特集記事 ワークショップ報告

ワイルドはセクシーだ！

内藤 健^{1,2)}・高橋 有^{1,3)}・山内卓樹^{3,4)}・福島健児^{3,5,6)}・風間裕介⁷⁾・江崎文一⁸⁾・友岡憲彦¹⁾

¹⁾ 農業生物資源研究所，茨城県つくば市，〒305-8602

²⁾ 科学技術振興機構，さがけ，埼玉県川口市，〒332-0012

³⁾ 日本学術振興会，特別研究員

⁴⁾ 名古屋大学大学院生命農学研究科，愛知県名古屋市中区，〒464-8601

⁵⁾ 基礎生物学研究所，愛知県岡崎市，〒444-8585

⁶⁾ 総合研究大学院大学生命科学研究科基礎生物学専攻，愛知県岡崎市，〒444-8585

⁷⁾ 理化学研究所，仁科加速器研究センター，埼玉県和光市，〒351-0198

⁸⁾ 岡山大学資源植物科学研究所，岡山県倉敷市，〒710-0046

Wild is sexy!

Ken Naito^{1,2)}, Yu Takahashi^{1,3)}, Takaki Yamauchi^{3,4)}, Kenji Fukushima^{3,5,6)}, Yusuke Kazama⁷⁾, Bunichi Ezaki⁸⁾
and Norihiko Tomooka¹⁾

¹⁾ *National Institute of Agrobiological Sciences, Tsukuba, Ibaraki 305-8602*

²⁾ *Japan Science and Technology Agency, PRESTO, Kawaguchi, Saitama 332-0012*

³⁾ *Research Fellow of the Japan Society for the Promotion of Science*

⁴⁾ *Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University, Nagoya, Aichi 464-8601*

⁵⁾ *National Institute for Basic Biology, Okazaki, Aichi 444-8585*

⁶⁾ *Department of Basic Biology, School of Life Science, Graduate University of Applied Studies, Okazaki, Aichi 444-8585*

⁷⁾ *RIKEN Nishina Center, Wako, Saitama 351-0198*

⁸⁾ *Institute of Plant Science and Resources, Okayama University, Kurashiki, Okayama 710-0046*

キーワード

食虫植物，性染色体，エピジェネティクス，Neo-domestication

緒言

ワイルドはセクシーである。野生植物にはモデル植物と一線を画した魅力が秘められているということだ。確かに、シロイヌナズナやイネの全ゲノム解読は植物科学の一つの金字塔となった。これによって、より多くの研究者がこれらのモデル植物を扱うようになり、実験系が整備され、さらに多くの研究者が集まった。その結果、植物の分子生物学・分子遺伝学は飛躍的に発展した。一方で、モデル植物の登場が、研究の画一化を誘導してしまったことも事実である。野生植物がいかに魅力的な特徴を備えていようと、敢えてそれらに挑もうとする研究者が増えることはなかった。研究対象としての扱いやすさはモデル植物に敵わなかったのがその最大の理由であろう。しかしながら、次世代シーケンサーの登場によって、そのようなモデル植物の圧倒的優位は崩れつつある。ゲノムが解読されていないなら自分で読んでしまえばよ

い、そんな時代が開かれつつあるのだ。そうであればこそ、環境適応、性決定、形態発生など、野生種がもつ魅力的な特性の数々が顧みられるべきである。全世界で収集・保存されている遺伝資源は実に 800 万点を超える (McCouch *et al.* 2013)。これらの中には、学術的に興味深いもの、人類にとって有益な形質をもつものなどが多数眠ったままとなっている。これらを掘り出し、解明していくことが、次世代の研究者が担うべき重要な課題であると考えられる。

