

ルーツを探る！エジプトに渡來した「Yabani」の由来

気候変動に適応する生産安定技術・品種の開発・普及

神奈川大学附属高等学校 エジプト米DNA研究チーム 杉森 相馬 草薙

目的・背景

どの日本米の品種がエジプトに渡ったのか、そのルーツを探る

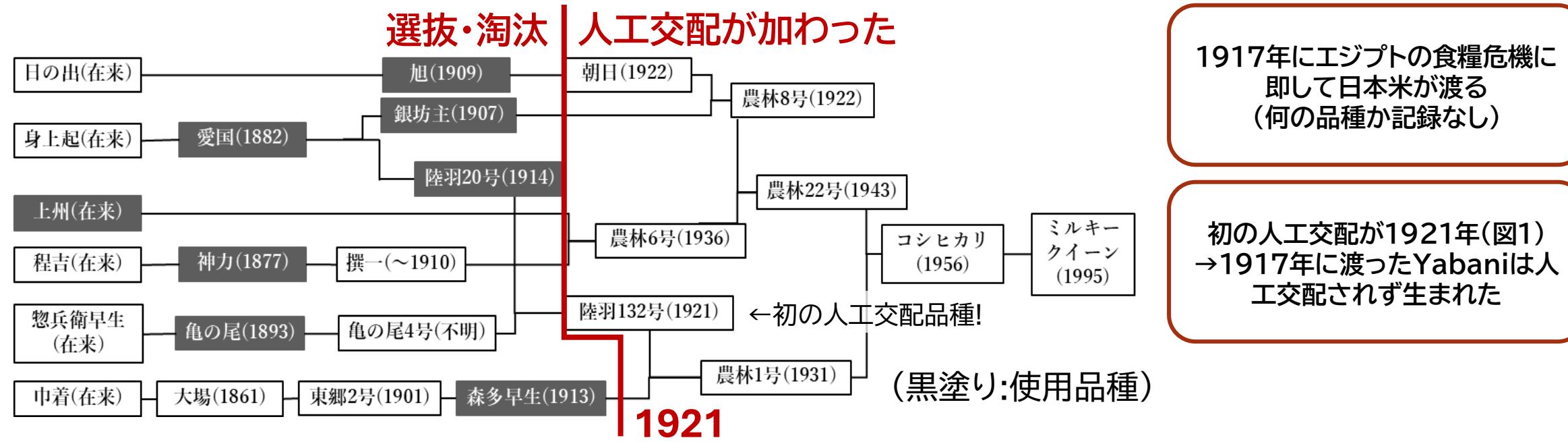
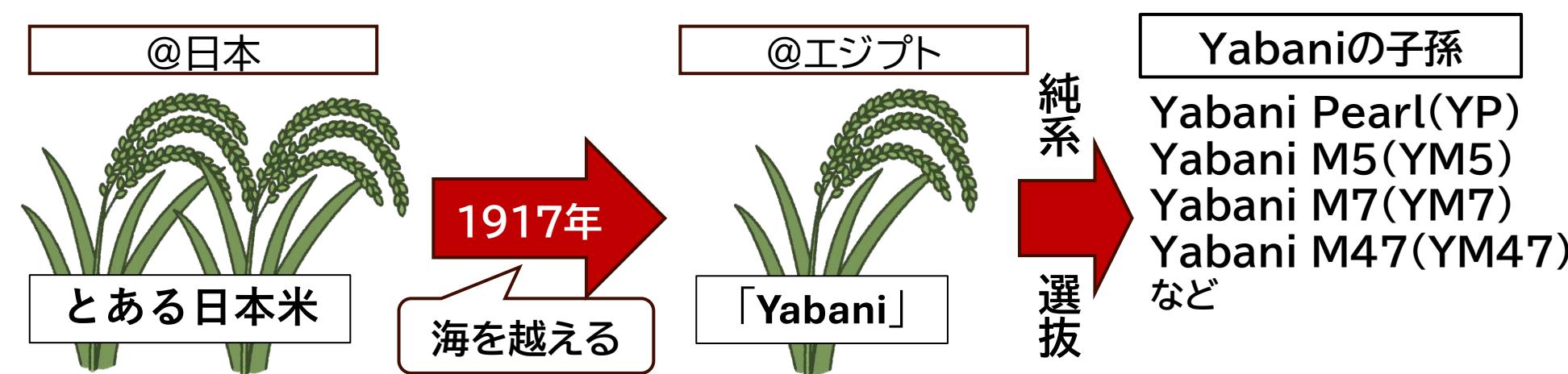


