

[成果情報名] イネとコムギとの同祖遺伝子の染色体上の位置関係がわかる標識マーカーセット
[要約] 531 個の PLUG (PCR-based Landmark Unique Gene) マーカーセットはイネとコムギとの同祖遺伝子の染色体上の位置関係が分かるため、イネゲノム情報を利用したコムギ目的領域へのマーカー開発において有効な標識となる。

[キーワード] コムギ、イネ、同祖遺伝子、シンテニー、目的領域、マーカー開発、PLUG

[担当] 東北農研・めん用小麦研究東北サブチーム

[代表連絡先] 電話 019-643-3514

[区分] 東北農業・作物(冬作物)、作物

[分類] 研究・普及

[背景・ねらい]

農研機構のコムギ育種事業では、DNA マーカー選抜が普及している。しかし、選抜に利用できる DNA マーカーはまだ少ないことから、重要形質に関連する遺伝子の同定やマーカー化を進める必要がある。この過程では、形質との関連が示唆される染色体領域に重点的にマーカーを開発して、関与遺伝子を絞り込んでいく作業が不可欠である。しかし、異質 6 倍体であるコムギはゲノム構造が複雑であるため、狙った染色体領域に多数のマーカーを開発することは容易ではない。PLUG (PCR-based Landmark Unique Gene) マーカーは、イネとコムギとの遺伝子配列・構造の類似性を利用するマーカーであり、基準とするイネの遺伝子と祖先を同じくするコムギの遺伝子 (同祖遺伝子) の位置情報が得られるという特徴がある。イネとコムギの共通の祖先に由来する染色体では、同祖遺伝子同士の位置関係に保存性 (シンテニー) がみられる。そこで、PLUG マーカーをコムギ染色体全体に開発してこれらを標識とすることで、コムギの目的領域にマーカーを開発する際に、イネゲノム情報が利用しやすくなると期待される。

[成果の内容・特徴]

1. 本マーカーセットは、イネの単一コピー遺伝子 531 個に対応するコムギ同祖遺伝子を検出し、それらはコムギの染色体当り 32 ~ 73 座で全 21 本の染色体に分布する (表 1)。
2. 本マーカーセットのうち 154 個のマーカーでは、イネ遺伝子とコムギの A、B および D ゲノムに由来する 3 つの同祖遺伝子の染色体内での位置関係が分かる (コムギ 1 群染色体について図 1 に例示する)。
3. コムギの BAC クローンの DNA をテンプレートにした場合にも本マーカーにより明瞭な産物が増幅される。また、多くの場合 1 つのマーカーで A、B および D ゲノム由来の同祖領域を含むクローンを得ることができるため効率的である (図 2)。

[成果の活用面・留意点]

1. 本マーカーを標識としてイネとコムギのシンテニーを利用すれば、コムギの目的領域に効率的にマーカーを開発することができる。ただし、シンテニーが局所的に崩れている場合には、標識マーカーを追加して崩壊の内容を調査しながら進める必要がある。
2. 本マーカーの基準にしたイネ遺伝子には全て注釈が付けられており、これらからコムギの同祖遺伝子の機能を予測することが可能である。
3. 本マーカーは、基準にしたイネ遺伝子に対応するコムギ同祖遺伝子を含む BAC クローンのスクリーニングに利用できる。

[具体的データ]