そこで、本ワークショップではマニアックな植物を扱っている研究者 4 名を招聘し、講演して頂いた。それぞれの研究対象は、食虫植物フクロユキノシタ、雌雄異株植物ヒロハノマンテマ、イネ科雑草メリケンカルカヤ、そしてマメ科 *Vigna* 属野生種群、といった珍しい植物ばかりであり、これらはモデル植物から想像もできないような特徴を備えている。各研究者の講演を聞き、議論を交わすことで、今後の野生植物を用いた研究の拡大を推進することを本ワークショップの目的とした。以下は話題提供者が講演内容をまとめたものであり、本稿の読者が研究に取り組む上で参考になることを期待したい。

2015 年 2 月 9 日受領

Correspondence: takahashi0126@affrc.go.jp

演題 1 フクロユキノシタのゲノムから探る食虫植物の適応進化

福島健児^{1,2}, 長谷部光泰^{1,2} (1. 総研大・生命科学, 2. 基礎生物学研究所)

漸進的な形質進化が個々の変異の積み重ねで説明できるのに対し、「複数の形質が組み合わさって機能する場合はどのように進化するのか」という問題は、進化学上の未解決課題として残されている (Barton *et al.* 2007). 食虫植物の進化はその典型例であり、特殊な葉形態や消化機能といった複数の形質が揃うことではじめて捕虫能力を発揮できる。我々は食虫植物を複合的な形質進化のモデルケースと捉え、その進化過程の解明を目的として研究に取り組んでいる。

1. フクロユキノシタを用いた食虫性関連遺伝子の探索

食虫植物はこれまでにおよそ 700 種が記載されており、粘り着け式や落とし穴式など種ごとに多様な罠を張り虫を捕らえる。その中でも、我々はオーストラリアに分布する落とし穴式食虫植物フクロユキノシタに着目した(図 1)。本種は虫を捕らえることが可能な捕虫葉と光合成に適した普通葉の両方を作り出す能力を有する。作り分けの機構はこれまで不明であったが、我々は培養条件の違いのみによって葉の発生運命を制御できることを発見した。これにより、個体内比較解析を起点とした食虫性関連遺伝子の探索が可能となった。次に、捕虫能力を担う遺伝子を網羅的に探索するにはゲノム配列情報が必要である。しかしながら、フクロユキノシタのゲノムサイズは 2 Gbp と大きく、全配列決定は容易ではなかった。そこで、新学術領域研究「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」および Beijing Genomics Institute との共同研究を推進し、Illumina および PacBio シーケンサーを組み合わせることでゲノムサイズの問題に対処した。その結果、遺伝子モデルの構築に十分な質のゲノム配列を得ることができた。さらに、フクロユキノシタにおけるウイルス誘導性遺伝子抑制法の確立にも成功しており、トランスクリプトーム比較と遺伝子抑制スクリーニングを組み合わせた遺伝子単離を進めている。

2. 消化酵素の分子収斂

食虫植物は被子植物における 6 つの目で独立に出現している (Albert *et al.* 1992)。我々は、独立に食虫植物化した分類群間であってもその進化過程には何らかの共通点があるのではないかと考えた。そこで、消化液内タンパク質のプロテインシーケンシングと捕虫葉のトランスクリプトームシーケンシングを組み合わせ、フクロユキノシタを含む 3 目 4 種の食虫植物から計 43 個の消化酵素遺伝子を同定した。配列比較の結果、独立に食虫植物化した分類群であるにも関わらず、これらの遺伝子はオルソログ関係にあることが分かった。当該遺伝子の非食虫植物オルソログは病害抵抗性遺伝子であったことから

図 1. 春先に普通葉を作り始めるフクロユキノシタ (オーストラリア アルバニーにて撮影)。

(Okabe *et al.* 2005), 病原菌を溶かし殺す機能が前適応となり、これが消化機能へと繰り返し転用されたと推定した。次に、アミノ酸置換レベルでの共通点を探索したところ、独立系統の消化酵素において、同一アミノ酸置換が複数生じたことが明らかとなった。このことから、食虫植物間で類似した選択圧が消化酵素の分子収斂を駆動した可能性が示唆された。

