

ダイズ DDMP サポニンの量的および質的形質に関わる分子遺伝学的研究

生物資源科学専攻 植物育種科学講座 植物遺伝資源学 香月遼

1. はじめに

DDMP サポニンはダイズ種子に含まれる機能性成分として知られている。また、DDMP サポニンはアグリコンのC-3位グルクロン酸に付加する糖鎖の構造の違いによって、機能性が異なると考えられている。そのため、その量的および質的形質を規定する遺伝子を解明することで、高機能ダイズの育種が期待できる。ところが、糖鎖の種類による機能性の違い、および配糖化そのものの作用機序については不明な点が多い。そこで、本研究では DDMP サポニンの総含量および組成変異体の解析を通じて、DDMP サポニンの量的、および質的形質に関わる遺伝子の探索を試みた。

2. 方法

DDMP サポニンのラムノース配糖体の含有率が高い栽培ダイズの田螺大豆、および含有率が低い野生ダイズ T106 の交雑集団について QTL 解析を行い、ラムノース配糖化に関わる候補領域の短縮を試みた。さらに、候補遺伝子に見出された非同義置換とラムノース配糖化能との関連性を明らかにするため、ラムノース配糖化能が異なると考えられる野生ダイズ遺伝資源について遺伝子型の解析を行った。加えて、候補遺伝子をノックダウンした形質転換個体を作製し、その特性解析を通してラムノース配糖化能を評価した。

3. 結果と考察

田螺大豆と T106 の交雑集団における QTL 解析により、ラムノース配糖化に関わる領域を絞り込んだ。その結果、1つの配糖化酵素遺伝子 *Glyma. 08G181000* において田螺大豆と T106 の間に非同義置換を伴う変異を認めた。加えて、ラムノース配糖化能が高いと考えられる野生ダイズ遺伝資源 50 系統、低いと考えられる野生ダイズ遺伝資源 50 系統からそれぞれ DNA を抽出し、上述した遺伝子の配列解析を行った。その結果、当該遺伝子の変異はラムノース配糖化能が低いと考えられる系統に特異的に存在しており、ラムノース配糖化能との間に関連性を見出した。また、amiRNA を介して本遺伝子をノックダウンした形質転換個体の完熟種子において、ラムノース配糖体の含有率を評価したところ有意な減少が認められた。

4. まとめ

QTL 解析により、ラムノース配糖化に関わる領域を絞り込み、配糖化酵素遺伝子 *Glyma. 08G181000* を見出した。また、本遺伝子においてラムノース配糖化能に深く関わりと推察される非同義置換を2箇所認めた。さらに、当該遺伝子の発現量を抑制した形質転換個体において、ラムノース配糖体含有率の減少が見られた。したがって、本遺伝子はダイズの DDMP サポニンのラムノース配糖化に関わる酵素遺伝子であることが明らかとなった。加えて、酵素活性の測定により本研究で見出された機能多型のさらなる解析を進めていく必要があると考えられた。