

【成果情報名】ヤム遺伝資源多様性解析のための SSR マーカーの開発

【要約】ヤマノイモ (*Dioscorea*) 属作物の一種である *D. cayenensis* のゲノム DNA より探索した単純反復配列 (SSR) 領域を増幅する 90 個のマーカーを作成した。これらのマーカーはアフリカで栽培されている 6 種のヤム遺伝資源において高い汎用性を示し、ヤムの主要な種の系統関係や多様性の評価に適したマーカーである。

【キーワード】ヤム、遺伝資源、SSR マーカー、系統関係、多様性

【所属】国際農林水産業研究センター 熱帯・島嶼研究拠点

【分類】研究 B

【背景・ねらい】

ヤム (Yam) は、ヤマノイモ (*Dioscorea*) 属の食用として栽培されている複数の種の総称で、アフリカ、アジア、オセアニア、南アメリカと世界中に広く分布している。とくに、西アフリカでは重要な主食作物として年間 5,000 万トンが生産されているが (図 1)、品種改良や育種に関する技術開発は遅れている。JIRCAS はヤムの生産性向上に向けた育種の基盤となる科学的情報の整備や研究技術の開発を目的に国際共同プロジェクトを実施している。本研究ではヤム遺伝資源の系統関係や多様性評価のための DNA マーカーを開発する。これらのマーカーは、ヤムの遺伝資源の管理や評価、さらには育種工程への利用が期待できる。

【成果の内容・特徴】

1. *D. cayenensis* のゲノム DNA より探索した SSR (Simple Sequence Repeat、単純反復配列：2~4塩基の繰り返しからなる配列) 領域を増幅する 90 マーカーを新規に開発した。マーカー数は既報の SSR マーカーの合計数 (7 報で計 67 個) を大きく上回る。作成した 90 マーカーは、全世界での生産量の多い主要な 2 種 *D. rotundata* 及び *D. alata* において、それぞれ 85 マーカー (94.4%) 及び 51 マーカー (56.7%) の増幅が確認され、複数種間における汎用性を示す。
2. アフリカで主要なヤム 6 種 (*D. alata*, *D. bulbifera*, *D. cayenensis*, *D. dumetorum*, *D. esculenta*, *D. rotundata*) における 90 マーカーの増幅および多型を調査し、種を横断的に調査するために有効な 30 マーカーをさらに選定した (表 1)。とくに、*印を付した 6 マーカーは、6 種中 5 種以上での増幅が確認され、種間の系統関係を効率的に評価できるマーカーセットであると考えられる。
3. 選定した 6 マーカーを用い 5 種 131 系統のヤム遺伝資源 (サンプル数の少ない *D. esculenta* を除く) の系統解析の結果、1) *D. alata* および *D. bulbifera* についてはそれぞれの種ごとに明瞭にグループを形成する、2) *D. rotundata* と *D. cayenensis* が遺伝的に近縁なグループに属するなど既報の種の分類と矛盾することなく位置づけられ、選定したマーカーの有効性が実証された (図 2)。

【成果の活用面・留意点】

1. 選定したマーカーは種間の関係の解析のみでなく、ヤム各種内の遺伝的多様性の評価にも有効である。
2. SSR マーカーは育種の現場においても利用しやすいことから、適切なマーカーを選ぶことによって交雑の成否確認や品種同定への利用が期待できる。

【具体的データ】



図 1 ヤム遺伝資源圃場におけるヤムの植物体 (左)、およびヤム市場に並ぶイモ (右)

表 1 種間の系統関係の調査に有効なマーカー

マーカー	<i>D. cayenensis</i>	<i>D. rotundata</i>	<i>D. alata</i>	<i>D. dumetorum</i>	<i>D. esculenta</i>	<i>D. bulbifera</i>
YM002	++	++	++	-	-	+
YM003	++	++	++	-	-	-
YM005	++	++	++	-	-	-
YM006	++	++	-	-	-	-
YM009	++	++	++	-	-	-
YM010	++	++	++	-	-	-
YM011	++	++	-	-	+	-
YM012	++	++	++	-	-	-
YM013*	++	++	++	++	+	++
YM021	++	++	++	-	-	+
YM023	++	++	++	-	-	-
YM024	++	++	++	++	-	-
YM032	++	++	++	-	-	+
YM033	++	++	++	-	-	-
YM036	++	++	++	-	-	-
YM037	++	++	++	-	-	-
YM044	++	++	++	-	-	-
YM045	++	++	++	-	+	-
YM053*	++	++	++	+	+	+
YM055*	++	++	++	+	+	-
YM065	++	++	++	+	-	-
YM066*	++	++	++	++	-	+
YM071	++	++	++	++	-	-
YM074*	++	++	++	+	+	+
YM075	++	++	++	-	-	-
YM078	++	++	++	-	+	-
YM080*	++	++	++	++	-	++
YM084	++	++	-	-	-	-
YM087	++	++	++	-	-	-
YM089	++	++	++	-	-	-

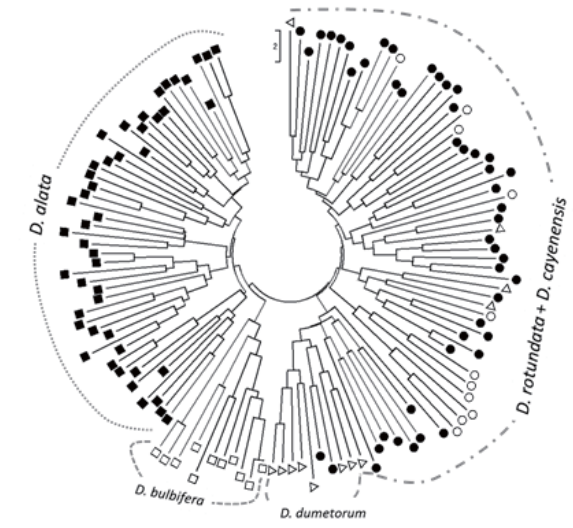


図 2 種を超えて安定して増幅する 6 マーカーを用いた遺伝的距離に基づくヤム遺伝資源の系統解析 ■: *D. alata*, □: *D. bulbifera*, ●: *D. rotundata*, ○: *D. cayenensis*, △: *D. dumetorum*

++: 増幅あり (多型)、+: 増幅あり (単型)、-: 増幅なし、黄色: 種特異的な多型有り
*: 5 種以上での増幅が確認されたマーカー

【その他】

研究課題：熱帯性畑作物遺伝資源の多様性評価および利用技術の開発
プログラム名：熱帯等の不安定環境下における農作物等の生産性向上・安定生産技術の開発
予算区分：交付金 [熱帯作物開発]
研究期間：2015 年度 (2011~2015 年度)
研究担当者：山中慎介・高木洋子、M. Tamiru (岩手生工研)、寺内良平 (岩手生工研)
発表論文等：Tamiru & Yamanaka et al. (2015) Crop Sci. 55: 2191-2200.