近年、様々な生物のゲノム情報が利用可能となり、ゲノムスケールの解析から分子収斂のメカニズムを探るための基盤が整いつつある。本研究では消化酵素に着目したが、ゲノムワイドな解析が可能になれば、分子収斂を指標として複合形質進化の基盤を成す遺伝的变化を網羅的に同定できるはずだと考え、研究を進めている。

演題 2 巨大 Y 染色体との格闘 ～ヒロハノマンテマの性決定遺伝子の探索～

風間裕介¹, 石井公太郎¹, 池田時浩¹, 川元寛章², 河野重行², 阿部知子¹ (1. 理研・仁科センター, 2. 東京大・院・新領域・先端生命)

ナデシコ科の雌雄異株植物ヒロハノマンテマ (*Silene latifolia*) は、XY 型の性染色体をもつ (図 2)。1923 年に XY 性染色体が発見されて以来、アメリカ、イギリス、フランス、チェコ、スイス、日本の研究グループによりヒロハノマンテマを用いた性染色体の構造と進化や性分化機構の解明に向けた研究が進められてきた。Y 染色体には 3 つの雄性決定機能領域があり、(1) 雌蕊発達抑制機能領域 (GSF), (2) 雄蕊伸長促進機能領域 (SPF), (3) 葯成熟促進機能領域 (MFF) と呼ばれる。私たちは、ヒロハノマンテマの雄 (♂) に理研リングサイクロトロンで発生する重イオンビームを照射し、(1) GSF を欠失した両性花を 17 個体、(2) SPF を欠失した無性花を 10 個体、(3) MFF を欠失した雄蕊葯不全花を 6 個体単離した。一方、イギリスの研究チームでは、1452 個の Y 染色体座連遺伝子を単離した。これらの変異体と Y 染色体座

図2. 雌雄異株植物ヒロハノマンテマの雌花(左)と雄花(右).
bar=1.0 cm.

乗遺伝子群を用いて、性決定遺伝子の単離を目指した研究を開始した。組換え抑制領域が大部分を占める Y 染色体では、組換え価による遺伝子のマッピングは行えない。この問題を解決する方法として考案した「巡回セールスマン問題を応用した Y 染色体欠失マッピング」を中心に、本公演では、植物性決定遺伝子の探索と性染色体の構造解析について紹介した。

上記変異体と、照射後変異表現型を示さなかった個体計 96 個体について、146 個の Y 染色体 STS マーカーを用いて Y 染色体の欠失状況を調べた。「欠失変異は局所的に生じる」という仮定のもと、Y 染色体のマッピングを「各個体の欠失総数が最少となるマーカーの順列を求める」という巡回セールスマン問題に帰着した。順列の組み合わせは $(146-1)!/2$ 通りと膨大なため、まずマーカーをクラスタリングし、各クラスターを仮想的なマーカーとして最適な順列を求め、次に各クラスター内部のマーカーについて最適な順列を求めることで計算を効率化した。どの個体にも欠失のない 10 個を除いた 136 マーカーをマップしたところ、Y 染色体は 2 つの領域に分けられた。これら 2 領域の間に動原体があると考えられる。動原体から遠い順に GSF と SPF が同腕にマップされたが、MFF はマップできなかった。マーカー数が不十分か、MFF 遺伝子が複数存在することを示唆する。GSF、SPF 上のマーカーはそれぞれ 4 個、5 個であり、これらの近傍に性決定遺伝子が 1 つずつ存在すると考えられる。GSF と SPF の候補の抽出のため、レーザーマイクロダイセクションと、両性花変異体や無性花変異体を用いた発現解析を行った。その結果、GSF の候補として 4 遺伝子、SPF の候補遺伝子として 32 遺伝子を得た。現在これらの情報を統合して性決定遺伝子の探索を進めている。

最近、マメガキの Y 染色体に座乗する MFF 様の遺伝子が報告され (Akagi *et al.* 2014)、植物性決定遺伝子の研究はいよいよ盛んになってきている。今後は様々な植物で雄性決定機能遺伝子が同定され、組換え抑制による性染色体の獲得と進化に関する研究が進められるであろう。組換え抑制は、性決定遺伝子周辺だけでなく S 遺伝子やアポミクシス遺伝子など様々な重要遺伝子の周辺に生じ