図1. 農研機構 イネ品種・特性データベース検索システムを基に作成した主なイネの系譜図

方法

○DNA解析

電気泳動を行い、増幅DNA断片長に基づき算出したYabaniとの類似度をもとに系統樹を作成した。(妥当でない結果の判別のために長粒米であるインディカ米を使用)

○ゲノム解析

YM5、陸羽20号の全ゲノム解析を東邦大学理学部分子情報発生学研究室の鹿島誠講師に依頼し、ショートリードシーケンサーで取得した配列を日本晴ゲノムにマッピングし、SNPを検出し、海外品種の公開データとも比較した。その後、PCAとUMAPにより変異パターンの類似性を可視化した。

○栽培・官能評価

Yabaniの日本での実用性を探るため、実際に栽培し、栽培時の様子や収穫時の調査、官能評価を行った。(YM5(=Yabani)、Yabaniとして有力な陸羽20号、高温耐性を持つ笑みの絆を使用)

結果と分析

○DNA解析

泳動は3年間で80回実施！

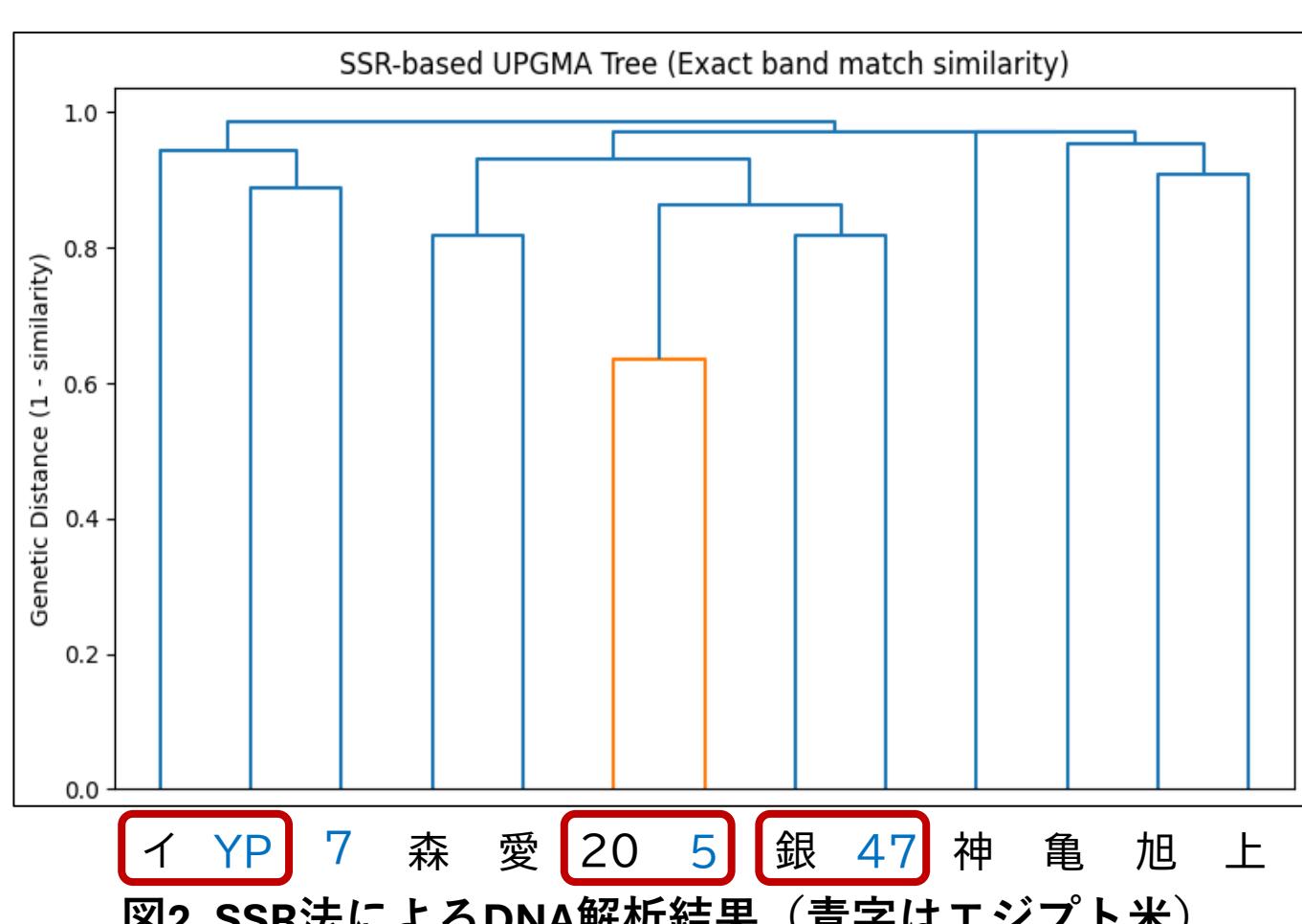


図2. SSR法によるDNA解析結果 (青字はエジプト米)

図2より以下のことが考えられた。

- ・Yabaniの中でも遺伝的分岐が存在
- ・YM5は陸羽20号、YM47は銀坊主が近い
→陸羽20号、銀坊主は愛國から派生したため、愛國系統がエジプトに渡った可能性
- ・YP、YM7はインディカ米に近い位置に配置
→長粒米種と交配された可能性

