

[研究区分： 学際的・先端的研究 (A)]

研究テーマ： 新規にゲノムシーケンスが解読された作物における、次世代シーケンサーを用いた遺伝子同定技術による形質関連遺伝子の単離と遺伝子機能の解析	
研究代表者： 生命環境学部 生命科学科 教授・福永健二	連絡先： fukunaga@pu-hiroshima.ac.jp
共同研究者：	
【研究概要】 近年、ゲノムシーケンスが決定された作物の中のひとつであるアワについて、次世代シーケンサーを用いた新技術 (QTL-seq) により 2 つの穂に関する形質のマッピングを行った。これらの候補遺伝子を絞り込むとともに、方法の有効性を実証することができた。また、副次的な成果として、次世代シーケンサーを用いて得られた結果により Genome-wide indel marker を作出することができた。	

【研究内容・成果】

近年、ゲノムシーケンスが決定された作物の中のひとつであるアワについて次世代シーケンサーを用いた新技術 (QTL-seq) により 2 つの穂に関する形質のマッピングを行った。ひとつは刺毛が穎果に復帰変異をした *spikelet-tipped bristle 1(stb1)* 遺伝子であり、もうひとつは穂の先が枝分かれするネコデである (第 1 図)。前者は劣性形質であり、従来のマーカーを用いたマッピングで染色体上の位置が決められており (Sato et al. 2013)、当研究室でこれまで研究を進めていたものである。後者は一遺伝子の優性形質でこれまでまったく解析がなされていないものである。前者については、日本と台湾品種の交雑に由来する F6 世代のバルクから DNA 抽出し、第 2 染色体末端にマップされ (第 2 図)、これまでの結果 (Sato et al. 2013) と一致した。後者については、台湾品種どうしの近縁な品種間の交雑に由来する F2 世代のバルクを用いて解析を行い、目的遺伝子は、第 9 染色体にマップされた。前者については詳細なマッピングをあわせて候補遺伝子を絞り込むことができ、現在、アグロバクテリウム法で遺伝子導入を行おうとしている。また、後者は SSR マーカーを用いてマッピングされた位置が正しいことを確認した。これについては、候補遺伝子を絞り込んでいるところである。

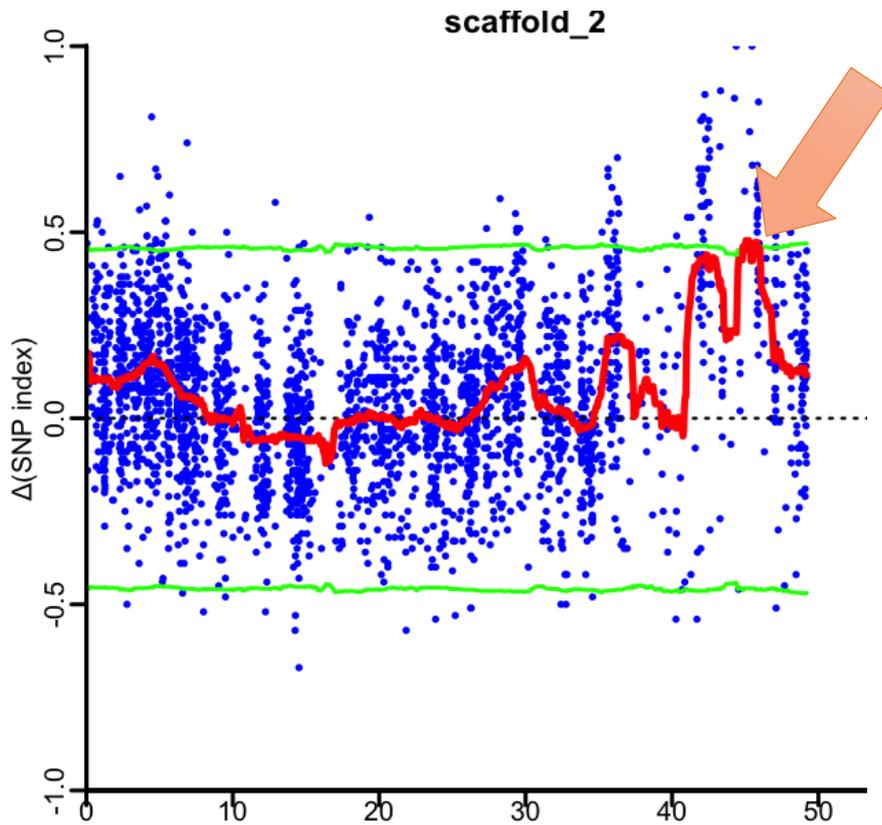
また、次世代シーケンサーを用いた解析によりゲノムワイドな indel が非常に多く存在することが明らかとなり、ゲノムワイドなマーカーを得ることができた。アガロースゲル上で検出可能なマーカーを作出することにより簡便に連鎖地図の作成が可能になるであろう。副次的な成果ではあるが特筆に値する。

近年、ゲノムシーケンスが決定された作物は多くあるが、ゲノムシーケンスが決定されたアワについても、次世代シーケンサーを用いた解析方法が有効であることが明らかとなった。本研究室では、アワ以外にもアズキなどで突然変異原処理個体を展開しているが、アズキについても近年、高精度のゲノムシーケンスが発表されようとしており、次世代シーケンサーを用いた方法により有用遺伝子の単離も可能になるであろうと考えられる。

本研究の成果は部分的に学会で発表を行い、いくつかは発表準備中である。また、今年度内に論文のひとつは投稿される予定となっている。



第1図. 実験に用いたアワ品種の穂. (左) 猫手・台湾在来品種 (中央) 普通型・日本在来品種 (右) *stb1* 変異・台湾在来品種



第2図 *stb* についての QTL-seq の結果.

第2染色体にピークが検出され、連鎖地図に基づく結果とほぼ同じ位置 (矢印で示す) にマッピングされた。