

茶の新品種をDNA情報からデザインする

【はじめに】

チャは木本植物であるため、品種改良に数十年の時間と多くの労力を要する。また、日本では、茶栽培面積の70%以上が「やぶきた」一品种が占めており、茶品質の画一化、作期の集中による過剰労働や気象災害のリスク拡大といった諸問題が以前から指摘されている。そのため、生産者・消費者の多様なニーズに対応するためにも、効率的なチャの品種改良技術を求めている。

近年の技術発展により、生物のDNA情報の取得が容易になった。また、家畜育種や一部の主要作物では、品種改良の過程における新たな個体選抜技術として「ゲノミックプレディクション（以下GP）」という手法が注目を集めている。GPとは、多数の品種・系統個体における任意の形質値と大量のDNA情報から予測モデルを作成し、新たな選抜個体の形質値をDNA情報により予測する手法である。これまでのチャの品種改良では、木本植物であることがネックとなり、作物形質を評価するために長年の生育期間を要すことや、膨大な栽培面積の確保が足枷となっていた。つまり、GPを活用することで、将来有望な個体のみを発芽直後に選抜することができるため、個体管理の省力化ひいては品種改良に要する期間を大幅に短縮できることが期待できる。またこれまでに、チャの育種では一部のDNA情報を用いた選抜技術（DNAマーカー選抜）も利用されてきたが、適用できる形質（少数の遺伝子が関与する形質のみ）が限定されることなどが課題であった。そこで本研究では、静岡県農林技術研究所茶業研究センター内で保存されている多数のチャ遺伝資源個体から、機能性成分含量とDNA情報を取得し、GPを用いた個体選抜技術の有効性を検証した。

研究の結果、GPにより茶葉中の主要な機能性成分含量を数十ミリグラムの植物組織由来のDNA情報から予測できることを明らかにした。つまり、発芽直後の植物体からその茶樹の機能性成分含量を予測することが可能となった。チャは木本植物という特性に加え、かまぼこ型の仕立てやせん枝による更新作業など、安定的な栽培管理が難しく、形質評価が非常に困難である。そのため、GPという手法は、今後の効率的な品種改良技術として特に有効であると考えられる。

将来、本研究成果を応用することで、機能性成分以外のチャの重要な農業形質（収量性、病虫害抵抗性、香気性など）の予測もDNA情報のみで可能になることが期待される。また、解析対象の遺伝資源個体の数を更に増加させ、DNA情報と形質情報を蓄積していくことで、GPの予測精度向上が見込まれる。本研究で得られた研究成果は、今後のチャの品種改良に要する時間の短縮と省力化、ならびに多様なニーズに即応できる新品種育成技術としての活用が期待できる。国際的に注目を集める「日本茶」に新たな付加価値を与え、消費・輸出の拡大など茶業界への多大な貢献が期待できるだろう。