

令和 6 年 6 月 13 日現在

機関番号：82111

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2021～2023

課題番号：21H02177

研究課題名(和文) サツマイモ直播栽培の実用化を阻む親いも肥大の機構解明

研究課題名(英文) Studies on mother root enlargement that is a major problem for spreading direct planting cultivation in sweetpotato

研究代表者

境垣内 岳雄 (Sakaigaichi, Takeo)

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・九州沖縄農業研究センター・上級研究員

研究者番号：00414847

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 12,700,000円

研究成果の概要(和文)：一般的なカンショは植えた種いも(親いも)が肥大する。親いもは商品価値がないため、親いも低肥大性の品種がカンショ直播栽培の実用化に必要である。そこで、親いも低肥大性系統「九州199号」と肥大性系統「コガネセンガン」のF1系統群を作成し、親いも肥大に関する遺伝領域の解明を行った。GWAS解析の結果、2か年共通してリファレンスゲノム(ltr\_r2.2)のchr11上に親いも重ならびに親いも重率(親いも重/親いも+子いも重)と高い関連を示すピークを検出した。また、直播栽培した「九州199号」と「コガネセンガン」の発現変動遺伝子群を解析して、両系統で発現レベルが異なる遺伝子(DEG)を明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

カンショは苗を育て移植する挿苗栽培が慣行であるが、種いもを直接、圃場に植える直播栽培を行うこともできる。しかしながら、一般的なカンショは植えた種いもが肥大(親いも肥大)して商品価値のある子いもが出来ないため、直播栽培は普及していない。本研究では、直播栽培の実用化を阻んできた親いも肥大に関する遺伝領域を世界で初めて明らかにした。特定した遺伝領域は継続研究でさらなる絞り込みを行うことで、原因遺伝子の特定や高精度選抜マーカーの開発にも繋がる可能性が高い。

研究成果の概要(英文)：In general, most sweetpotato genotypes produce enlarged mother roots (planted seed roots), which have no commercial value in direct planting. To spread direct planting in sweetpotato, improved cultivars in regard to resistance against mother root enlargement under direct planting cultivation is strongly required. Therefore, we prepared F1 lines crossed between "Kyushu No.199" against mother root enlargement and "Koganesengan" with mother root enlargement to identify a QTL region involved in mother root enlargement. As a result of GWAS analysis, a major QTL for mother root enlargement was detected in the region of chr11 of ltr\_r2.2. This QTL was detected in both 2022 and 2023 trials. In addition, we analyzed the expression-variable gene group by comparing "Kyushu No.199" and "Koganesengan" grown under direct planting cultivation, and clarified DEGs in both lines.

研究分野：Crop science

キーワード：Sweetpotato direct planting mother root enlargement

### 1. 研究開始当初の背景

サツマイモ (*Ipomoea batatas*) はアジアを中心として世界 120 以上で栽培される主要な食用作物である。サツマイモの栽培は、種いもから育てた苗を圃場に移植する“挿苗栽培”が慣行であるが、栄養繁殖作物であるサツマイモでは種いもを直接、圃場に植える“直播栽培”を行うこともできる。直播栽培では労働時間の 1/3 以上を占める育苗や移植の作業が省力化できるため、農業生産上の利点は非常に大きい。しかしながら、一般的なサツマイモ品種は植えた種いもが肥大し (図 1 の左)、商品価値のある子いもが安定して出来ないため (これを“親いも肥大”と呼ぶ)、直播栽培は広く普及していない。これまでサツマイモ親いも肥大に関する研究は行われてきたが、関与する遺伝領域など親いも肥大の機構解明は十分でない。一方で研究代表者の所属機関では直播栽培適性の向上を目指した育種を進め、世界でも類を見ない親いも肥大が小さい系統の開発に至っている (図 1 の右)。また、サツマイモは同質 6 倍体で遺伝構造が複雑であるが、近年、一塩基多型 (SNP) マーカーを利用した高密度連鎖地図が報告され、農業形質の量的形質遺伝子座 (QTL) 解析やゲノムワイド関連解析 (GWAS) が進められている。また、遺伝領域の同定と並行して、遺伝子発現や代謝生理の側面から解析することで親いも肥大機構の包括的な考察も可能となる。上記のような最新の育種素材と解析技術を合わせることで、サツマイモの直播栽培の実用化を阻んできた親いも肥大の機構解明を目指す。また、直播栽培では子いもが多く着生するため、子いも 1 個重が小さくなりやすく、挿苗栽培と比較して子いも収量が劣ることが多い。サツマイモは“匍匐型”の草姿が一般的であるが、研究代表者らはサツマイモとしては珍しい“立型”の素材開発を進めてきた。立型草姿では匍匐型より受光態勢が良く、光利用効率が高まる可能性もあるため、立型の草姿が乾物生産性の向上に寄与するのかについても検討する。