ており、本公演で紹介した重イオン欠失マッピングは、様々な育種学上有用な遺伝子の同定にも適用できる技術であると考えられる。

演題3 イネ科野生植物メリケンカルカヤにおける AI ストレス下でのエピジェネティックな遺伝子制御について 江崎文一 (岡山大・資植研)

野生植物には幅広く環境ストレスに対して耐性を示すものが多く、耐性遺伝子や耐性機構を解析する上で大変魅力的である。酸性条件下で植物の生育を阻害するアルミニウム (Al) ストレスに対しても、高い耐性を示す野生植物の存在が期待される。そこで野生植物群約 50 種からの Al 耐性植物選抜を行い、イネ科野生植物のメリケンカルカヤ (*Andropogon virginicus* L.) を見出した。さらにその Al 耐性機構の解析を進め、以下の結果を得た (図 3A)。

- 1) 根でストレス特異的に有機酸を合成し、根外へも分泌することで毒性 Al の無毒化と根への吸収を抑制する。
- 2) 吸収した Al を根から地上部へ積極的に輸送し、根での毒性濃度を低く抑える。
- 3) 地上部に移行した Al は葉の棘状組織 (トライコーム) 等を集積され、さらに一部はそこから排出される。
- 4) 植物体内ではカタラーゼや SOD 等の抗酸化酵素やアントシアニン等のポリフェノール類の生成が誘導され、Al ストレス下で 2 次的に発生する酸化ストレスを軽減する。
- 5) シグナル伝達物質である一酸化窒素 (NO) を根で誘導し、抗酸化に作用する上記の酵素類や物質類の体内生成を高める。

この様に 1 つの植物で複数の耐性機構が見つかった報告例はない。またこれらの耐性機構の多くが誘導性であることから、統括的な制御システムで起動される可能性が示唆される。

そこでこれらの Al 耐性機構の解明を目的として、メリケンカルカヤ由来の cDNA ライブラリーを構築し、Al 耐性遺伝子群の単離を酵母のスクリーニング系で行った。得られた候補の 1 つは塩基配列の決定の結果、S-adenosyl methionin synthetase (SAMS) であった。その完全長 cDNA (*AvSAMS1*) をシロイヌナズナに導入したところ、Al, Cu, Zn, diamide (酸化ストレスを引き起こす酸化剤) 等にも耐性であった。ところで SAMS は植物体内のメチル化反応での主なメチル基供与体である SAM の合成に直接関わることから DNA やヒストンのメチル化にも関与すると思われた。また上述のようにメリケンカルカヤの高い Al 耐性には、複数の耐性機構のストレス特異的な誘導が強く関連することが示唆され、ゲノム全体での発現量の制御 (エピジェネティクス) が Al ストレス下で起こっている可能性が予想された。マイクロアレイでは、シロイヌナズナ *AvSAMS1* 発現株は非形質転換株 (Col-0) に比べて Al 特異的に、より多くの遺伝子の発現量が増減した (図 3B)。このことから *AvSAMS1* が DNA やヒストンのメチル化を介したエピジェネティック制御に関与する可能性が示唆された。そこで、アレイ解析で特徴的な発現を示した遺伝子群 (Col-0 株よりも *AvSAMS1* 発現株

図3. メリケンカルカヤの Al 耐性機構 (A) とシロイヌナズナ AvSAMS1 発現株とコントロール株 (Col-0) 間での Al ストレス下の遺伝子発現の比較 (B)。マイクロアレイの結果を発現パターン毎に分類してゲノム上の遺伝子数を上部に示した。Group I と II は、Col-0 株よりも AvSAMS1 発現株で Al ストレス時にその発現量が大きく誘導された遺伝子群、または抑制された遺伝子群である。