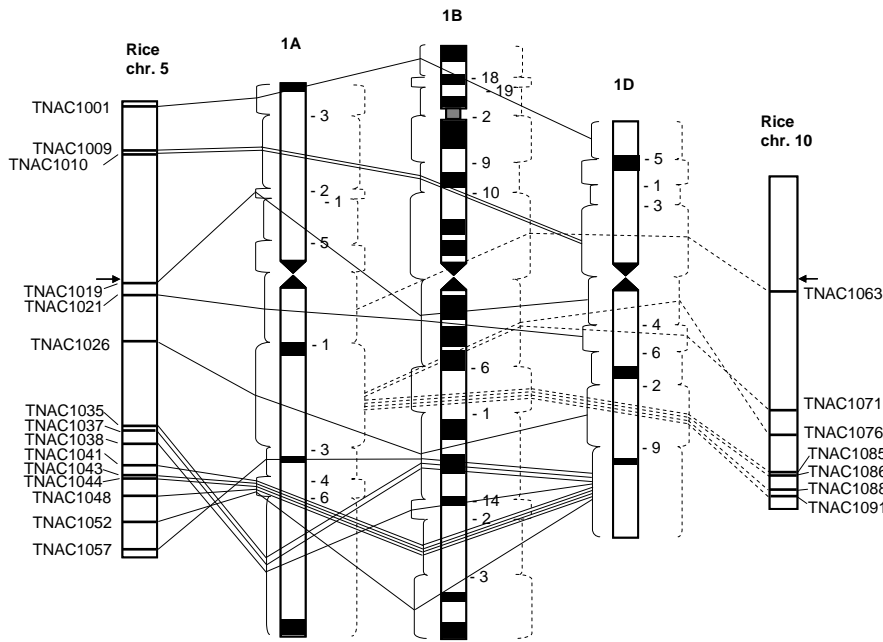


図1 コムギグループ 1染色体とイネ第5および第 10 染色体の比較地図

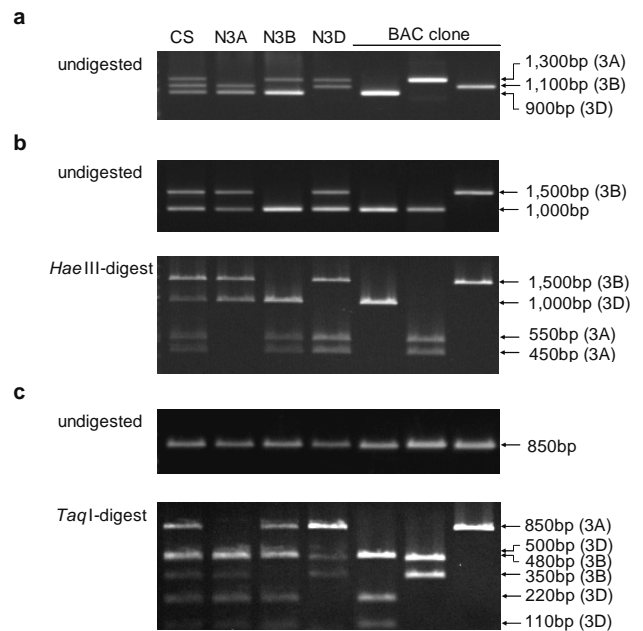
同祖遺伝子同士を線で結んでいる. イネ染色体中の矢印は動原体の位置を示す. 実験品種 Chinese Spring (CS) のCバンドパターンおよび欠失点は Endo and Gill (1996)を引用. コムギ染色体横の括弧は CS の染色体欠失系統で識別できる領域を示す.

表1 イネ単一コピー遺伝子 531 個に対応した標識となるコムギ同祖遺伝子の各染色体における座数

Genome	Group							Total
	1	2	3	4	5	6	7	
A	38	43	56	50	51	32	71	341
B	41	42	66	41	59	36	65	350
D	42	42	45	36	47	39	73	324
Total	121	127	167	127	157	107	209	1,015

図2 PLUG マーカーTNAC1248 (a), TNAC1252 (b)および TNAC1263 (c)を用いた Chinese Spring の BAC ライブラリーのスクリーニング例

CS は Chinese Spring を示す. N3A、N3B および N3D はそれぞれ 3A、3B および 3D 染色体を欠く系統を示す. BAC clone は 384 ウェルプレートの BAC クローンの DNA を混合抽出したプールを示す.



[その他]

研究課題名：めん用小麦品種の育成と品質安定化技術の開発

課題 ID：311-b

予算区分：委託プロ (DNA マーカー)、基盤

研究期間：2005～2008 年度

研究担当者：石川吾郎、中村俊樹、齊藤美香 (日本製粉)

発表論文等：1) Ishikawa G. et al. (2009) Theor Appl Genet 118:499-514

2) データ公開サイト：<http://plug.dna.affrc.go.jp/>