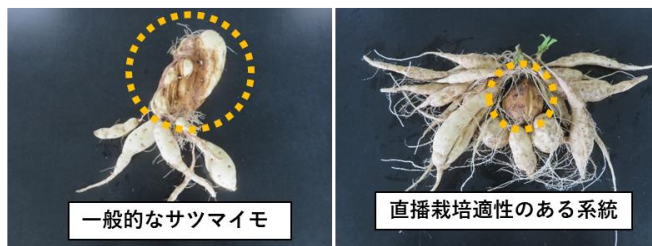


図1. 直播栽培したサツマイモの塊根  
破線内は直播栽培の種いも (親いも)、それ以外は子いもを示す。  
親いもには商品価値がなく、出荷可能となるのは子いものみ。

### 2. 研究の目的

上記のとおり、本研究ではサツマイモ直播栽培の実用化を阻む親いも肥大機構を解明するため、以下を実施する。すなわち、①親いも肥大に関与する QTL 領域の同定、②親いも肥大性の異なる系統間での特異的な発現遺伝子群の解明、③親いも肥大性の異なる系統間における酵素活性ならびに代謝物の比較である。さらに、直播栽培での子いも多収の実現に向けて、④立型系統の直播栽培における乾物生産性についても評価を実施する。

### 3. 研究の方法

#### ①親いも肥大に関与する QTL 領域の同定

研究代表者らが開発した親いも低肥大系統「九州 199 号」と親いも肥大系統「コガネセンガン」を交配した F<sub>1</sub> 集団 (200 系統) を得る。2021 年に F<sub>1</sub> 系統の種いもを増殖した後、2022 年、2023 年の 2 年間にわたり、圃場条件下で直播栽培を行い F<sub>1</sub> 系統の親いも重、子いも重、親いも重率 (親いも重/全いも重 (親いも重+子いも重) の割合) から親いも肥大性を評価する。F<sub>1</sub> 系統のジェノタイピングには GRAS-Di 解析を用い、ゲノムワイドな SNP を取得する。さらに、高次倍数体の遺伝解析に適した ngsAssocPoly 法を用いて GWAS を行い、親いも肥大性に影響が大きい QTL を特定する。親いも肥大性の評価を 2 年間実施することで、親いも肥大性に関与する QTL の確からしさを検証する。

#### ②親いも肥大性の異なる系統間での特異的な発現遺伝子群の解明

親いも低肥大性の「九州 199 号」と親いも肥大性の「コガネセンガン」を材料とし、系統間で親いも肥大に違いが現れる時期を明らかにし、その時期とその前後に親いものサンプリングを行う。具体的には、両系統の親いもから RNA を抽出し、次世代シーケンサーを用いて RNA-seq 解析を実施する。各時期の遺伝子発現量を比較し、発現変動遺伝子群を明らかにする。RNA-seq の結果から、親いも肥大の候補遺伝子が絞られた場合は、直播栽培した両系統の親いもから時期別に RNA を抽出し、候補遺伝子の発現量を qPCR 法により測定する。

#### ③親いも肥大性の異なる系統間における酵素活性ならびに代謝物の比較

生理代謝の側面から親いも肥大の要因を解析するため、親いも低肥大性の「九州 199 号」、親いも肥大性「コガネセンガン」等を圃場条件で直播栽培し、生育初期から子いも肥大期にかけて 3~4 回、親いもをサンプリングする。親いもサンプルは糖代謝関連酵素 (スクロースシンターゼ (SUS)、ADP グルコースピロホスホリラーゼ (AGP)、インベルターゼなど) の活性を測定するとともに、イオンクロマトグラフィーを用いて関連代謝物 (ショ糖、ブドウ糖、果糖、ADP グ

