

日本の米、起源は中国ではなく東南アジアにあった！

井澤 毅

日本人の主食として欠かせない米。私たちはふっくらと丸みを帯び、モチモチした食感のジャポニカ米を好むが、その起源は約1万年前の中国の長江流域にあるとされてきた。ところが今回、(独)農業生物資源研究所の井澤毅主任研究員らのグループが、ある遺伝子の解析を行うことで、ジャポニカ米の起源が中国ではなく、実は東南アジアにあったことを示唆する結果を *Nature Genetics* 8月号に発表した。

米の太さを左右する遺伝子に着目

Nature Digest — 稲作の起源と拡散について、これまでの定説を教えてください。

井澤 — 米は、さまざまな国で主食とされている重要な穀物です。約1万年前に、自生した野生イネを栽培化したのが稲作の始まりだとされています。米は大きく「インディカ米」と「ジャポニカ米」に分けられ、インディカ米は細くてパサパサしたものが多く、ジャポニカ米は丸みを帯びていてモチモチした食感が特長です。コシヒカリなど、日本でおなじみの米は後者のジャポニカ米です。最新のゲノム研究によると、これらの2種は20万年前にはすでに分かれていたようです。日本には、ジャポニカ米が約3000年前にもたらされたと考えられています。

ND — ジャポニカ米の起源はどこにあるのでしょうか？

井澤 — これまでは、考古学的な検討により、中国の長江流域が起源だと考えるのが定説でした。というのは、長江中流域の約1万年前の遺跡から、丸みを帯びた短粒の籾が大量に発掘されたという報告があるほか、考古学的な推定によって、約7000年前の長江下流域で水稻が栽培化されていたことがわかっていたからです。ところが今回、私たちは、*qSW5* という遺伝子の発見と一連の解析によって、この定説

を修正する必要があることを示す結果を得ました。ジャポニカ米の起源は中国ではなく、インドネシアやフィリピンを中心とする東南アジアである可能性が出てきたのです。

ND — どのような解析をされたのですか？

井澤 — 農業生物資源研究所では、かなり前から、米の太さ(幅)を左右する遺伝子に着目し、その遺伝子のありかと機能を突き止めようと努力してきました。まず、幅の広いジャポニカ米の「日本晴」と幅の狭いインディカ米の「カサラス」を交配させて子世代(F1)を作り、さらにF1どうしを交配させて孫世代(F2)を作ったところ、F2には幅の狭い米から広い米までいろいろできました(図1)。このことは、幅を左右する遺伝子が1つではなく、本命から脇役まで、複数存在することを示唆していました。そこで次に、特殊な解析(QTL解析)によって、幅を左右する遺伝子が染色体のどのあたりに存在するのかを特定したところ、全部で4つの遺伝子候補を見つけることができました。

ここまでわかったところで、私は約6年前に研究を引き継ぐことになりました。当時は、本命の遺伝子変異が「5番染色体の中心より少し上の、数千塩基対中にある」というところまではわかっていたのですが、遺伝子の両端を特定できていませんでした。そこで「カサラス由来の遺伝子候補領域のどこからどこまでを日本晴に導入すると、米の幅が狭くなるのか」を調べてみることにしました。それぞれ10塩基対ほどの、少しずつずれた4領域を日本晴のゲノムに入れて米を実らせたのです。その結果、4領域のうちの1つを導入したときにだけ細い米ができることがわかり、原因遺伝子の範囲を特定することに成功しました¹。

ND — そこにはどんな遺伝子があったのですか？

井澤 — 機能解析によって11.2塩基対の大きさの遺伝子を正確に特定し、*qSW5* 遺伝子と名づけました¹。既知の遺伝子の中に似た配列のものがあるかどうかをデータベース等で検索したのですが、該当するものはなく、まったく新規の遺伝子であることが判明しました。そこで、さまざまな部位の組織切片で*qSW5*の発現の有無を調べようとしたのですが、これもうまくいかず、感度のよい方法を使うことで*qSW5*が「成長している穂」で発現していることを突き止めることができました。ただし、どういうタイミングで、穂のどの細胞に発現するのかまでは特定できず、この遺伝

(独)農業生物資源研究所 井澤毅



図1は、*qSW5* 遺伝子機能の有無と米の幅。インディカ米のカサラス、SL22 系統、NIL 系統では、*qSW5* が機能しており、米の幅が狭いのに対して、ジャポニカ米の日本晴では *qSW5* の機能が失われているため、幅が広い。図2は、遺伝子変異の有無からみえてくる、イネ栽培化の流れを示す。アジア各地の在来種について、*qSW5*、*qSH1*、*Waxy* の3つの遺伝子の変異の有無を表した(変異した遺伝子は×で示す)。インドネシア周辺を起源とするジャポニカ米が、1つずつ遺伝子の機能を失いながらインドシナ半島、中国、日本へと広がり、最終的に3つとも変異した栽培種ができていったようすがわかる。



井澤 毅 (いざわ・たけし) / (独) 農業生物資源研究所基盤研究領域植物ゲノム研究ユニット主任研究員。理学博士。1964年、富山県生まれ。1986年、東京大学理学部物理学科卒。1988年、同大学院理学系研究科修士課程修了。1988～1994年、(株)植物工学研究所研究員。1990～1992年、ロックフェラー大学客員研究員。1994～2001年、奈良先端科学技術大学院大学助手。2001年10月より、(独) 農業生物資源研究所主任研究員。2005年4月より同チーム長を経て、2006年4月より現職。

