

# 氏名 林田信明・田口悟朗

目的別テーマ：バイオテクノロジーを活用した新規繊維生物の作出

## 15年度研究テーマ

15-2-11：野菜の食物繊維に影響を与える遺伝子の探索

### ABSTRACT

*Chinese cabbage, cabbage, radish and lettuce are major agricultural products of Nagano, and are main resource of dietary fiber. Although many breeding are progressing on these vegetables, less effort dealt dietary fiber as index. Because long and tedious work is needed to determine the content of dietary fiber, and every F2 progeny should be measured it for breeding, it has not been realistic to breed vegetables rich in dietary fiber. In this work, DNA technology and mapping will enable this effort offering molecular markers closely linked to the genes responsible to the content of dietary fiber.*

### 研究目的

量的形質遺伝子座(QTL)地図の作成の準備を行う。  
食物繊維定量法の簡便化を試みる。

### 一年間の研究内容と成果

量的形質遺伝子座(QTL)地図の作成のために、ハクサイゲノムのDNAマーカーを整備した。制限酵素切断片長多型(RFLP)に加え、ランダム増幅多型DNA(RAPD)の技法を用いて、60系統のF2を用いて、150マーカー規模の地図を作製した。総延長は、ほぼ1000cMで、約2000Mbと予測されるハクサイゲノム上に平均13Mb(6.7cM)ごとに標識を置いたことになる。言い換えると、ハクサイのどの様な遺伝子に対しても、平均して33世代の間は挙動を共にするマーカーが一つは見つかるということの意味する。遺伝子のクローニングを行うには全く足りないマーカー数であるが、マーカー利用の育種を行う上では、まずまずの数字である。さらに精度を上げるために、F2系統の数が倍の120となるようにDNAを調製した。

また、従来の食物繊維定量法は、異なる物理化学的性質の材料から、定量に影響を与える様々な要因を排除して食物繊維を取り出す作業が繁雑であった。しかし、育種目的に用いるには、ほぼ同様の性状の材料の測定結果を比較することに意味があるため、測定は絶対量ではなく相対量で事足りる。本年度は、そのような簡便化を行うための条件検討に着手した。

### 展望

来年度は、120のF2系統について、150のマーカーの相対位置を決める事が出来るので、連鎖地図の精度の向上が見込まれる。これらのF2系統に対して、食物繊維量の測定を行うことにより、食物繊維の合成と蓄積に影響を持つ遺伝子もまた、理論的にマーカーと同様に連鎖地図上に位置を特定することが出来る。その結果、実際の食物繊維の合成酵素の遺伝子が全く不明でも、その遺伝子に常に寄り添って子孫に伝わっていくマーカーを特定することが出来る。従って、以降はそのマーカーを受け継いだ子孫を選択すれば、相対的に食物繊維含量の多い系統を選択出来ると予測される。