ルコースなど)を解析する。

#### ④立型系統の直播栽培における乾物生産性

「九州 199 号」はサツマイモとしては珍しい立型草姿の特性も有する。このため、2023 年に立型の「九州 199 号」と一般的な草姿(匍匐型)の「コガネセンガン」ならびに F<sub>1</sub> 系統(9 系統)を圃場試験に供試して、直播栽培した個体群での日射遮蔽量、日射利用効率、乾物生産量を評価する。個葉の光合成能力に関する形質として、光合成速度や SPAD を経時的に測定する。

### 4. 研究成果

#### ①親いも肥大に関する QTL 領域の同定

2021 年に「九州 199 号」と「コガネセンガン」に由来する F<sub>1</sub> 集団(200 系統)を作出し、直播栽培のための種いもを確保した。2022 年、2023 年の 2 ヶ年にわたり、F<sub>1</sub> 系統を圃場に展開して、親いも重、親いも重率などの親いも肥大に関する形質を測定した。親いも重、親いも重率は年次間で有意な相関関係にあり、直播栽培適性に関わる形質は年次間で安定していることが示された。F<sub>1</sub> 系統 186 個体から DNA を抽出し、GRAS-Di を用いてジェノタイプングを行った。得られた 25,358 の多型を用いて、polyploid GWAS を実施したところ、親いも重、親いも重率に共通したピークが ITR\_r2.2 の chr11 に認められた。さらに、2 ヶ年とも同じ QTL 領域に親いも肥大に関わる遺伝子座を検出することができた(図 2)。GWAS 解析と並行して、親いも重率が低い直播栽培適性を有する系統を選抜する DNA マーカー作成も試みた。具体的には QTL 領域のピークに関わる SNP を検出する優性マーカーを作成した。この DNA マーカーの有無と親いも重率の関係を調査したところ、遺伝子型と形質(親いも重率が低い)が一致した割合は約 80%であった。親いも肥大に関する QTL 領域の同定については特許出願を行った(末松ら特願 2024-002896)。また、遺伝解析に先立ち直播栽培したサツマイモ遺伝資源の評価など基礎的な研究も実施した(Sakaigaichi et al. 2022, Sakaigaichi et al. 2023)。

