

## シンポジウム 4

## QTL 解析の限界と可能性

オーガナイザー 下野裕之 (岩手大学)・青木直大 (東京大学)・久保堅司 (九州沖縄農業研究センター)・熊谷悦史 (東北農業研究センター)・高井俊之 (作物研究所)

## 1. QTL 解析になにを求めめるのか?—誰のため、何のため—

矢野昌裕 (農業生物資源研究所)

## 2. 窒素代謝からみた QTL 解析の限界と可能性

小原実広<sup>\*1</sup>・山谷知行<sup>2)</sup> (1) 国際農林水産業研究センター, (2) 東北大学大学院農学研究科)

## 3. パンコムギ育種における QTL 利用の現状と課題

厩田淳史 (ホクレン農業総合研究所)

## 4. 植物育種におけるゲノミックセレクションの夜明け

岩田洋佳 (東京大学大学院農学生命科学研究科)

## 5. 作物学からみた QTL 解析の限界と可能性

中川博視<sup>\*</sup>・吉田ひろえ (中央農業総合研究センター)

作物学では、群落圃場条件において作物の潜在能力を発揮させることができるか、また、そのためには、地域や年次により多様に変化する環境の中で生育する作物の成長過程および収量形成過程を、多数の遺伝子で複雑に制御されている環境応答システムとしてどう理解するかが重要な研究対象となる。QTL 解析は、分子生物学知見と現場圃場を繋ぐ有力なツールとして、現在、盛んに研究が行われており、いくつかの遺伝子の特定とその機能の理解、さらには遺伝子導入による利用が進んでいる。本ミニシンポジウムを企画するにあたり、「既存の品種、作物の能力を越えるために、QTL 解析に基づく遺伝子を単純に集積することで実現が可能なのか、遺伝子間の相互作用また環境により時間軸を考慮にした、統合的な理解が必要ではないのか」という疑問を抱き、日本の QTL 解析に関わる各分野でのトップランナーとの議論から、現在の QTL 解析の限界、また将来の可能性について議論ができればと考えた。残念ながら、本ミニシンポジウムは、東日本大震災の影響で実施することができなかったが、ここに各講演者の要旨をまとめた。

矢野氏は、自然変異を対象とする研究は、利点と欠点を持ち、それを一般論として QTL 解析全般の評価を行うべきではなく、研究者が、QTL 解析になにを求め、その結果によって、どう行動するか、QTL 解析の可能性は大きく依存するとした。

小原氏・山谷氏は、窒素代謝からみた QTL 解析について、イネを材料とし、葉身のサイトゾル型グルタミン合成酵素 (GS1) と NADH グルタミン酸合成酵素 (NADH-GOGAT)、さらには窒素吸収に関わる根の長さについての QTL を検

出し、実際の収量形質との関係を示している。栽培環境の影響を受けやすい形質は、QTL 解析による多数の系統を用いて圃場での収量関連形質を直接的にスクリーニングすることに加え、制御環境下における関連形質の「ポテンシャル」を評価することも重要であると指摘する。

厩田氏は、パンコムギを材料に、育種現場からみた QTL 解析について、育種での利用を考えると、高精度マッピングや地域の基幹品種を背景とした NIL の作出の重要性、また、個々の QTL の有効性や不良形質との連鎖関係の理解の重要性を指摘する。

岩田氏は、ゲノミックセレクションという新たな手法の有効性について示した。従来の QTL の位置情報をもとにしたマーカー利用選抜 (marker assisted selection: MAS) は、効果の小さい遺伝子の集積には向かない。多数の DNA 多型をもとに表現型を予測するゲノミックセレクションは、効果の小さな QTL が多数関与する遺伝率の低い形質の改良に表現型選抜や MAS よりも利便性が高い可能性を指摘した。現段階ではコストの問題があるが表現型での選抜を省力化できる等の利点もあり、将来有効な手段となることが期待される。

中川氏・吉田氏は、遺伝子と環境相互作用の理解の必要性を指摘し、それらを統合的に理解する、作物シミュレーションモデルの活用を提案した。分子生物学分野でさらに増加が予測されるゲノム情報とフィールド研究の統合が重要であるとした。

以上、要旨から、読み取った内容でしかないため、今後、実際に講演者の講演を拝聴し、議論を行いたく、別の機会に同様の会を実施したいと考える (下野裕之)。