

## 遺伝的多様性を維持する力は植物の収量も増やす

～農業への貢献に期待～

### ポイント

- ・植物の遺伝的多様性を維持する進化的要因を解明。
- ・混ぜて植えると収量が増える遺伝子座を特定することに成功。
- ・作物の競争緩和と収量増加に期待。

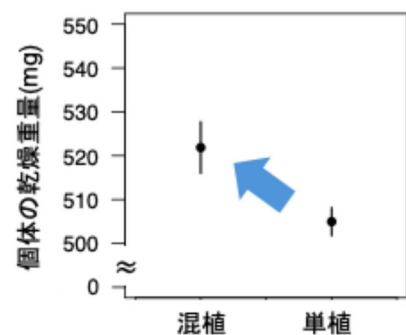
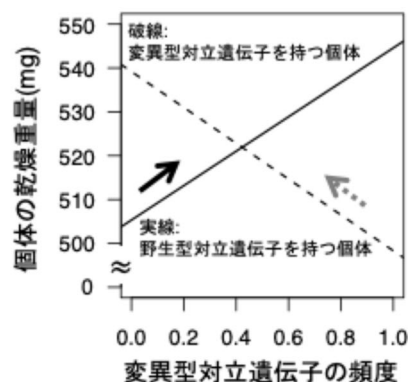
### 概要

北海道大学大学院地球環境科学研究院の佐藤安弘助教は、モデル植物シロイヌナズナの野生系統において、遺伝的多様性を維持する進化的要因と収量を増加させる遺伝子座を明らかにしました。

自然界の生物集団には遺伝的に異なる個体が混在していますが、遺伝的多様性が何世代も維持されるためには少数派の遺伝子型が有利になるような特殊な自然選択が必要とされています。本研究では、遺伝病の解析に使われる統計手法を個体間の関係に広げて、シロイヌナズナの競争関係を解析しました。その結果、少数派有利な選択圧をもたらす遺伝子座を五番染色体上に発見しました。この遺伝子座一つだけでも、異なる対立遺伝子をもつ個体を混植させると、同じ対立遺伝子の単植に比べて収量が3%増加していました。さらに、周辺のDNA配列パターンを解析したところ、五番染色体上の遺伝子座の近くには多様性が長期間にわたって維持されてきた形跡が残っており、そこには根の伸長に関わるとされる遺伝子が見つかりました。これらの結果は、根の競争緩和によって少数派の遺伝子型が有利になる自然選択が生じ、その結果として収量が上がったことを示唆しています。

少数派が有利となる選択圧が集団の生産性を向上させることは理論的に知られていましたが、このことを示した遺伝解析は本研究が初めてです。特定の遺伝子座を狙った混植は、異なる種や品種を混植するよりも、栽培の手間の観点から実用的とされています。したがって、本研究で確立した方法は、作物の競争緩和に応用できる可能性があります。

なお、本研究成果は、日本時間2026年6月11日（木）公開のPhilosophical Transactions of the Royal Society B誌にオンライン掲載されました。



隣り合って生育するシロイヌナズナの個体（左：札幌市内の屋外にて佐藤安弘撮影）。五番染色体上の遺伝子座における少数派有利な選択圧（中央）と異なる対立遺伝子の混植による収量増加（右：平均±標準誤差）。右側の二つの図は論文のデータを元に平均値の変動に着目して再作図。

## 【背景】

自然界の生物集団は遺伝的に多様な個体から成り立っています。そのような遺伝的多様性が長期にわたって維持されるには、少数派の個体が有利となるような自然選択が必要と理論的に言われています。少数派が有利となるような自然選択は「負の頻度依存選択」と呼ばれ、動物の行動や植物の花の色など、様々な例で実証されてきました。実は負の頻度依存選択には集団の生産性を上げる性質があることも理論的に知られてきましたが、これを裏付ける証拠はごく僅かしかありませんでした。本研究では、シロイヌナズナとその遺伝情報を利用して負の頻度依存選択と集団の生産性に関わる遺伝子座を網羅的に解析しました。実験植物としても知られるシロイヌナズナでは、たくさんの野生系統について遺伝的多様性のデータが蓄積されており、ペアでポットに植えて競争させたデータも得られているため、これらを用いて個体間の関係を解析しました（図1）。

## 【研究手法】

本研究では、ヒトや作物の遺伝解析でも使われているゲノムワイド関連解析\*<sup>1</sup>を応用しました。通常のゲノムワイド関連解析では個体の特徴を解析しますが、本研究ではこれを個体間の関係に拡張しました。これにより、集団中で稀な遺伝子型を持っていると個体の成長が良くなる遺伝子座を網羅的に探索することを可能にしました。さらに、効果の大きい遺伝子座の探索と合わせて、効果の正負を推定することで、ポット単位での総収量の推定も可能になりました。

## 【研究成果】

個体関係に拡張したゲノムワイド関連解析を実行したところ、乾燥重量に対して負の頻度依存選択を示す量的遺伝子座\*<sup>2</sup>を五番染色体上の100キロ塩基対の領域まで絞り込むことに成功しました（図2：上記「概要」の図中央も参照）。この量的遺伝子座では、異なる対立遺伝子をもつ個体を混植させると、同じ対立遺伝子の単植に比べて単位面積あたりの成長量が3%増加しました（上記「概要」の図右側）。さらに、周辺領域のハプロタイプ\*<sup>3</sup>を解析したところ、五番染色体上の量的遺伝子座内には遺伝的多様性が長期間維持されてきた痕跡が残っており、そこには *SIRTUIN2* という遺伝子が座乗していました。この遺伝子は、主要な植物ホルモンであるエチレンに対する応答を制御して根の伸長に関わることが知られています。興味深いことに、同じデータセットを解析した先行研究からも根の伸長に関わる別の遺伝子が同定されています。本研究の結果と既存の情報を整理すると、地下部の競争緩和が異なる遺伝子型の維持・共存を可能にし、その結果として収量が増加した可能性が考えられます。