で Al ストレス時にその発現量が大きく誘導された遺伝子群 (図 3B; 以下 Group I とする) または抑制された遺伝子群 (図 3B; Group II とする) について 2 つの検討を現在進めている。まず Al ストレス下での DNA メチル化の状況を bisulfite 化反応後の塩基配列決定で検討したところ、(1) シロイヌナズナでは Al 処理により、Group I, II の両群において DNA のメチル化に変化が起こる遺伝子が存在すること、(2) AvSAMS1 発現株と Col-0 株ではそのメチル化の状況に差異があることを見出した。一方、遺伝子発現制御とヒストン H3 のメチル化との関係についても検討している。こちらは DNA 以上に複雑で、既に H3K4m3 (ヒストン H3 の N 末から 4 番目のリジンのトリメチル化) または H3K9m3 (H3 の N 末から 9 番目のリジンのトリメチル化) と DNA との結合はその DNA 部位の発現誘導化または抑制化にそれぞれ、働くことが知られている。そこで前述の Group I と II から選んだ各 20 個について、上記の 2 種類のメチル化ヒストンとの結合状況をクロマチン免疫沈降 (ChIP) 法で検討した。その結果、Group I の中から H3K4m3 と結合量が Al 処理時に、しかも AvSAMS1 発現株で、より大きく増加する遺伝子群が得られた。一方 Group II の中からは H3K9m3 との結合量が増える遺伝子群が得られた。これらの結果はメチル化ヒストンとの結合状況に合わせて遺伝子発現量が制御される遺伝子群の存在を示唆している。

これまでに我々は耐性遺伝子候補の導入やそれらを統括的に制御する転写調節因子遺伝子を導入して、耐性を高めようとしてきた。今後、AvSAMS1 遺伝子の様なゲノム全体の発現量を制御する系の導入も、より有効な方法として期待されるだろう。

演題 4 *Vigna* 属植物の進化と多様性 友岡憲彦 (農業生物資源研究所)

はじめに

野生の *Vigna* を探してアジア各地を旅しながら、考えていたことがある。*Vigna* の野生種の中には作物になった (人間に選ばれた) ものとなれなかった (選ばれなかった) ものがある。何故だろう。なれなかったものの中にも、地元の人々は結構食べているものがある。しかも、ある *Vigna* の野生種を食べているインドの農民は、リョクトウ (*V. radiata*) やケツルアズキ (*V. mungo*) より美味であると言う。さらに、それを栽培している農民もいて、次のように言う。こいつは病虫害に強いので、リョクトウやケツルアズキを作る時には必要な農薬なんかやらなくても大丈夫。この野生種の種子は地元の種屋で売っていて、その値段はリョクトウよりも高かった。別の *Vigna* の野生種の利用について聞くと、日照りなどの異常気象で作物ができなかった時に、救荒食として採って食べると言う。異常気象の時でもこの野生種はちゃんとできているのだろうか。人間が食用として利用している *Vigna* の野生種の中には、既存の作物では耐えられないような劣悪な環境に適応して生えている種がある。であれば、それを新たに栽培化して新作物にしたら、これからの食糧生産の安定化に貢献できるのではないか。

Vigna 属植物とは

Vigna 属には約 100 種が記載されており、その中から 9 種が作物化された。一般に知られている作物としては、ササゲ (*V. unguiculata*)、リョクトウ、ケツルアズキ、アズキ (*V. angularis*) がある。あまり知られていないが、そのほかにちゃんと作物化された (大型化、種子休眠の消失、裂莢性の消失がみられる) 種としては、地下結実性のパンバラム (*V. subterranea*)、耐暑性に優れたモス

ピーン (*V. aconitifolia*), 多収でアズキゾウムシ完全抵抗性のツルアズキ (*V. umbellata*), *Vigna* 属唯一の4倍体種クレオルピーン (*V. reflexo-pilosa*), イモを食用とするアカササゲ (*V. vexillata*) がある。また, 作物化されなかった種でも, 完熟種子, 未熟種子, 若葉, 花あるいはイモが食用として利用されている種が26種ある。

