

小麦のDNAマーカーを 稲との共通祖先を使って開発

《2種類のDNAマーカー》

農研機構における小麦の品種改良では、DNAマーカーによる選抜が行われています。東北農研では、うどんの粘弾性やパンの膨らみに関わるDNAマーカーを開発し、それらの全国的な普及に先導的な役割をしてきました。DNAマーカーの開発には、通常、①染色体の様々な位置にマーカーを作る、②その中から目的とする形質と関連のあるマーカーを探す、という2つのステップが必要です。これらのマーカーを区別するため、①を「標識マーカー」、②を「選抜マーカー」と呼んでいます。選抜マーカーは、その形質を決めている遺伝子そのものが良いのですが、小麦ではまだそのような例は多くはありません。そのような場合でも、形質を決めている遺伝子の近くに標識マーカーがあれば、それを選抜マーカーとして使うことができます。そのため、選抜マーカーを見つけるには、どれだけたくさんの標識マーカーを小麦に作ることができるかがカギとなります。

《小麦と稲の共通点》

標識マーカーを効率よく作るために私たちが注目したのはすべてのDNA配列が解明されているイネゲノムです。生物はそれが持つゲノム情報をもとに形作られます。小麦と稲が違うのはこのゲノム情報が異なっているからですが、両者にはたくさんの共通点があります。今は絶滅してしまった小麦と稲の共通祖先が持っていた遺伝子や染色体の構造は、それらが分化した今でもよく保存されていることが分かってきました。そこで、稲の遺伝子情報を使えば、それと祖先を同じくする小麦の遺伝子の構造、さらには小麦での染色体上の位置までを推定できるのではないかと考えました（図1）。

《小麦はなんでも3倍》

稲は2倍体と呼ばれる植物ですが、うどんやパンに利用されている小麦（普通系小麦）は、3つの異なる野生種がかけ合わされて生まれた6倍体と呼ばれる植物です。このことは、イネゲノム情報を利用する場合の大きな障害になりました。というのも、稲と1個しかない遺伝子でも、それと祖先を同じくする遺伝子は小麦では3個あることになります（図1）。

めん用小麦研究東北サブチーム

石川吾郎

ISHIKAWA, Goro



稲で2個なら小麦で6個、稲で3個なら小麦で9個、こうなるともう手に負えません。そこで、稲で1個しかない遺伝子を選び、さらに、それと祖先を同じくする小麦の3個の遺伝子をうまく分ける方法を確認してPLUG（PCR-based Landmark Unique Genes）システムと名付けました。

《たくさんの標識マーカー》

PLUGシステムを使うことで、小麦の21本の染色体全体に約1,000個の標識マーカーを作ることができました。これらの標識マーカーによって、小麦と稲で祖先を同じくする遺伝子の位置関係がこれまで以上にはっきりと見えるようになりました（図2）。同じ方法を使うことで、少なくともこの3倍は標識マーカーを増やせます。また、今回明らかになった小麦と稲の遺伝子の位置関係を利用して、小麦の目的の場所に標識マーカーを追加することもできるようになりました。次は、これらの標識マーカーから「選抜マーカー」を見つけ出すステップです。今後の東北農研の小麦マーカー研究に是非注目して下さい。