## 【今後への期待】

種内の遺伝的多様性は生物多様性の必須要素でありながら、種の多様性に比べて認知が遅れています。本成果は、遺伝的多様性を維持することが集団の生産性の向上につながることを明らかにした点で、遺伝的多様性を保全することの意義を改めて浮き彫りにしたものとと言えます。農業の観点からも、特定の遺伝子座を狙った混植は、異なる種や品種を混植するよりも栽培の手間の面で実用的と言われています。したがって、本研究で確立した遺伝解析法は作物の密植栽培に応用できる可能性があります。候補として挙げられた遺伝子の機能を実験的に分析することで、競争緩和をもたらす遺伝子が同定されることが望まれます。

## 【謝辞】

本研究は JST 創発的研究支援事業 JPMJFR233L、JSPS 科研費 JP23K14270、スイス科学財団の支援を受けたものです。

## 論文情報

論文名 Negative frequency-dependent selection underlies overyielding through neighbour genotypic effects in *Arabidopsis thaliana* (負の頻度依存選択は隣の遺伝子型の影響を介してシロイヌナズナの収量を増加させる)  
著者名 佐藤安弘 (北海道大学大学院地球環境科学研究院)  
雑誌名 Philosophical Transactions of the Royal Society B (生命科学分野の専門学術誌)  
DOI 10.1098/rstb. 2025.0179  
公表日 日本時間 2026 年 6 月 11 日 (木) 午後 5 時 (英国夏時間 2026 年 6 月 11 日 (木) 午前 9 時)  
(オンライン公開)

## お問い合わせ先

北海道大学大学院地球環境科学研究院 助教 佐藤安弘 (さとうやすひろ)

T E L 011-706-4860 メール yassato@ees.hokudai.ac.jp

U R L <https://noah.ees.hokudai.ac.jp/bio/?staff=佐藤安弘>

## 配信元

北海道大学社会共創部広報課 (〒060-0808 札幌市北区北 8 条西 5 丁目)

T E L 011-706-2610 F A X 011-706-2092 メール jp-press@general.hokudai.ac.jp

## 【参考図】

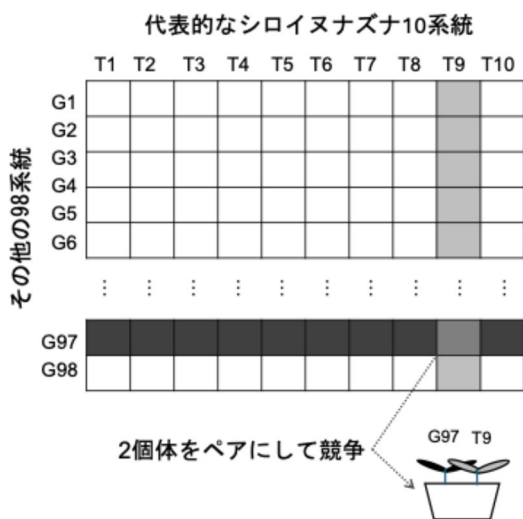


図 1. 本研究の解析に用いた実験データの概略。代表的な 10 系統 (T1-10) に対して多様な 98 系統 (G1-98) を競争させて成長を記録。

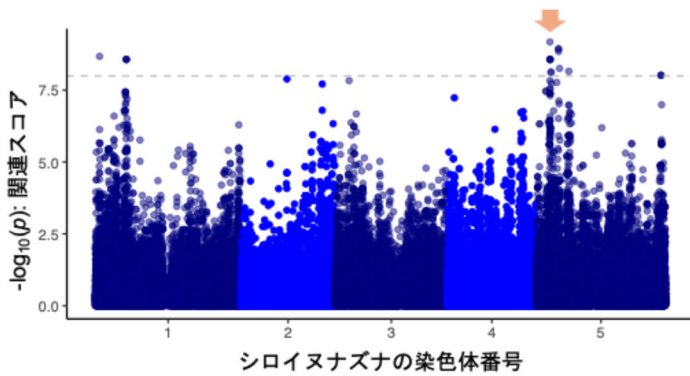


図 2. 乾燥重量に対して個体関係のゲノムワイド関連解析を行った結果。赤い矢印で示した箇所が「概要」の図で示した遺伝子座に対応する。

### 【用語解説】

- \*1 ゲノムワイド関連解析 … 原因遺伝子が座乗する染色体領域を絞り込むための統計手法のこと。具体的には、ゲノム上にある多数の遺伝的な変異を各個体の特徴（病気の程度等）と関連づけることで、量的遺伝子座を絞り込む。
- \*2 量的遺伝子座 … ある標的形質と関連を示す染色体領域のこと。必ずしも一つの遺伝子に対応する領域とは限らず、複数の遺伝子を含んだ広い染色体領域にわたることもある。
- \*3 ハプロタイプ … ある親から受け継いだ一組の染色体上に座乗する、複数の遺伝子の並びのこと。