○ゲノム解析

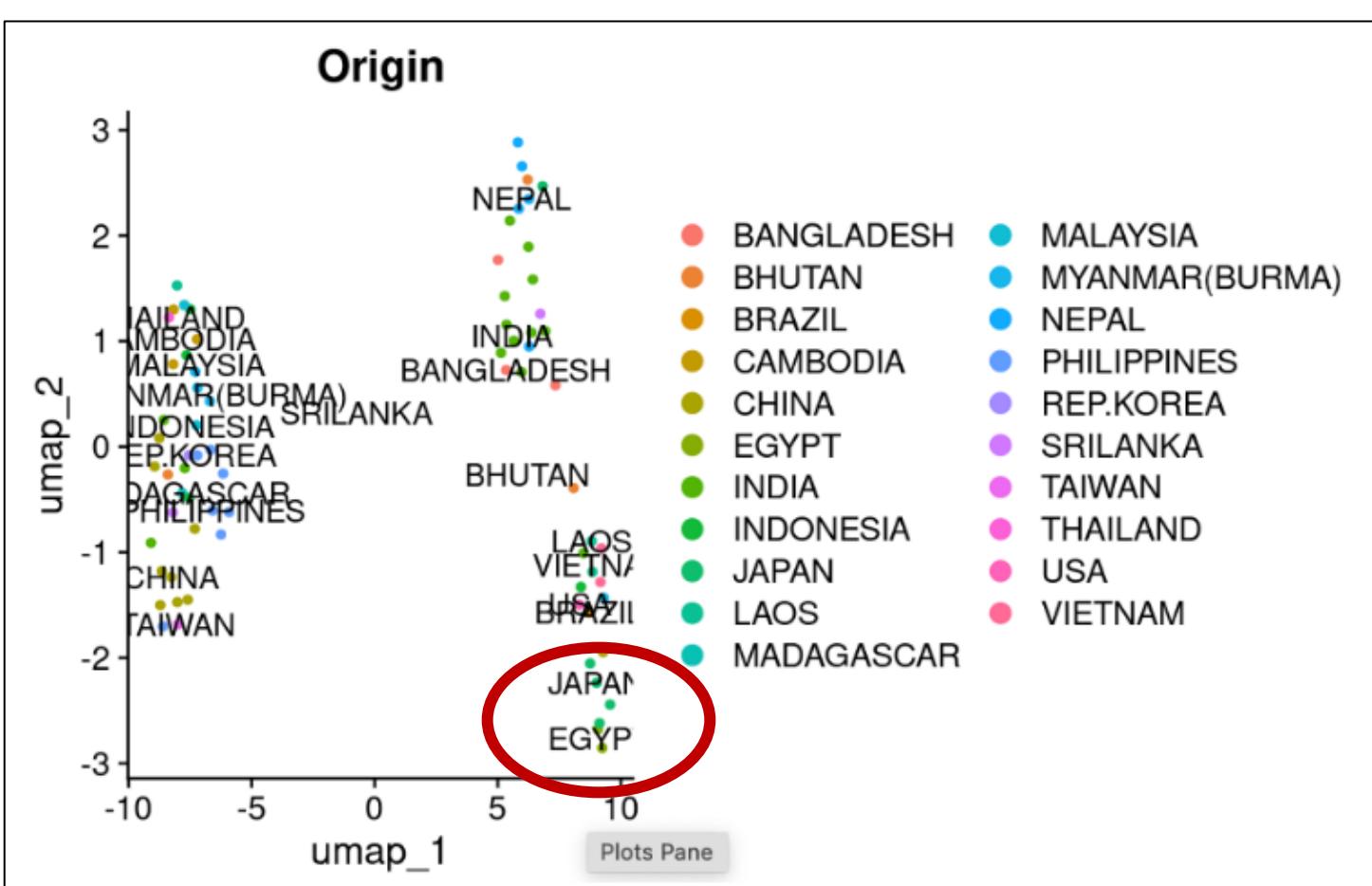


図3. UMAP解析から見た各国イネ品種の遺伝的類似性

- ・エジプトの近くに日本以外の国がない(図3)
→他国品種との混合・交配の可能性は低い
- ・解析品種が少なく、ルーツの特定には至らず

○栽培

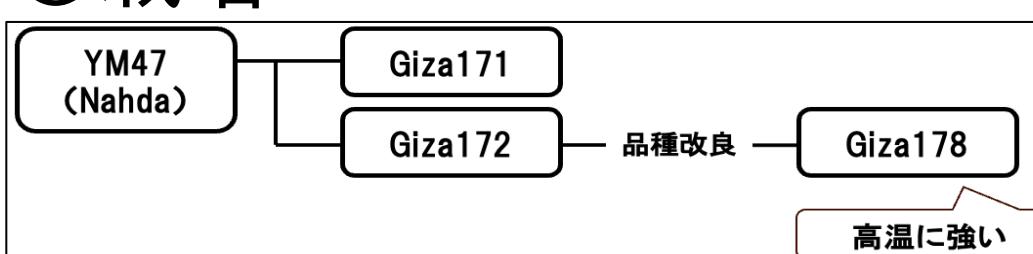


図4. Giza系統



図5. 栽培結果

当たりの収穫量が陸羽20号に比べ多かった。以上からYM5はエジプトに日本米が渡りYabaniとして定着する過程で現地の高温への耐性を獲得した、または高温に適応するために現地で品種改良が行われてきた可能性がある。