20 世紀最大の発明

20 世紀が終わりを迎える 1999 年に, *Nature* 誌で Millennium essay という特集が組まれ, その中に 20 世紀で人類に最も大きな影響を与えた発明は何かという小論があった。そこで取り上げられた 20 世紀最大の発明は, 飛行機でも, 核エネルギーでも, 宇宙船でも, テレビでも, コンピューターでもなく, ハーバーボッシュ法であった (Smil 1999)。これは, 空気中の窒素を工業的に固定する方法である。この発明により窒素 (アンモニア) 肥料の大規模生産が可能となり, 農産物の生産量が増加し, 人口爆発の引き金となった。この発明がなかったら, 現在世界に暮らしている人々の半分は存在していない。世界の穀物生産は, 1960 年から 2000 年までの 40 年間に約 2.5 倍に増加したが (Green Revolution), その穀物生産の増加は, 工業的に生産された 8 倍の窒素肥料, 2 倍の灌漑水, 7 倍の殺虫剤の投入によるものであった (Tilman *et al.* 2002)。窒素肥料の生産には大量の化石燃料が必要であり, これに過度に依存する農業は持続的農業とはいえない。それだけでなく, これら資材の農地への過剰投入は多くの環境汚染問題をもたらした。

Symbiotic Green Revolution

一方, マメ科植物はハーバーボッシュ法よりもはるかに高効率で化石燃料も必要としない空中窒素固定法をバクテリアとの共生によって約 6500 万年前に発明した (Udvardi and Scheible 2005)。これは, Symbiotic Green Revolution と呼ばれ, 現在農地に投入される窒素の半分 (約 5000 万トン) は, マメ科作物の共生窒素固定によって供給されている。今後の農業においては, 持続可能で環境に負荷の少ない窒素固定能力をもつマメ科作物を作付体系の中により多く組み入れて利用していくべきである。

マージナルランドにおける作物生産

先に述べた穀物生産の倍増は, 収量の増加によるものであった。すなわち, 主要穀物の収量は, 1960 年 (1.2 t/ha) から 2000 年 (2.8 t/ha) の間に約 2.3 倍に増加した。これは, 農地として既に利用されていた土地の中のいわゆる ‘best quality farmland’ へ, 上述のように窒素, リン, 灌漑水, 農業を大量に投入し, それに耐えうる品種を育成した結果である。そのため, 主要穀物の収量は既に上限に達していると考えられており, 今後大きな収量増加は望めそうにない。従って 2050 年には 96 億に達す

ると予想されている人口増加に対応した食糧増産は, これまで農地として利用されていなかった条件の悪いマージナルランドにおける作物生産に頼らざるを得ない。また, 現在農地として利用されている土地でも, その 70% はいわゆる ‘problem soils (問題土壌)’ である。こうした劣悪環境下での持続的作物生産にチャレンジしていくためには, 各種の問題土壌での栽培に適した新しい作物が必要である。

Neo-domestication

野生植物の作物化の過程で起こった形態的变化は, 農耕の開始以降の比較的短期間 (数千年から 1 万年) に成し遂げられた比較的少数の遺伝子の劣性突然変異 (loss of function 型突然変異) によることが明らかになってきた。一方, 問題土壌を含む多様なストレス環境に対する進化的適応は, 一般に数十万年から数百万年という時間をかけて獲得した複雑な遺伝子ネットワークによるものである。従って, 既存の作物に複雑な遺伝子ネットワークを導入するよりも, 既に環境ストレスに進化的に適応を遂げた野生植物を, 突然変異育種の手法や交配による栽培化遺伝子の導入で新たに作物化する方がより効果的なアプローチであろう (Tomooka *et al.* 2014)。これまで, エリート作物の改良の時代であったが, いよいよ野生種の出番がやってきた。

