に有効活用していきたいと考えています。

4. 研究プロジェクトについて

本研究は科学研究費・基盤研究 (B)「バラ科果樹の休眠・開花期制御遺伝因子の同定と ncRNA による開花期制御の可能性」(21H02186, 23K21192) の支援を受けて実施しました。

<用語解説>

※1 ハプロタイプレベル：相同染色体を区別して

※2 BUSCO：Benchmarking Universal Single-Copy Orthologs の略でゲノム配列データの品質の評価基準のひとつ

※3 染色体逆位：染色体の一部が元の並びとは逆向きになる染色体構造変異のひとつ

<研究者のコメント>

「日本の重要なウメ品種である‘南高’ゲノムをハプロタイプレベルで高精度に解読できたことを大変うれしく思っています。現在、技術進展とともに、様々な作物種で次々にゲノム解読が進んでいます。本研究を契機にウメの研究・品種改良を加速化できればと考えています。」(山根久代)



「台湾に由来するウメの遺伝資源を活用することにより、本研究では発芽の多様性について新たな知見を得ることができました。台湾出身で日本で研究を行っている研究者として、日台の遺伝資源を融合させた本プロジェクトに参加できたことは、大変意義深いものです。」(向子帆)



<論文タイトルと著者>

タイトル：The haplotype-phased genome assembly facilitated the deciphering of the bud dormancy-related QTLs in *Prunus mume* (ハプロタイプフェーズの全ゲノム解読によるウメ越冬芽の休眠・発芽関連形質の QTL 領域の解析)

著者：Tzu-Fan Hsiang, Hisayo Yamane, Yuan-Jui Lin, Miku Sugimori, Soichiro Nishiyama, Kyoka Nagasaka, Ryohei Nakano, Ryutaro Tao

掲載誌：DNA Research DOI：10.1093/dnares/dsae034