

Plant & Animal Genome XXIV に参加して

遺伝子実験センター助教

野中 聡子

2016年1月9日より13日までアメリカ合衆国カリフォルニア州サンディエゴで開催された Plant & Genome XXIV に参加した。

Mutation Screening、Plant Molecular Breeding、Polyploidy、Plant Genome Engineering、などのワークショップに参加した。また、Cucurbit のワークショップにおいて、Optimization of Melon Genetic Transformation and Genome Editing というタイトルで発表した。

メロンを代表としたウリ科植物においては、遺伝学を中心とした遺伝子機能解析が盛んに行われており、メロンの果肉色を決定する遺伝子や、メロンの種子形成に関連する遺伝子の単離について報告されていた。メロンの果肉色は、 β カロテンやカロテノイド含量により決定されており、これらは栄養成分としても有用であり、原因遺伝子の決定は、基礎学術的な側面だけではなく、果実栄養の面の育種素材としても重要な発見である。

ウリ科植物においては、遺伝学的手法により、多くの有用形質を同定しているが、形質転換系が確立しておらず、この点がウリ科遺伝子研究の律速となっている。筆者の研究内容は、これをブレイクスルーするものであり、注目を集めた。形質転換技術の最適化やゲノム編集技術のメロンへの適応は、ウリ科植物の研究推進の強力なツールになりえることから、今後もメロンゲノム研究のコミュニティーに積極的に参加し、国際連携をしながら研究を推進していきたいと考えている。

その他、筆者の研究領域と特に深く関わっている Mutation Screening、Plant Molecular Breeding、Plant Genome Editing のワークショップに参加し、情報収集したので報告したい。Mutation Screening のワークショップにおいては、小麦の変異体集団の中から効率的に目的遺伝子に変異が導入された系統を選抜する方法について紹介があった。変異体集団の中から目的遺伝子に変異が導入された系統を選抜する方法としては、TILLING 法があるが、この他にも次世代シーケンサーを用いてディープシーケンスを行い、SNP Calling をおこなう方法や、KASP アッセイを行う方法などが紹介された。BenchiBIO というバイテ

ク企業の発表では、100,000 系統の M2 集団から TILLING により目的とする遺伝子に変異が導入された系統を選抜し、その表現型を評価する系を構築していた。この系をパパイヤなどの育種へ応用し、すでに製品化している事例について紹介していた。一方で、フォワードジェネティクスから種子のないトマトやウイルス抵抗性を示すトマトの育種についても報告があった。

Plant Genome Editing のワークショップでは、人口制限酵素の導入の仕方についての報告が多数あった。これまでは、人工制限酵素をコードする配列をアグロバクテリウム法により植物ゲノムへ導入して用いていた。一度植物ゲノムへ導入し、標的遺伝子を切断し、標的遺伝子への変異導入を確認した後で、交配により植物ゲノムへ導入した人工制限酵素を除き、変異導入個体を得るという手順を踏んでいた。こうして得られた変異導入個体は、まだまだ議論の余地はあるものの、 γ 線照射や、EMS 処理により得られていた変異体と区別がつかないとことが予測され、従来の遺伝子組換え植物のカテゴリーと区別される可能性がある。この方法は、種子繁殖性の作物では有効であるが、栄養繁殖性の作物においては、導入した人口制限酵素を除くことができず、人工制限酵素の利用における律速となりえる。今回参加したワークショップでは、この点を解消するための取り組みとして、プロトプラストへ人工制限酵素を導入し、標的遺伝子へ変異を導入して、再生個体を得る方法についてレタスで紹介があった。また、小麦でジェミニウイルスなどのウイルスベクター系を用いる方法が有効であることが紹介されていた。これらの方法は、前者では培養変異が、後者はウイルスベクターの使用の規制について今後の課題になると考えられる。その他ゲノム編集技術に関する報告としては、新規の CRISPR/Cas9 についての報告があった。従来型の CRISPR/as9 は NGG より上流の 20bp を標的として、17bp の所が切断され、変異が導入されるものであったが、新規の CRISPR/Cas9 は、nnnnGnAA など標的とするものが報告されていた。これにより標的配列が増えるため、標的となる遺伝子を今よりさらに広げることができ、CRISPR/Cas9 の使用の自由度が今より上がると考えられる。

植物遺伝子の研究やゲノム編集技術は今後ますます大掛かりなものになっていきそうだということ、基礎研究で得られた知見を育種へと展開していくトランスレーショナルリサーチが今後の植物研究の主流となりえると感じた。関連する研究者の国際コミュニティーに参加することの重要性、遺伝子実験センターでも力をそそいでいるトランスレーショナルリサーチの重要性は国際的な研究

の流れの中でも今後ますます重要な課題になるだろう。

最後に、今回 PAG に参加して筆者の専門とするウリ科植物の遺伝学とゲノム編集技術についての最新の知見を得ることができ、また関係研究者と交流を持つことができた。このような機会を与えてくださった形質転換植物デザイン研究拠点並びに渡邊先生、江面先生に感謝したい。