Vigna 属植物の多様性

Vigna 属植物の中には多様な環境に適応した種が進化しており, これらは環境適応のメカニズムを明らかにする興味深い材料であると同時に, Neo-domestication の候補である (以下 Tomooka *et al.* 2014 の Fig. 2 参照)。*Vigna marina* は熱帯の砂浜に生息する種で優れた耐塩性を獲得している。イモを食用にする *V. vexillata* の中には, 酸性土壌に適応した系統があり, pH 3 の酸性条件下で, pH 6 の時に比べて約 30% 増の乾物生産を示すだけでなく, Al イオンを添加すると根量が増加する。*V. exilis* は, 石灰岩の山に適応した種で, 露出した石灰岩の上に直接生育することができる。*V. trilobata* は, 乾燥熱帯の砂質土壌に適応した種で, 長く伸びる直根で乾燥に耐える。*V. luteola* は, 熱帯の河川脇等の湿地環境に適応した種である。*V. stipulacea* は, 熱帯の重粘土土壌に適応した種で, 優れた病害耐性をもっている。生物研圃場において, アズキ遺伝資源増殖圃場では 2 週間に 1 度の殺虫剤散布をしても虫の被害が甚大であったのに対し, *V. stipulacea* の圃場は殺虫剤を全く散布しなくてもほとんど被害を受けなかった。

ストレス環境下における窒素固定

窒素を自己調達できるというマメ科植物の能力は, 問題土壌における環境負荷の少ない持続的農業を考える上で, 非常に重要な特徴である。ある問題土壌に適応した

マメ科植物を栽培する場合には、その環境に適応した根粒菌を接種菌として利用すべきである。沖縄の砂浜に自生している *V. marina* には、一般に *Vigna* 属植物に着生するとされている *Bradyrhizobium* 属根粒菌ではなく、*Rhizobium* 属や *Sinorhizobium* 属に属する多様な未知の根粒菌が着生していた。予想通り、これらの未同定根粒菌は、*Bradyrhizobium* 属菌や既知の *Sinorhizobium fredii* USDA205 株と比較して、極めて高い耐塩性 (5% NaCl)、耐アルカリ性 (pH 11)、耐暑性 (45°C) を示した。様々なストレス環境に適応している *Vigna* 属植物に着生している根粒菌の研究はほとんど行われておらず、今後取り組んでいくべき重要な課題である。

おわりに

乾燥に対する *Vigna* 属植物 27 種の反応を調べて思った。 *Vigna* 属で既に作物化されている種は、祖先野生種でも作物でも、水が潤沢な時には極めて旺盛な生育を見せたが、乾燥がくると途端に破たんした。乾燥に適応した野生種は、水が潤沢な時でも、あまり旺盛な生育を見せない。その代り、乾燥がくると光合成活性を高め、根の生産に資源を優先的に振り分けて、生育を維持することができた。いろんな野生種を栽培した経験から、環境ストレスに適応した野生種は、人間が過保護な条件 (十分な水と肥料) を与えても、それに反応して旺盛に生長するようなことはなく、特に生育初期はゆっくりと生長するように感じている。ひょっとすると、この間に環境ストレスに対する何らかの準備をしているのかもしれない。これからの農業においては、普遍性・単一性・経済効率の追求から地域性・多様性・持続性の重視へ、考え方の転換が必要である。特に、ストレス環境下の農業では、過保護な条件下における収量性や経済効率に優れたエリート作物ではなく、環境ストレスに適応した野生種に由来する新作物が活躍するのではないだろうか。

総括

重要作物やモデル植物をいわゆる植物界のエリートとするならば、野生植物の存在はその対極にあると言える。しかしその野生植物が魅力的に見えるのは、それぞれがニッチの中に自分の居場所を見つけ、力強く生き延びているからではないだろうか。それは、喻えマニアックな研究であっても自分の旗を振っている研究者の姿を想起させる。「鶏口と為るも牛後と為る勿れ」とはよく言ったものだが、野生植物のように異彩を放つ研究者もまた、魅力的なものであろうと思う。

