

### 30. サトウキビにおけるスクロースリン酸シターゼ (SPS) 遺伝子の識別法

[ 要約 ] サトウキビの光合成および糖蓄積に関与している酵素スクロースリン酸シターゼ (SPS) の遺伝子は、トウモロコシの SPS 遺伝子の一部を用いたサザンプロット法により識別できる。

国際農林水産業研究センター沖縄支所・作物育種世代促進研究室			連絡先		09808(2)2306		
部会名	国際農業、バイオテク	専門	バイオテク	対象	工芸作物類	分類	研究

[ 背景・ねらい ]

スクロースリン酸シターゼ (SPS) は、光合成系における転流スクロースを合成する酵素として注目されている。サトウキビでは、茎でのスクロースの合成・貯蔵に関わっており、スクロース含有率に関係する重要な酵素と考えられている。そこで、本研究では品種育成に役立てるため、サザンプロット法によって SPS 遺伝子を識別する方法を開発する。

[ 成果の内容・特徴 ]

1. トウモロコシで単離されている SPS 遺伝子を切断して4つのプローブとし、サトウキビのゲノム DNA でサザンハイブリダイゼーションを実施すると、いずれのプローブでもバンドが検出できる。(図 1-a)
2. 制限酵素 *Xba* I で断片化したゲノム DNA では、4つのプローブで同じ泳動位置に共通したバンドがみられ、バンドを呈する DNA 断片は4つのプローブと一致する部分を含んでいる。また、制限酵素 *Hind* III または *Sac* I と C 断片プローブを組み合わせた検出では、ひとつのバンドしかみられず、バンドを呈する DNA は *Hind* III および *Sac* I のそれぞれに2つずつの共通した制限酵素認識配列を有している。これらのことから検出されるバンドは SPS 遺伝子であると考えられる。(図 1-b,c)
3. サトウキビの SPS 遺伝子は、3' 末端外側の異なる位置に *Sac* I 認識配列を有していると考えられ、ゲノム DNA を制限酵素 *Sac* I で切断し、D プローブを用いて検出すると SPS 遺伝子近傍の変異が識別できる。この方法で検出すると品種間で異なるバンドパターンがみられる。ただし、下位に共通してみられるバンドは、SPS 遺伝子に共通した断片に由来するバンドで、特定の遺伝子を示すものではない。(図 1-c,d)

[ 成果の活用面・留意点 ]

1. 遺伝資源の評価・利用に活用できる。
2. 新たな SPS 遺伝子のスクリーニングに利用できる。
3. トウモロコシの SPS 遺伝子とは同源性の低い SPS 遺伝子が知られており、検出できない SPS 遺伝子があることに注意する必要がある。

[ 具体的データ ]

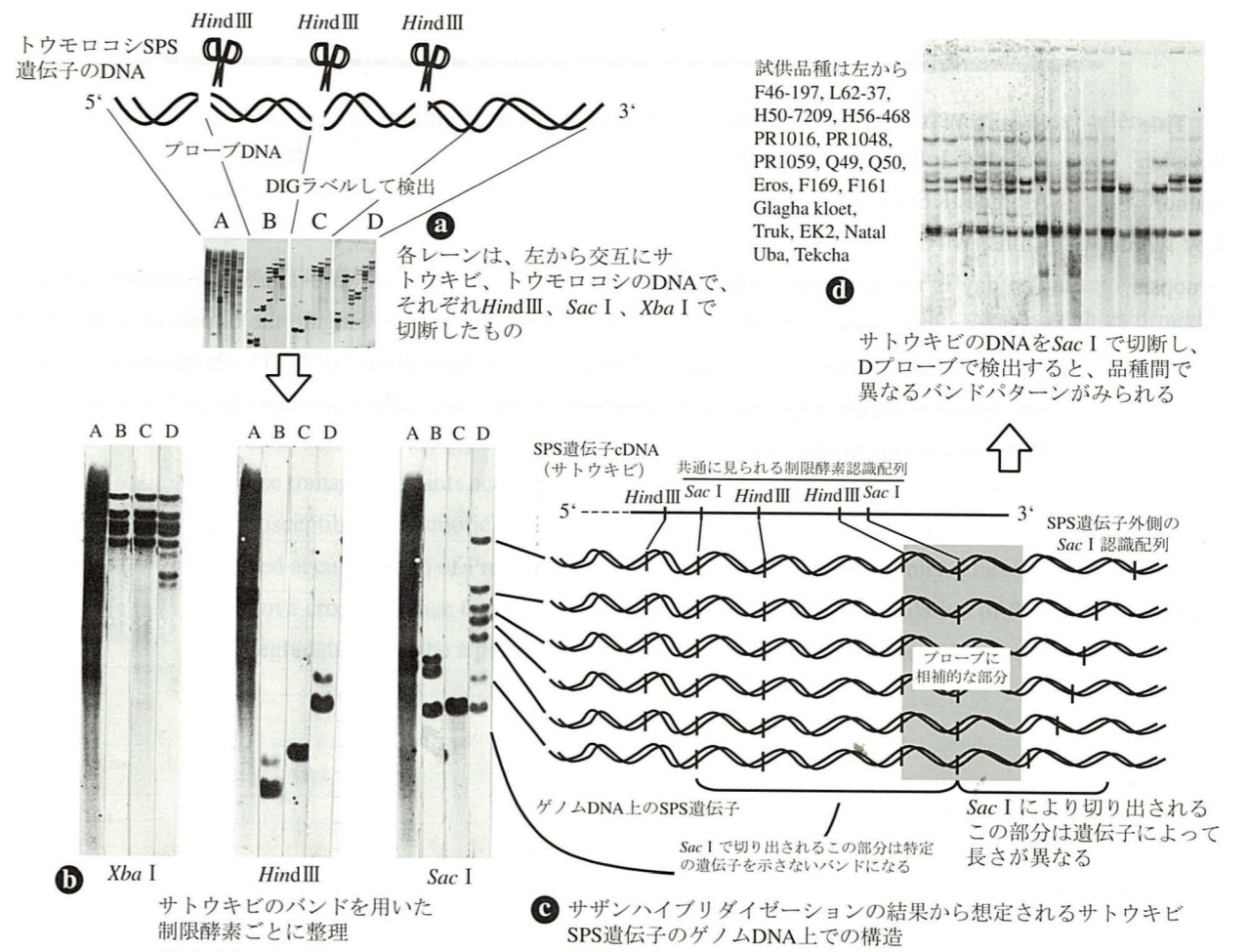


図 1 サトウキビの SPS 遺伝子が識別できる理由

[ その他 ]

研究課題名：サトウキビ高糖性遺伝子の解析

予算区分：経常

研究期間：平成 12 年度 (9 ~ 11 年度)

研究担当者：寺内方克、斉藤 彰 (九農試)、宮崎 力 (科学振興事業団)、木村貴志 (九農試)、出田 収、松岡 誠

発表論文等：Terauchi T., M. Quintana, C. Bangwaek and Matsuoka M. (2000) Gene analysis of sucrose accumulation related enzyme. 6th ISSCT Breeding Workshop Abstracts:8