

DNA分析による県内大豆奨励品種の判別法の確立

【要約】大豆の種子や生葉からDNAを抽出し、PCR分析を行うことにより、約1日で県内大豆奨励品種（エンレイ、オオツル、タマホマレ、フクユタカ、ことゆたか）の品種判別が可能である。

| | | | |
|---------------------------|------------|---------------|-----------|
| 農業技術振興センター・先端技術開発部・研究推進担当 | | 【実施期間】 平成20年度 | |
| 【部会】 農産 | 【分野】 革新的技術 | 【予算区分】 県単 | 【成果分類】 研究 |

【背景・ねらい】

食料の輸入増大や多様化する食生活の中で、近年、食の安全・安心への関心が高まっている。こうした中、異品種の混入や偽装の防止、消費者の信頼確保のため、DNAを用いた品種判別や成分分析による産地判別が行われている。

当センターでも、これまでにうるち米、酒米の県内主要栽培品種について品種判別技術を確立した。

今回、県内の大豆奨励品種のDNA分析による品種判別技術を確立する。

【成果の内容・特徴】

- ①品種判別の分析試料には、大豆の種子・生葉を用いることが可能である。
- ②県内で栽培される大豆奨励品種（エンレイ、オオツル、タマホマレ、フクユタカ、ことゆたか）の品種判別が可能である（図、表）。
- ③試料からDNAの抽出、精製および分析（PCR、電気泳動）までの品種判別のステップが約1日で可能である。
- ④DNA分析に用いるプライマー（品種特異的に増幅させるための短いDNA）は計6種（Satt277, Satt281, Satt345, Satt357, Satt368, Satt409）である（表）。

【成果の活用面・留意点】

- ①判別する際の状況に応じて、各プライマーを組み合わせて用いる。
- ②判別を行う際は、品種が明らかな標準品を同時に分析する方が望ましい。
- ③品種判別に用いたDNAプライマー（Satt---）は、データベースサイトの Soybase (<http://www.soybase.org/resources/ssr.php#Sat>) で公開されている。

[具体的データ]

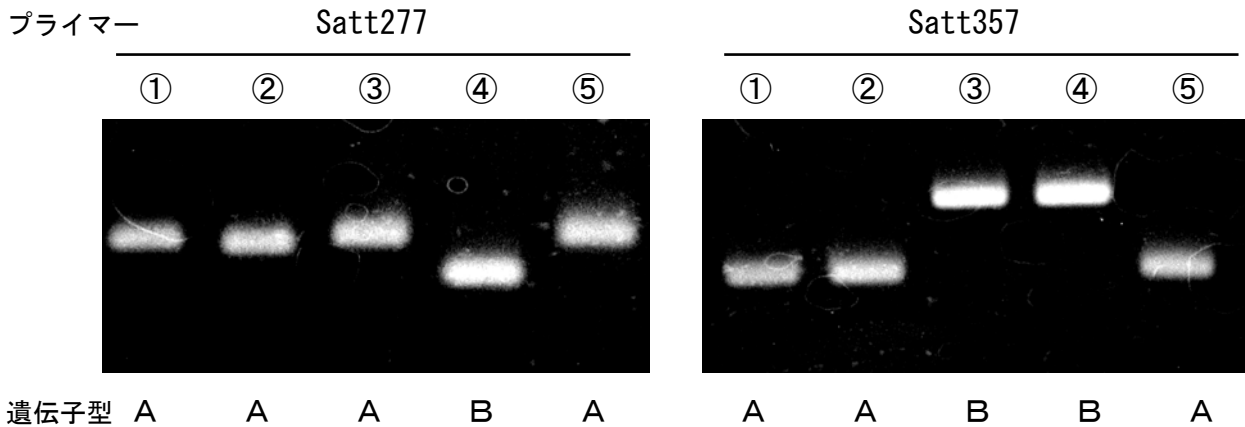


図. 大豆の各品種のDNAをプライマーで増幅した電気泳動パターン
 品種名：①エンレイ、②オオツル、③タマホマレ、④フクユタカ、⑤ことゆたか
 注：A、Bは各プライマーによる遺伝子型で、電気泳動による移動度が異なる。

表. 大豆品種のDNA品種判別の泳動パターンの一覧

| | | プライマー | | | | | |
|------|-------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|
| | | Satt277 | Satt281 | Satt345 | Satt357 | Satt368 | Satt409 |
| 大豆品種 | エンレイ | A | A | A | A | A | A |
| | オオツル | A | A | B | A | A | A |
| | タマホマレ | A | B | A | B | A | B |
| | フクユタカ | B | C | A | B | B | A |
| | ことゆたか | A | A | A | A | B | A |

注：A、B、Cは各プライマーによる遺伝子型で、電気泳動による移動度が異なる。

[その他]

・研究課題名

大課題名：バイオテクノロジー、IT等を活用した革新的技術の開発

中課題名：バイオテクノロジーを利用した育種改良技術の開発

小課題名：バイオテクノロジーを活用した革新的技術の開発

・研究担当者名：

片山寿人 (H20)、川村容子 (H20)、北村治滋 (H20)、日野耕作 (H20)

・その他特記事項：なし