

スーパー作物キヌアの研究展開 ～ウイルスベクターを使った遺伝子機能解析～

SATテクノロジー・ショーケース2023

■ はじめに

南米アンデス原産のキヌアは、栄養バランスに優れ、また、干ばつなどの過酷環境下でも栽培できることから、世界の食料・栄養問題の解決の切り札になり得る作物として期待されている(図1)。近年、キヌアの全遺伝子を構成するゲノム配列情報の解読が進められているが、一方、キヌア植物体における個々の遺伝子機能や役割を調べる方法がなかった。そこで本研究では、ウイルスベクターを用いた方法によりキヌア植物体の中で遺伝子の発現を制御し、遺伝子の機能を解析する技術の開発に取り組んだ。

■ 活動内容

1. ウイルスベクター法による遺伝子機能解析方法

日本のリンゴの木から単離された植物ウイルスの一種であるリンゴ小球形潜ウイルス(ALS)を、キヌア植物体に遺伝子を運ぶベクターとして用いた(図2)。キヌアのカロテノイド生合成遺伝子 *CqPDS1* の遺伝子配列を組み込んだウイルスベクターをキヌアに接種すると、キヌアの中で本来発現している *CqPDS1* 遺伝子の発現が抑制された(図3左)。この結果、カロテノイドの蓄積量が減少したことにより、葉で白化症状が誘導された(図3右)。

2. キヌアの遺伝子機能解析の例

- 本手法はキヌアの遺伝的分類群(北部高地型、南部高地型、低地型)を問わず、多くの系統で利用が可能で、系統間で遺伝子の機能を比較することができる。
- 本手法を用いて、ナデシコ目植物に特有のベタレイン色素の生合成に関与するキヌア遺伝子(*CqDODA1*および*CqCYP76AD1*)の機能を明らかにした(図4)。
- 本手法を用いて、キヌアの草丈や花序の形態を制御する遺伝子 *CqRht1* の機能を明らかにした(図5)。

3. キヌアの分子育種研究の展望

国際農研などの共同研究グループは、世界に先駆けてキヌアのゲノム配列情報を解読し、キヌア系統の多様性を解明してきた[1,2]。本研究成果を活用することで、ゲノム配列より予測された遺伝子がキヌア植物体の中で実際にどのような機能を持っているのかを調べることができるようになった[3]。今後、キヌアの優れた形質を生み出す新規有用遺伝子を同定し、南米などで利用できる新たな分子育種素材の開発に貢献することが期待される[4]。

■ 関連情報等(特許関係、施設)

- [1] Yasui et al. (2016) DNA Res. 23: 535-546.
- [2] Mizuno et al. (2020) DNA Res. 27: 1-12.
- [3] Ogata et al. (2021) Front. Plant Sci. 12: 643499.
- [4] <https://www.jircas.go.jp/ja/satreps-bolivia>



図1 ボリビアのウユニ塩湖畔のキヌア圃場の様子。

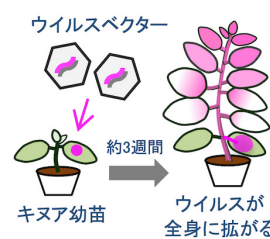


図2 実験イメージ。ウイルスの拡がった部位で遺伝子発現が制御される。

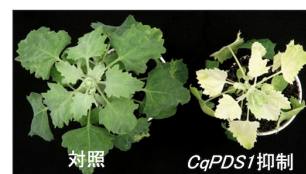
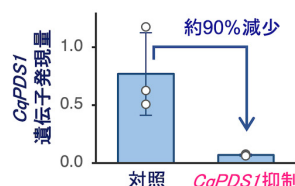


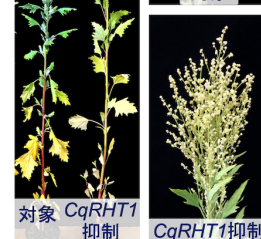
図3 ウイルスベクター法によるキヌア遺伝子の機能解析。
(左) *CqPDS1*抑制用の配列を持つウイルスを接種したキヌアでは *CqPDS1* の遺伝子発現が抑制された。(右) *CqPDS1* 遺伝子の発現抑制によりカロテノイド量が減少し、葉の白化症状を生じた(ウイルス接種後14日目に撮影)。



図4 (1) ウイルスベクター法によるキヌアのベタレイン色素生合成遺伝子の機能解析(ウイルス接種後21日目に撮影)。



図5 (→) ウイルスベクター法によるキヌアの草型を制御する遺伝子 *CqRht1* の機能解析(ウイルス接種後37日目に撮影)。



代表発表者 小賀田 拓也(おがた たくや)
所 属 (国研)国際農林水産業研究センター
生物資源・利用領域
問合せ先 〒305-8686 茨城県つくば市おおわし 1-1
TEL:029-838-6642
ogatat@affrc.go.jp

■キーワード: (1)キヌア
(2)ウイルスベクター
(3)遺伝子機能解析

■共同研究者:
藤田 泰成(国際農林水産業研究センター)