

サツマイモ等高次倍数体作物の DNA マーカー迅速作成法 ーゲノム解析で野菜や果物の品種開発を効率化ー

SATテクノロジー・ショーケース2023

■ はじめに

品種開発を効率化する技術としてDNAマーカー育種があります。例えば、病気に強く、美味しい品種をつくりたい場合は、美味しい品種と病気に強い品種を交配して、両者の良いところ取りをした個体を選びます。ところが、病原菌を接種して病気に強いのか調べる調査も、試食して美味しいかどうか調べる調査も、とても手間がかかります。そこで、“病気に強い”や、“美味しい”という性質を決めている遺伝子を解明し、目的遺伝子を受け継ぐ個体をPCRで選ぶことで、煩雑な調査を省けて、大幅な省力化が可能となります。

近年、野菜や果物でもゲノムDNA配列の解読が急速に進み、DNAマーカーを使った品種開発の取り組みが始まっています。例えば、サツマイモではいもの色や食感(従来からあるホクホクとしたものからネっとり濃厚な甘さのものまで)が多様な品種の開発が求められています。ところが、野菜や果物の中には複雑な遺伝をするものが多くあります。イネはヒトと同様に、遺伝子セットを両親から1セットずつ受け継いで2セット持っています。一方で、近年国内外で人気があるサツマイモ、イチゴ、大粒ブドウなどは、遺伝子セット数が多く、4～8セットも持っています。いずれの作物も数万の遺伝子を持っていますが、1つの遺伝子だけを考えてもその両親からの受け継がれる組み合わせは、イネだとわずかに数通りに対して、遺伝子セットが4組の大粒ブドウ、6組のサツマイモ、8組のイチゴでは、その組み合わせ数が膨大になります。数万ある遺伝子ごとに膨大な組み合わせがあるので、交配で得られる子孫から最も良い組み合わせで遺伝子をあわせ持つ個体を選ぶ作業は途方もなく、DNAマーカーによる選抜の効率化が喫緊の課題です。

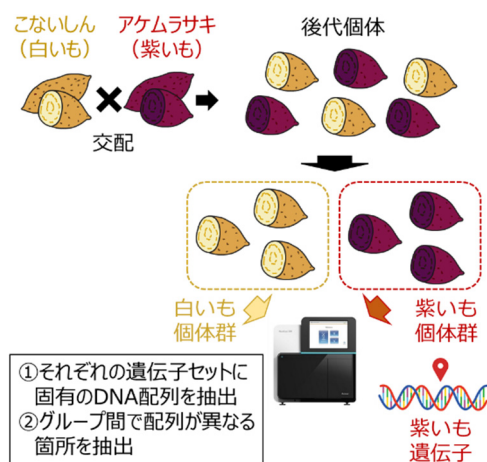
■ 活動内容

近年、DNA配列を解読する装置の高性能化と解析技術の進歩によって、それぞれの遺伝子セットの受け継がれ方を正確に調べられるようになりつつあります。私たちはこれらの最新技術を用いて、遺伝子セットの多い作物でもDNAマーカーをつくる方法(polyloid QTL-seq法)を開発しました。交配で得た多様な個体を目的とする性質の有無でグループ分けしてグループ間のDNA配列を比較することで、短期間でDNAマーカーが作成できます。

これにより、苗の段階でサツマイモのいもの色を見分けることができるDNAマーカーなどを作成できました。現在、病気に強い、美味しいを判別するDNAマーカーを開発し、国産野菜や果物の価値を高める研究を進めております。

	2組 イネ	4組 パレイショ	6組 サツマイモ	8組 イチゴ
				
		ブドウ(大粒種)	カキ	
				
遺伝子 セット数	2組	4組	6組	8組
遺伝子 組み合わせ数	少	多	非常に多	非常に多
目的遺伝子 の検出	易	難	非常に難	非常に難
DNA マーカー作製	易	難	非常に難	非常に難

遺伝子セットが多く、複雑な遺伝をする野菜や果物



高次倍数体作物のDNAマーカー迅速作成法

■ 関連情報等(特許関係、施設)

(発表論文) Yamakawaら (2021) *Plant Biotechnol J*
19: 2040-2051.

※ゲノム育種支援室では、作物のDNAマーカー育種に関する依頼分析を受け付けております。詳しくは下記までご相談ください。

代表発表者 山川 博幹(やまかわ ひろもと)
所 属 農研機構 作物研究部門
ゲノム育種支援室
問合せ先 〒305-8518 茨城県つくば市観音台 2-1-2
TEL: 029-838-6792 FAX: 029-838-7408
E-mail: hy741220@affrc.go.jp

■キーワード: (1) DNA マーカー
(2) 高次倍数体
(3) QTL-seq