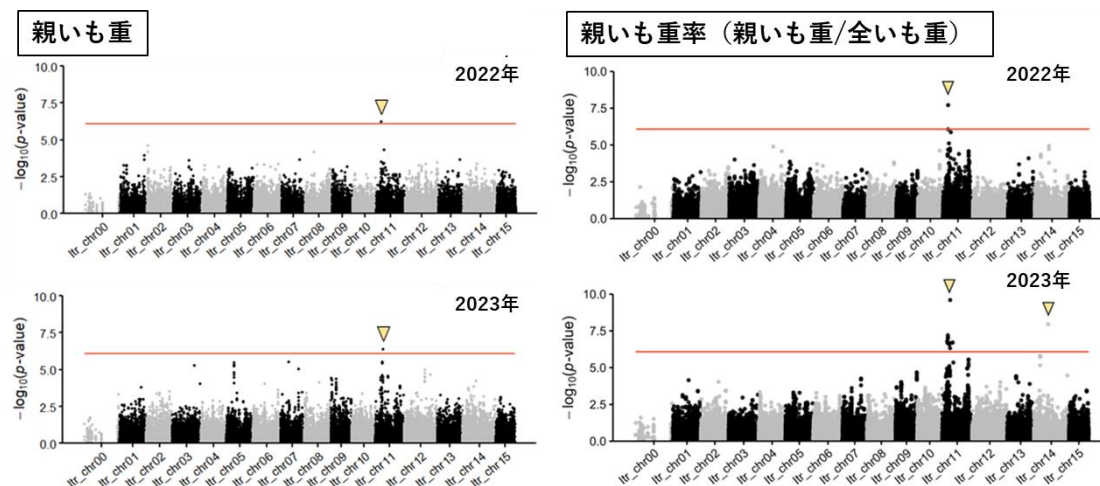


図2. 親いも肥大に関する形質のGWAS解析

矢印はGWAS解析で関連の高いピークが示された遺伝領域を示す。

#### ②親いも肥大性の異なる系統間での特異的な発現遺伝子群の解明

2022 年に低肥大性の「九州 199 号」、親いも肥大性の「コガネセンガン」を直播栽培して、親いもから経時的に RNA をサンプリングした。2023 年に両系統の遺伝子発現パターンを RNA シーケンシングにより比較した。この結果、両系統で発現レベルが異なる遺伝子(DEG)のリストを得ることができた(図 3)。現在、DEG リストの中から数個の遺伝子を選定して、q-PCR 法により両系統間の発現レベルの違いを検証している。

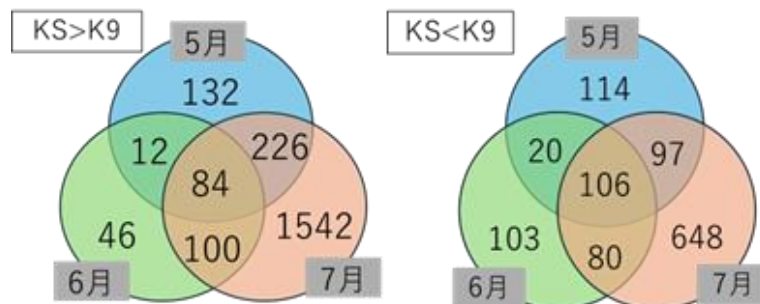


図3. 親いも肥大性が異なる2系統間で発現レベルが異なる遺伝子(DEG)の数  
コガネセンガンをKS、九州199号をK9と略記して示す。



### ③ 親いも肥大性の異なる系統間における酵素活性ならびに代謝物の比較

2021年度は、親いも肥大性の異なる6系統を生育時期別（3月植付後、5月、6月、7月、8月の4回）にサンプリングし、親いもの酵素活性や代謝物を解析した。この結果、親いも肥大が顕著な系統（「コガネセンガン」など）では、6月以降にデンプン合成に関わるAGP活性や転流糖の分解に関わるSUS活性が高く推移し、デンプン含量が増加したことから、親いもがシンク器官として活発に機能していることが明らかになった。反対に、親いも肥大が小さい系統（「九州199号」など）では、6月以降に親いものAGPやSUSの活性が低いまま維持され、デンプン含量が低下した（図4）。2022年、2023年は親いも肥大性の異なる2系統（「コガネセンガン」、「九州199号」）について、生育時期別（3月植付後、5月、6月、7月の3回）に親いもの酵素活性や代謝物の解析を行った。この結果、AGPやSUSの活性は「コガネセンガン」では高く、反対に「九州199号」では低い傾向が認められたものの、2021年と比較して酵素活性や代謝産物の推移に異なる傾向も見られ、栽培条件（環境）による影響も小さくないことが示唆された。

