

コムギおよびオオムギのスマート育種を支える DNA 多型解析技術

SATテクノロジー・ショーケース2024

■ はじめに

世界的な異常気象、紛争による農産物流通の停滞など、農業を取り巻く環境が急激に変化しています。そのようななか、食料の安定供給の観点から、国産農産物への期待は高まっており、社会情勢の変化に対応した品種の迅速な開発(育種)が求められています。

現在、様々なデータを活用することで、効率的に品種開発を行う「スマート育種」の構築が進められています。これらデータのうち、品種間のDNA配列の違い(DNA多型)は選抜の指標となる重要な情報です。DNA配列の解読技術の向上により、ゲノム全体のDNA多型の調査は比較的容易になりました。しかし、ゲノムサイズの大きなコムギやオオムギでは(図1)、大量なデータの取り扱いが難しいこと、コストが掛かることが問題となっています。

本研究では、ゲノム全体から目的の領域のみを選んでDNA配列を解読することによって、ゲノムサイズが大きなムギ類でも効率的にDNA多型を調査できる技術を開発しました。また、この技術を全国のムギ類の育種材料に適用して、その利用可能性を明らかにしました。

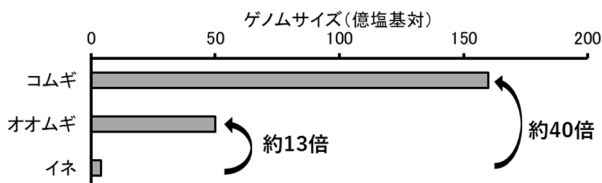


図1. コムギ、オオムギ、イネのゲノムサイズの比較

■ 活動内容

1. ムギ類のDNA多型を効率的に調査できる技術を開発

本技術は、ゲノム全体から目的の領域のみをPCR^(注)で増幅し、それら増幅産物を次世代シーケンサーと呼ばれる機器でDNA配列を解読するものです。多数のサンプルを同時に解読できるため、効率的にDNA多型情報を得ることができます。

目的領域の選定には、既知の国内品種間のDNA多型情報を利用しています。DNA多型が出現しやすい部分だけを濃縮して解読することで解析コストを大幅に抑えられます。

(注) Polymerase Chain Reaction の略。プライマーと呼ばれる短いDNA断片を用いて、DNA上の一部を増幅する技術。

2. 実際の育種材料に適用して有用性を確認

全国各地のコムギおよびオオムギ育成地の材料に本技術を適用し、得られたDNA多型情報で主成分分析を行いました。その結果、育成地ごとの遺伝的な違いを確認することができました(図2)。

近年の研究で、これらDNA多型情報から、収量や品質などの重要な形質の数値を予測できる可能性が示されています。現在、本技術を育種現場に導入し、優れた形質を持つ個体をDNA情報のみから選べる育種法の開発を目指しています。

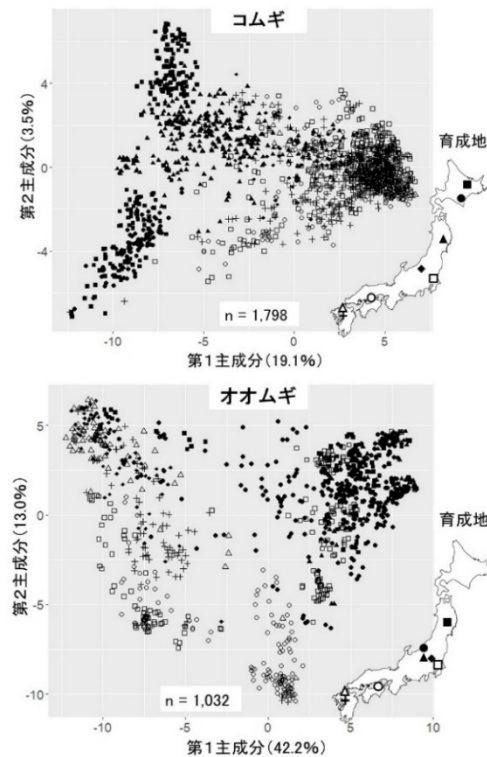


図2. 主成分分析によるムギ類育種材料の遺伝的多様性
主成分分析では多くの説明変数がより少ない合成変数に要約される。それぞれのプロットは対応する記号の育成地の材料を示す。軸ラベルのカッコ内は寄与率を示す。

■ 関連情報等(特許関係、施設)

(発表論文) Ishikawaら(2022) *Breeding Science* 72: 257-266. DOI: 10.1270/jsbbs.22004

■ キーワード: (1)ムギ類(コムギ、オオムギ)
(2)次世代シーケンサー
(3)DNA多型解析

■ 共同研究者:

坂井 寛章(農研機構 基盤技術研究本部)
水野 信之(農研機構 本部企画戦略本部)
田中 剛(農研機構 基盤技術研究本部)
松原 一樹(農研機構 作物研究部門)

代表発表者 石川 吾郎(いしかわ ごろう)
所属 農業・食品産業技術総合研究機構(農研機構)
作物研究部門 スマート育種基盤研究領域
問合せ先 〒305-8666 茨城県つくば市観音台 2-1-2
TEL:029-838-7404(代表) FAX:029-838-7408
E-mail: www@naro.affrc.go.jp
URL: https://www.naro.affrc.go.jp/inquiry/index.html