

<タイトル>

新たな育種技術

ウンシュウミカンのゲノム解読－品種改良の加速化に期待！－

<当該研究成果のポイント>

これまでカンキツにおいては、外国において解析のしやすいブタンやスイートオレンジ等で全ゲノム配列が解読されてきたが、我が国のカンキツの基幹品種であり様々なカンキツ品種の親となっているウンシュウミカンについては全ゲノム配列が解読されていなかった。このため、カンキツにおいてDNA情報を駆使した高精度な育種選抜を行うことは困難であった。

そこで、新たなデータ解析手法を活用することで、ウンシュウミカンの9本の染色体に対応する全塩基配列を解読することに成功した。ゲノムの大きさは3億5,965万塩基対であり、その中には約2万9千個の遺伝子が存在することが推定され、その中から着色や結実性などに関わる農業上重要な遺伝子91個を特定した。

ウンシュウミカンの両親であるキシウミカンとクネンボの塩基配列もあわせて解析した結果、クネンボもキシウミカンの子であることを確認し、キシウミカンが2世代にわたって交配された結果ウンシュウミカンが生まれたことをゲノムレベルで明らかにした。

<期待される効果・今後の展開など>

本成果で得られた全ゲノム配列を利用することで、ウンシュウミカンの果実形質や栽培性に関わる重要遺伝子を効率的に見出すことが可能であり、それらの情報をもとに高精度なDNAマーカーを開発することでカンキツの品種育成の加速化が期待できる。

ウンシュウミカンは健康機能性成分を高含有し、果実が種なしとなる優れた特性を有する一方で、年により収穫量が大きく変動する隔年結果性が高く、安定生産が難しいことが課題である。全ゲノム解読により着色や着果性、結実性に関わる遺伝子が多数見つかったことから、これらを手がかりとして、着果安定化や種なし果実生産のための技術開発につながることを期待できる。

<研究機関名>

農研機構 果樹茶業研究部門、情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所

<担当者>

農研機構 果樹茶業研究部門

カンキツ研究領域 上級研究員 清水 徳朗

情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 生命情報研究センター

大量遺伝情報研究室 助教 神沼 英里

<連絡先>

農研機構 果樹茶業研究部門

果樹連携調整役 和田 雅人

TEL : 029-838-6451

ウンシュウミカンのゲノム解読—品種改良の加速化に期待！—

- ・早生カンキツの基幹品種であるウンシュウミカンの全ゲノム配列を解読し、カンキツの9本の染色体に対応する配列を取得(図1)。
- ・約2万9千個の遺伝子が存在すると推定し、その中からカンキツの着色や結実性などに関わる遺伝子91個を特定。
- ・クネンボもキシウミカンの子であることを確認し、キシウミカンが2世代にわたって交配された結果ウンシュウミカンが生まれたことを解明(図2)。

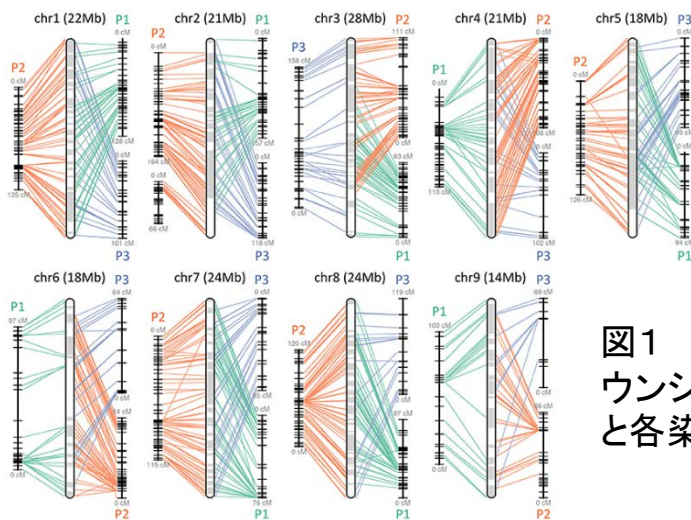


図1
ウンシュウミカンの全塩基配列と各染色体との対応状況

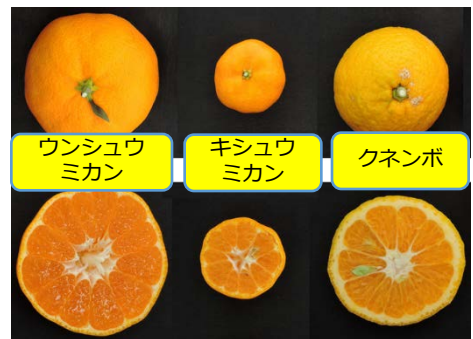
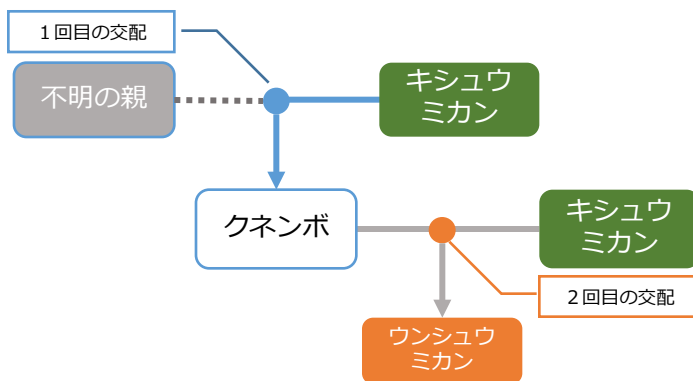


図2 ゲノムレベルで解明されたウンシュウミカンの成立経過

【導入により期待される効果】

全ゲノム配列の情報を利用して、果実品質等の様々な重要形質についての高精度なDNAマーカーが開発され、カンキツの品種育成の加速化が期待できる。