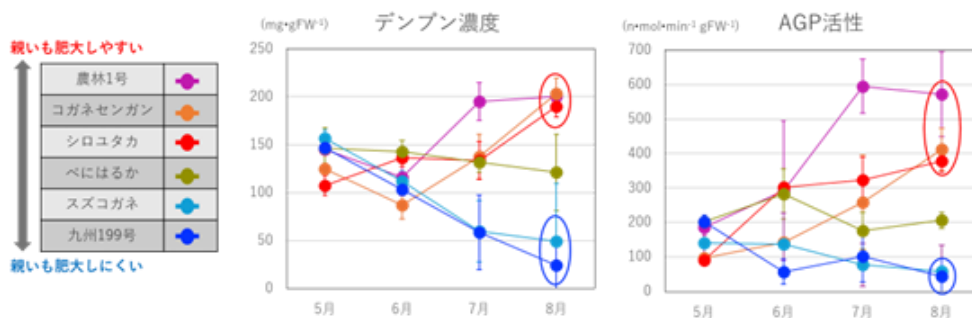


図4. 親いも肥大性の異なる6系統における直播後のデンプン濃度およびAGP活性の推移

### ④ 立型系統の直播栽培における乾物生産性

供試材料を草型指数（茎長/草丈の比率）で評価したところ、「九州199号」は最も立型、「コガネセンガン」は最も匍匐型の草姿であり、F<sub>1</sub>系統はその中間に位置していた。直播栽培により個体群での日射遮蔽量、日射利用効率、乾物生産量を評価したところ、乾物生産量と相関が高い形質は積算日射遮蔽量であった。植被率の飽和が早く、積算日射遮蔽量が多い立型草姿のF<sub>1</sub>系統では、親系統（「九州199号」、「コガネセンガン」）と比較して直播栽培での塊根乾物重が同等または高いことを示唆する結果を得た。個葉の特性について、SPADが高く推移する系統は認められたが、光合成速度については親系統ならびにF<sub>1</sub>系統について明瞭な差は認められなかった。直播栽培の研究と並行して挿苗栽培したサツマイモ遺伝資源の地上部形質の評価を行った。この結果、本研究で素材とした「九州199号」は遺伝資源の中でも際立った立型であり、さらに、塊根乾物重、地上部乾物重ともに大きい特性を有することを明らかにした (Sakaigaichi et al. 2024)。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計4件（うち査読付論文 4件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 2件）

1. 著者名 Sakaigaichi Takeo, Suematsu Keisuke, Terajima Yoshifumi, Kobayashi Akira, Kawata Yukari, Kai Yumi	4. 巻 25
2. 論文標題 Evaluation of mother and daughter root traits in sweet potato germplasm cultivated by direct planting	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Plant Production Science	6. 最初と最後の頁 407 ~ 412
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1080/1343943X.2022.2090393	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Sakaigaichi Takeo, Suematsu Keisuke, Kawata Yukari, Kobayashi Akira, Kamada Erika, Kai Yumi	4. 巻 26
2. 論文標題 Comparison of root dry matter content and root dry matter weight in sweet potato genotypes cultivated by transplanting and direct planting	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Plant Production Science	6. 最初と最後の頁 440 ~ 447
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1080/1343943X.2023.2284977	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Sakaigaichi Takeo, Terajima Yoshifumi, Suematsu Keisuke, Kamada Erika, Kobayashi Akira, Kawata Yukari	4. 巻 71
2. 論文標題 Analysis of sweetpotato shoot traits diversity and its relationship with storage root yield under short-period cultivation	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Genetic Resources and Crop Evolution	6. 最初と最後の頁 397 ~ 411
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s10722-023-01633-5	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 SAKAIGAICHI Takeo, MARUYAMA Atsushi, KAMADA Erika, SUEMATSU Keisuke, KAWATA Yukari, KOBAYASHI Akira, KAI Yumi	4. 巻 93
2. 論文標題 直播栽培したカンショの地温に基づく出芽日数の予測	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Japanese Journal of Crop Science	6. 最初と最後の頁 24 ~ 30
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1626/jcs.93.24	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計2件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 末松恵祐・境垣内岳雄・鎌田えりか・青木直大
2. 発表標題 サツマイモの直播栽培適性に関わる親いも非肥大性遺伝子座の同定とDNA選抜マーカーの開発
3. 学会等名 日本作物学会 第257回講演会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 鈴木陸太・大塚眞二郎・森田隆太郎・末松恵祐・鎌田えりか・境垣内岳雄・青木直大
2. 発表標題 サツマイモの直播栽培における ' 親いも肥大 ' に関する研究：親いも肥大性の異なる品種間での糖代謝の比較解析
3. 学会等名 日本作物学会 第256回講演
4. 発表年 2023年

〔図書〕 計0件

〔出願〕 計1件

産業財産権の名称 種イモ低肥大性を示すサツマイモ植物の識別方法	発明者 末松恵祐、境垣内岳雄、鎌田えりか、倉田理恵	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、特願2024-002896	出願年 2024年	国内・外国の別 国内

〔取得〕 計0件

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	末松 恵祐 (Suematsu Keisuke) (30807996)	国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・九州沖縄農業研究センター・研究員 (82111)	
研究分担者	鎌田 えりか (Kamada Erika) (40738118)	国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・九州沖縄農業研究センター・研究員 (82111)	

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分 担 者	青木 直大  (Aoki Naohiro)  (70466811)	東京大学・大学院農学生命科学研究科（農学部）・教授     (12601)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関