

平成 27 年度ナショナルバイオリソースプロジェクト 成果報告書（公開）

補助事業 代表機関管理者 (所属機関・氏名)	国立大学法人宮崎大学 農学部 教授 明石 良
補助事業課題名	ミヤコグサ・ダイズリソースの国際的拠点整備 -収集・保存・提供-

1. 補助事業の目的

本事業は、これまでの事業内容を継続しながら、研究者コミュニティに求められる質の高いリソースを整備するとともに、植物と微生物の共生関連分野での利用を拡大するための新規リソースとその情報の収集を行う。なお、リソースの質の維持・向上を図るために、特性の再確認や DNA クローンの塩基配列の確認を定期的に行う。また、海外への情報公開を積極的に行い、海外研究者への認知度を向上させ、さらに、国際アドバイザー委員会を設置することで海外の関連研究機関との連携を強化し、ミヤコグサ・ダイズリソースの国際的拠点の整備を目指す。このため国立大学法人宮崎大学を代表機関として、国立大学法人北海道大学、学校法人日本大学、および国立大学法人佐賀大学を分担機関として事業を推進する。

2. 補助事業の概要

宮崎大学は「ミヤコグサ・ダイズリソースの国際的拠点整備 -収集・保存・提供-」を課題として以下の項目を実施した。①遺伝資源の収集、②遺伝資源の保存、③遺伝資源の提供、④遺伝資源の増殖、⑤遺伝資源の特性調査と品質調査、⑥運営委員会およびデータベースワーキングの開催⑦、情報公開と事業広告、⑧ショウジョウバエおよびメダカ DNA リソースの統合的バックアップ保存。

北海道大学は「ダイズの収集・増殖と諸特性の評価」を課題として以下の項目を実施した。①ダイズ遺伝資源の収集・保存、②ダイズ遺伝資源の増殖、③ダイズ遺伝資源の特性調査と品質調査。

日本大学は「ミヤコグサ遺伝資源の収集・増殖および特性評価」を課題として以下の項目を実施した。①ミヤコグサリソースの収集・保存、②ミヤコグサリソースの増殖、③ミヤコグサリソースの特性評価。

佐賀大学は「共生変異体の評価・増殖およびダイズ種子成分と遺伝子多様性の調査」を課題として以下の項目を実施した。①ツルマメ種子の再増殖、②ツルマメの脂肪酸分析、③TILLING 法を用いたツルマメ遺伝子多様性の調査、④ダイズ共生変異体の特性評価、⑤ミヤコグサ共生変異体の特性評価。

3. 補助事業の成果（平成 27 年度）

【宮崎大学】

- ① 遺伝資源の収集：オーフス大学よりミヤコグサの共生変異体を 43 系統収集した。
- ② 遺伝資源の保存：総計 505,895 リソースを保存した。
- ③ 遺伝資源の提供：合計 3,477 リソースを提供した。
- ④ 遺伝資源の増殖：遺伝資源の増殖は合計 160 系統を増殖した。
- ⑤ 遺伝資源の特性調査と品質調査：遺伝資源の付加価値向上のため、ミヤコグサおよびツルマメの遺伝子型の確認とミヤコグサ組換え自殖系統およびダイズ種子成分を調査した。DNA リソースの塩基配列を確認し、リソースの品質調査を行った。
- ⑥ 運営委員会およびデータベースワーキングの開催：運営委員会を開催し、データベースワーキングにおけるメール会議を実施した。
- ⑦ 情報公開と事業広告：データベースのリニューアルや更新を行うとともに、国内外の各種学会等で発表することで事業広告を行った。
- ⑧ ショウジョウバエおよびメダカ DNA リソースの統合的バックアップ保存：ショウジョウバエおよびメダカのバックアップ分担機関として DNA リソースの統合的なバックアップを行った。

【北海道大学】

- ① 遺伝資源の収集・保存：組換え近交系「Jackson x JWS156-1」100 系統を収集した。
- ② 遺伝資源の増殖：「Jackson x JWS156-1」、「トヨムスメ x GD50344」、および「十系 780 号 x B04009」の種子増殖を行った。
- ③ 遺伝資源の特性調査と品質調査：「トヨムスメ x GD50344」、および「十系 780 号 x B04009」の親系統間について、105 個の SSR 標識を用いた多型解析を行った。

【日本大学】

- ① リソースの収集・保存：2箇所の自生地において計9点の植物および土壌試料を採集し、4系統の根粒菌を単離し保存した。また、土壌試料から9点のDNA試料を抽出し保存した。
- ② リソースの増殖：平成26年度に採集した8系統の種子を増殖した。
- ③ リソースの特性評価：根粒菌における、16SリボソームRNA遺伝子の塩基配列を解析し、生育に対する培地のpHおよび塩化ナトリウム濃度の影響を調査した。土壌試料のpHおよび電気伝導度の測定および原子吸光法によるナトリウムイオン(Na⁺)の分析を行った。

【佐賀大学】

- ① ツルマメ種子の再増殖：ツルマメ 2 系統の種子を増殖した。
- ② ツルマメの脂肪酸分析：ダイズ組換え近交系 50 系統のガスクロマトグラフィーを用いた種子中の主要脂肪酸組成の分析を行った。
- ③ TILLING 法を用いたツルマメ遺伝子多様性の調査：TILLING 法による変異体のスクリーニングの際の新たな標的遺伝子の適性を評価した。
- ④ ダイズ共生変異体の特性評価：TILLING 法によって獲得したダイズ *sen1* 遺伝子に変異を持つ系統について M4 種子を増殖し、継続して根粒着生試験を行っている。
- ⑤ ミヤコグサ共生変異体の特性評価：さらにミヤコグサ共生変異体 *sym83* について表現型を調査し原因遺伝子の塩基配列の確認を行った。

