

2025年8月6日

新潟大学
かずさDNA研究所

インゲンマメの亜鉛含量制御遺伝子座を同定

－ 亜鉛強化品種の育成による栄養状況改善に期待 －

新潟大学大学院自然科学研究科博士後期課程（研究当時、現 Rwanda Agriculture and Animal Resources Development Board ; RAB)の Mukamuhirwa Floride、同研究科の深井英吾准教授、公益財団法人かずさDNA研究所植物ゲノム生物学研究室の白澤健太博士らの研究グループは、農業・食品産業技術総合研究機構（農研機構）、RAB等との共同研究で、世界で最も食べられているマメ科作物、インゲンマメの亜鉛含量を制御する遺伝子座を同定し、その原因遺伝子候補を見出しました。高亜鉛含量をもつインゲンマメ品種育成による生物学的栄養強化 (biofortification) への応用が期待されます。

【本研究成果のポイント】

- インゲンマメは世界中で食されているマメ科作物
- インゲンマメ種子の亜鉛含量を制御する遺伝子候補を同定
- DNA マーカー利用による亜鉛強化インゲンマメ育種の効率化が可能

1. 研究の背景

日本ではマメといえばダイズですが、世界で食用利用が最も多いマメ科作物はインゲンマメです。インゲンマメは中南米に起源をもつ作物で、現在では世界中で栽培されています。完熟種子を利用する品種は、日本では主に北海道を中心として栽培されていますが、未熟な莢を食用とするさやいんげんは広い地域で栽培されています。ルワンダやその周辺諸国は一人当たりインゲンマメ消費量が世界トップクラスで、その栽培や育種も盛んに行われています。

亜鉛や鉄の摂取量不足は貧血症状として女性や子供で顕在化することが多く、「隠れた飢餓」として知られています。このような微量栄養素含量を強化した品種を育成し栄養状況改善を図ることを生物学的栄養強化 (biofortification) と言います。そこで私たちは、ルワンダのインゲンマメを研究対象として、インゲンマメ種子中の鉄と亜鉛含量を決定している遺伝子座を明らかにし、インゲンマメの栄養強化育種に応用できる知見を得ることを目的に研究を始めました。

II. 研究の概要

RAB が所有する 192 系統のインゲンマメについて、種子中の亜鉛・鉄含量や、その他の生物学的データを集めました。次に、192 系統から抽出したゲノム DNA を用い、ゲノムワイド関連解析 (Genome wide association study; GWAS、注 1) を行ったところ、第 11 染色体末端に亜鉛含量を制御している遺伝子座を同定しました (図)。一方鉄含量については、今回の解析では有用な情報を得ることはできませんでした。

さらに、第 11 染色体末端領域のゲノム DNA 配列を詳細に解析したところ、この領域には金属イオンの代謝に関係する遺伝子が 2 つあり、両方とも、亜鉛含量が多い系統と少ない系統の間で DNA 配列に違いがあることが分かり、これらが亜鉛含量の系統間差異の原因遺伝子候補だと結論づけました。

