

ダイコン遺伝資源における重要遺伝子が持つ遺伝子型の効率的分析ワーク フローの確立

1 代表機関・研究統括者

国立大学法人 東北大学大学院農学研究科 北柴大泰

2 研究期間：令和3年度（1年間）

3 研究目的

ダイコン栽培の諸問題を解決する品種の育成には、遺伝資源の有効な活用が重要である。農業形質に関連する重要遺伝子の遺伝子型情報を効率的に整備するための分析法及びワークフローの基盤を確立する。

4 研究内容及び実施体制

① DNA 変異の効率的分析法の確立

農業形質に重要な多くの遺伝子の遺伝子型（DNA 変異）を多検体に対して効率的に分析するために、遺伝子増幅等の最適な条件を確立する。

（東北大学大学院農学研究科）

② 遺伝資源における重要遺伝子の DNA 変異の分析

DNA 変異の効率的分析法を遺伝資源に対して実装を開始し、遺伝子型情報を整備（カタログ化）するまでのワークフローの基盤を確立する。

（東北大学大学院農学研究科）

5 最終目標

農業形質に重要な遺伝子に対して、ダイコン遺伝資源や突然変異集団が持つ大量な遺伝子型を、系統別に、迅速に、効率よく分析するワークフローの基盤（パイロット版）を完成させる。

6 期待される効果・貢献

アブラナ科野菜全般で遺伝子型情報のカタログ化を展開して遺伝資源の活用頻度を高めることで、品種開発過程における省スペース、省力、低コスト、対応能力高いスピード育種の実現に貢献する。

<研究の目的・背景>

ダイコン栽培における諸問題を解決する品種の育成には、遺伝資源の有効活用が重要である。農業形質に関連する重要遺伝子の遺伝子型（DNA変異）情報を整備しその活用を促進することを目的に、効率的遺伝子型分析法および整備ワークフローの基盤を確立する。

<研究内容（実施体制）>

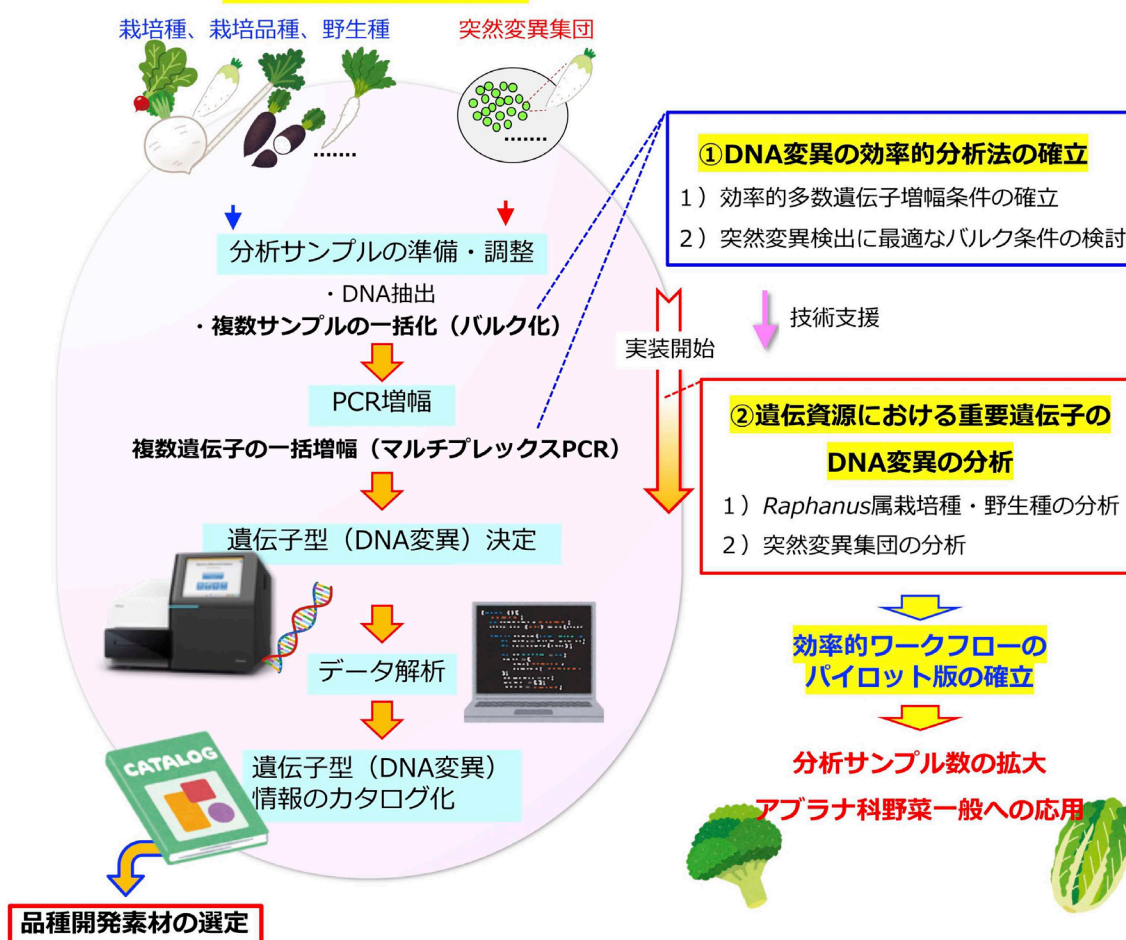
① DNA変異の効率的分析法の確立（東北大学大学院農学研究科）

農業形質に重要な多くの遺伝子の遺伝子型（DNA変異）を多検体に対して効率的に分析するために、遺伝子増幅等の最適な条件を確立する。

② 遺伝資源における重要遺伝子のDNA変異の分析（東北大学大学院農学研究科）

DNA変異の効率的分析法を遺伝資源に対して実装を開始し、遺伝子型情報を整備（カタログ化）するまでのワークフローの基盤を確立する。

想定分析ワークフロー



<最終目標>

農業形質に重要な遺伝子に対して、栽培種・野生種等や突然変異集団が持つ大量な遺伝子型を、迅速に、効率よく分析するワークフローの基盤（パイロット版）を完成させる。

<期待される効果・貢献>

アブラナ科野菜全般で遺伝子型情報のカタログ化を展開して遺伝資源の活用頻度を高めることで、品種開発過程における省スペース、省力、低コスト、対応能力の高いスピード育種の実現に貢献する。