○官能評価

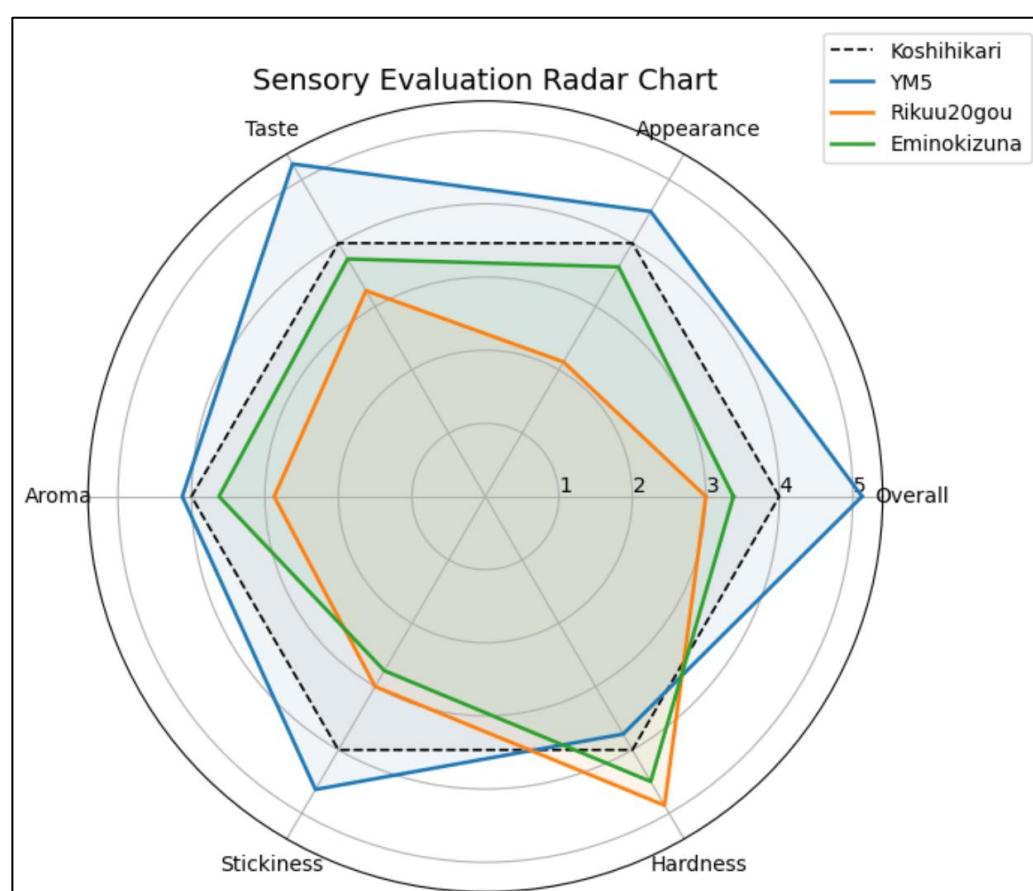


図6. 官能評価結果

左図から分かるようにYM5は多くの観点でコシヒカリを上回るという評価が得られた。しかし、一般的なパネラ数(参考:農林水産省「官能評価による判別方法」)の1/3にあたる8人の教員・生徒で官能評価を行ったため、正確な結果であるとは言い切れないが、Yabaniの日本での将来的な実用に向けての大きな知見を得ることができたと言えるだろう。

考察

DNA解析の結果からYabaniの中でもYM5とYM47、YPとYM7のようなYabaniの遺伝的分化があったと考えられる。これは、現地の選抜や改良の影響と考えられ、それら特徴の解明は高温環境に強い品種改良や、日本の気候変動対策にもつながる可能性がある。また、栽培・官能評価の結果から、Yabaniが現地で辿った改良の足跡を日本米にも応用することで気候変動によるコメ不足に対する手掛けりになると考えられる。

結論

- ・渡った品種として陸羽20号や銀坊主などの愛國系統が有力
- ・Yabaniの中でも独立したグループが存在
- ・エジプト米が日本においても実用化され得る
- ・エジプト米のルーツを探る
→気候変動に強い品種の発見や育種⇒食糧安全保障に貢献の可能性

展望

- ・全ゲノム解析などのより高度なアプローチをする
→さらに深い知見が得られることが期待できる
- ・栽培量を増やし、官能評価のパネラ数を増やす
- ・炊飯条件や嗜好層の違いを考慮することで、エジプト米の実用的価値をより的確に評価する

参考文献

出田収・ほか (2012) 「日本水稻品種のSSRマーカー多型に基づく分類および近縁係数と遺伝的距離との関係」

『育苗学会研究』14: 106-113.

赤木宏宏 (2000) 「DNA多型によるイネの品種識別」『育種学研究』2: 89-96.

鳥山國士 (1975) 「エジプト農業の現状」『農業技術』30 (8) : 353-358.

池橋宏 (1994) 「エジプトおよびイタリアの稻作と米」『農林水産技術研究ジャーナル』17 (9) : 20-24.

公益社団法人 米穀安定供給確保支援機構 情報部 (2019) 『日本の在来稻とその現状—ブランド米の祖先品種と現在の状況—米に関する調査レポート』

Akagi, H. et al. (1997). Highly polymorphic microsatellites of rice consist of AT repeats, and a classification of closely related cultivars with these microsatellite loci. *Theoretical and Applied Genetics*, 94: 61-67.

Changrong Ye et al. (2015). Identifying and confirming quantitative trait loci associated with heat tolerance at flowering stage in different rice populations.

Tahany M. Mazal (2021). Field evaluation and genetic diversity for heat tolerance using stress indices and SSR markers in rice.

M. M. El-Malky (2024). Heat tolerance and genetic diversity analyses of rice accessions using SSR markers.