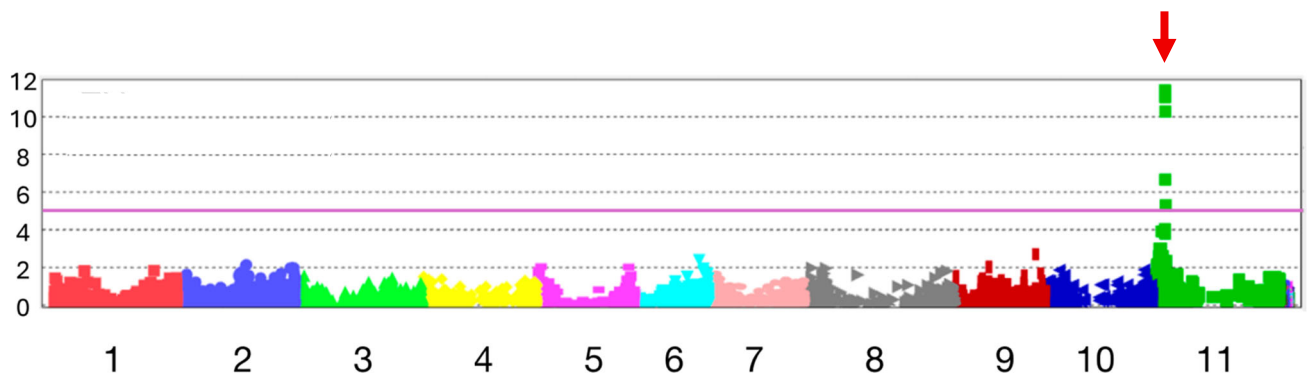


図. GWAS により検出された種子亜鉛含量との関連性が高い遺伝子座

これは、GWAS の結果をマンハッタンプロットにより表した図です。下部の数字は染色体の名前 (第 1 染色体から第 11 染色体) を示しています。第 11 染色体末端にピークが見られ (赤矢印)、ここに種子の亜鉛含量との相関が高いゲノム領域があることが示されました。

III. 研究の成果

本研究ではインゲンマメの亜鉛含量を制御する遺伝子座ならびにその原因遺伝子候補を同定し、その DNA 配列が高亜鉛含量系統と低亜鉛含量系統の間でどのように違うのかを明らかにしました。この DNA 配列情報を元に、育成中の系統の亜鉛含量を予測できる DNA マーカー (注 2) が得られました。この DNA マーカーの利用により、インゲンマメの亜鉛含量育種を加速できます。

IV. 今後の展開

今回の解析では 2 つの候補遺伝子が同定されましたが、実際に亜鉛含量を制御しているのがどちらなのか、または両方なのかなど、遺伝子機能との関係性について今後明らかにする予定です。それによって、土から吸収された亜鉛がインゲンマメ種子に蓄積されるまでのメカニズムの一端が明らかにでき、種子に蓄積される亜鉛含量の系統間差異が生物学的にどんな意味を持ちうるのか、解明を進めていきます。また、鉄含量の制御遺伝子座の同定に向けた解析も進めていきたいと考えています。

V. 研究成果の公表

本研究成果は、2025年7月15日、科学誌「Breeding Science」に掲載されました。

【論文タイトル】 Genetic control of seed iron and zinc concentration in Rwandan common bean population revealed by the Genome Wide Association Study (GWAS)

【著者】 Floride Mukamuhirwa, Kenta Shirasawa, Ken Naito, Edouard Rurangwa, Viateur Ndayizeye, Alphonse Nyombayire, Jean Pierre Muhire, Mahalingam Govindaraj, Norikuni Ohtake, Keiichi Okazaki, Moeko Okada, Eigo Fukai

【doi】 10.1270/jsbbs.24087

VI. 謝辞

本研究は、JICA 奨学金の支援を受けて行われました。

【用語解説】

(注1) Genome wide association study; GWAS :

同一種の多くの系統を集め、それらの形質評価を行うとともに、ゲノム DNA 配列解析を行い、ゲノム(染色体)のどこに、注目している形質を制御する遺伝子座があるのかを見つける研究手法のことです。次世代 DNA シーケンシング技術とバイオインフォマティクスの発達により近年急速に普及した研究手法です。

(注2) DNA マーカー :

ゲノムのある特定の場所について、生物個体間で DNA 配列が異なる場合、その違いを検出して、目印(マーカー)として使う手法を指します。

本件に関するお問い合わせ先

【研究に関すること】

新潟大学 自然科学系(農学部)
准教授 深井 英吾(ふかい えいご)
E-mail : ef@agr.niigata-u.ac.jp

かずさ DNA 研究所
植物ゲノム生物学研究室
室長 白澤 健太(しらさわ けんた)

【報道に関すること】

新潟大学広報事務室
TEL : 025-262-7000
pr-office@adm.niigata-u.ac.jp

かずさ DNA 研究所
広報・教育支援グループ