1988年に(株)植物工学研究所に入社し、イネの形質転換系の確立の仕事に従事。留学中の植物bZIP転写因子の研究にて、1994年に博士号を取得。帰国後、トウモロコシのトランスポゾンイネを導入し、遺伝子単離のタギング系を作製。奈良先端科学技術大学院大学にて、短日植物イネの光周性花芽形成の研究を開始。これが現在のメンターとなる。現職に異動後、矢野昌裕博士との共同研究でイネの自然変異の研究に従事し、脱粒性やコメサイズといった栽培化形質に関するDNA変異を利用したイネ栽培化研究を進めている。また、最近になって、比較ゲノムデータベース開発などバイオインフォマティクス研究も始めている。

子がどんなタンパク質を作り、それがどのように働くのかについても明らかにできませんでした。

ND — どのようにして苦しい状況を打破したのでしょうか？

井澤 — この研究と並行して、私たちは「脱粒性」の遺伝子についての解析も行ってきました。脱粒性とは、実が植物体から脱落してしまう性質のことです。野生のイネは脱粒性があるために、米が熟さないうちにこぼれ落ちてしまいますが、栽培種は熟しても脱落しない「非脱粒性」を獲得しています。私たちは *qSH1* という遺伝子を特定し、この遺伝子が働くと脱粒性を、働かないと非脱粒性を発揮することを突き止めていました²。また、少し古い仕事になりますが、*Waxy* というデンプンを作る酵素の遺伝子の解析もしており、この遺伝子が働くと米がパサパサになり、弱く働くとモチモチになることと、その原因のDNA変異も明らかにしていました³。ジャポニカ米は *qSH1* と *Waxy* の機能をともに失っており、栽培化の過程で、これらの遺伝子の変異体が選択的に使われてきたことがうかがえます。ある日、私は、*qSW5* もまた、栽培化の過程で機能を失ってきたのではないかと思いつきました。実は、*qSW5* の変異はコメの収量を増やすことがわかっており、それを実験的に示すこともできていたので、古代人が収量を多く得るために、この変異を好んで利用した可能性があると思ったのです。総括すると、私は、これらの3つの遺伝子がいずれも、変異することによって「ジャポニカ米らしさ」を作り出す遺伝子だと思い至りました。そして、さまざまな古い品種(在来種)において、これらの変異がどのような順番で入っていったのかを推測すれば、*qSW5* に関する新たな知見が得られるのではないかと考えるようになりました。

インドネシア、フィリピンからインドシナ半島、中国経由で日本へ

ND — 結果はどうだったのでしょうか？

井澤 — ジャポニカ米 110 種、インディカ米 30 種、中間種 2 種の、合わせて 142 種の在来種を対象に、3 つの遺伝子が非変異型(野生型)が変異型かを調べ、さらにこれまでに得られている遺伝子マーカーを使って、その在来種のゲノムが日本晴に近いか、カサラスに近いかを調べてみました¹。すると、3 つの遺伝子がすべて野生型であるにもかかわらず、ゲノムの構造は明らかに日本晴に近いジャポニカ米の在来種が 10 種見つかりました。これらの多くはインドネシアやフィリピンの在来種で、米の幅は狭くパサパサしているのですが、

ゲノムの構造はまぎれもなくジャポニカ米のものでした。また、インドネシアとインドシナ半島には 3 遺伝子のうち *qSW5* だけが変異した在来種が、インドシナ半島だけに *Waxy* だけが変異した在来種がありました。一方、*qSW5* と *Waxy* がともに変異した在来種が、インドシナ半島、中国、日本などに広く分布していました。加えて *qSH1* にも変異が入った在来種が中国産のものから見つかり、中国と日本には 3 つの遺伝子すべてに変異が入った在来種が多くあることがわかりました。

ND — ジャポニカ米の起源と拡散についての結論は？

井澤 — 一連の結果から、インドネシアやフィリピンで見つかった 3 遺伝子とも野生型の在来種こそがジャポニカ米の起源に近いものであると結論づけました。これらの在来種の祖先の中から、*qSW5* だけが変異して米の幅が広がったイネと、*Waxy* だけが変異してモチモチの米になったイネが独立して現れ、それらが選択的に栽培に用いられるとともに、インドネシアやインドシナ半島へと広まっていったのでしょう。その過程で、両者のイネは交配され、両遺伝子とも変異した種、つまり米の幅が広く、かつモチモチしたイネが誕生し、それが中国や日本にももたらされたのだと思います。中国では、さらに *qSH1* に変異の入ったイネが使われ、それが栽培化されることで、私たちが食べている「熟すまで実が落ちず、幅が広く、たくさん収穫でき、モチモチした米」が誕生したのだと考えられます。こうして、ジャポニカ米の原産は、中国の長江流域ではなく東南アジアで、そこから中国に広がったことが強く示唆されたのです(図2)。

ND — 今後の目標や課題はなんですか？

井澤 — 例えば、インディカ米に *qSW5* を導入して、収量を最大 2 割増やすことができるのではないかと考えています。世界的にはインディカ米の生産量のほうが多いので、食糧問題の解決に貢献できるかもしれません。研究としては、現在、*qSW5*、*qSH1* などの野生型遺伝子を導入することで、原種に近いイネを作り出そうとしています。雑草化したイネになると予想されますが、栽培化過程においてトレードオフで失った優良形質がみえてくるのではないかと期待しています。

ND — ありがとうございます。 ■

聞き手は西村尚子(サイエンスライター)。

1. Shomura, A. et al. *Nature Genetics* **40**, 1023-1028 (2008)
2. Konishi, S. et al. *Science* **312**, 1392-1396 (2006)
3. Isshiki, M. et al. *Plant J.* **15**, 133-138 (1998)