

植物ゲノム・遺伝子源解析センター 月例セミナー

○とき 平成30年1月31日(水)
16時00分～17時00分

ところ 農学部 A302演習室

講演者 農学部教授 柳 智博 博士

題目「異質倍数性植物のゲノム育種の問題点と染色体
1本ごとのゲノム分析 ～栽培イチゴを例に～」

概要

栽培イチゴ (*Fragaria × ananassa* Duch.) は異質倍数体であるため、以前から理論的な育種法がなく、育種家の勤にたよった交雑と選抜を長年繰り返す方法が主であった。しかし、最近DNAマーカーを用いた連鎖地図の作成 (文献1) や全ゲノムの解読 (文献2) など、栽培イチゴでも分子育種の基盤が充実してきた。演者は、平成27年度に開始された農林水産業・食品産業科学技術研究推進事業「イチゴの輸送適性に優れた品種育成を迅速に実現するゲノム育種法開発」に参加し、ゲノム育種の意義や手法、問題点について学ぶことができた。今回は、典型的な異質倍数性作物である栽培イチゴの育種の変遷を概観し、ゲノム育種の意義と問題点、また問題点の一端を解決するであろう染色体マイクロダイセクション法を利用した染色体1本ごとのゲノム分析 (文献3) について解説する。

- 1) Isobe SN, Hirakawa H, Sato S, Maeda F, Ishikawa M, Mori T, Yamamoto Y, Shirasawa K, Kimura M, Fukami M, et al. Construction of an integrated high density simple sequence repeat linkage map in cultivated strawberry (*Fragaria × ananassa*) and its applicability, *DNA Res.* 20: 79–92, 2013
- 2) Hirakawa H, Shirasawa K, Kosugi S, Tashiro K, Nakayama S, Yamada M, Kohara M, Watanabe A, Kishida Y, Fujishiro T, Tsuruoka H, Minami C, Sasamoto S, Kato M, Nanri K, Komaki A, Yanagi T, Qin G, Maeda F, Ishikawa, M, Kuhara S, Sato S, Tabata S, Isobe SN. Dissection of the octoploid strawberry genome by deep sequencing of the genomes of *Fragaria* species, *DNA Res.* 21: 169–81, 2014
- 3) Yanagi T, Shirasawa K, Terachi M, Isobe S. Sequence analysis of cultivated strawberry (*Fragaria × ananassa* Duch.) using microdissected single somatic chromosomes, *Plant Methods* 13: 91, 2017, DOI 10.1186/s13007-017-0237-8

主催：香川大学農学部 植物ゲノム・遺伝子源解析センター
(<http://www.ag.kagawa-u.ac.jp/phytogene/index.html>)