当日は大変多くの方々にご参加頂いた。若手研究者や学生に加えて著名なベテラン研究者にもご参加頂いたことは我々にとって大変喜ばしいことであった。今回は特

に普段の育種学会講演会ではまず触れる機会のないような植物を扱っている演者を中心に講演をして頂いた。それぞれの植物が見せる特有の魅力や、マニアックな植物であるがゆえに工夫された研究手法など、参加者にとっては参考や刺激になる内容であったと思いたい。

日本育種学会若手の会ではメーリングリストを作成しており、論文・求人などの情報交換および研究会の話題提供者募集・開催予告などに利用している。本稿の読者も是非、定例の研究会およびメーリングリストに参加して我々と議論を交わして頂きたい。メーリングリストは野菜茶業研究所の宮武宏治が管理しており、参加希望の方は以下のアドレスまでご連絡を頂きたい (miya0424@affrc.go.jp)。

謝辞

会場を提供してくださった大会運営委員会の先生方および会場スタッフの方々には大変お世話になった。また、開催準備を手伝って頂いた日本育種学会若手の会の皆様およびワークショップに参加して頂いた方々にも深く感謝の意を申し上げる。

引用文献

- Akagi, T., I.M. Henry, R. Tao and L. Comai (2014) A Y-chromosome-encoded small RNA acts as a sex determinant in persimmons. *Science* 346: 646–650.
- Albert, V.A., S.E. Williams and M.W. Chase (1992) Carnivorous plants: phylogeny and structural evolution. *Science* 257: 1491–1495.
- Barton, N.H., D.E.G. Briggs, J.A. Eisen, D. Goldstein and N.H. Patel (2007) *Evolution*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- McCouch, S., G.J. Baute, J. Bradeen, P. Bramel, P.K. Bretting, E. Buckler, J.M. Burke, D. Charest, S. Cloutier, G. Cole *et al.* (2013) Agriculture: feeding the future. *Nature* 499: 23–24.
- Okabe, T., I. Yoshimoto, M. Hitoshi, T. Ogawa and T. Ohyama (2005) An S-like ribonuclease gene is used to generate a trap-leaf enzyme in the carnivorous plant *Drosera adelae*. *FEBS Lett.* 579: 5729–5733.
- Smil, V. (1999) Detonator of the population explosion. *Nature* 400: 415.
- Tilman, D., K.G. Cassman, P.A. Matson, R. Naylor and S. Polasky (2002) Agricultural sustainability and intensive production practices. *Nature* 418: 671–677.
- Tomooka, N., K. Naito, A. Kaga, H. Sakai, T. Isemura, E. Ogiso-Tanaka, K. Iseki and Y. Takahashi (2014) Evolution, domestication and neo-domestication of the genus *Vigna*. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization* 12: S168–S171.
- Udvardi, M.K. and W. Scheible (2005) GRAS genes and the symbiotic green revolution. *Science* 308: 1749–1750.

当日 演題

ワイルドはセクシーだ！（育種学と農学のこれからを考える 28）

企画者：高橋 有^{1,2}，山内卓樹^{2,3}，内藤 健¹（1. 農業生物資源研究所，2. 日本学術振興会特別研究員 PD，3. 名大院生命農学）

1. フクロユキノシタのゲノムから探る食虫植物の適応進化

福島健児^{1,2}，長谷部光泰^{1,2}（1. 総研大・生命科学，2. 基礎生物学研究所）

2. 巨大 Y 染色体との格闘～ヒロハノマンテマの性決定遺伝子の探索～

風間裕介¹，石井公太郎¹，池田時浩¹，川元寛章²，河野重行²，阿部知子¹（1. 理研・仁科センター，2. 東京大・院・新領域・先端生命）

3. イネ科野生植物メリケンカルカヤにおける AI ストレス下でのエピジェネティックな遺伝子制御について

江崎文一（岡山大・資植研）

4. *Vigna* 属植物の進化と多様性

友岡憲彦（農業生物資源研究所）