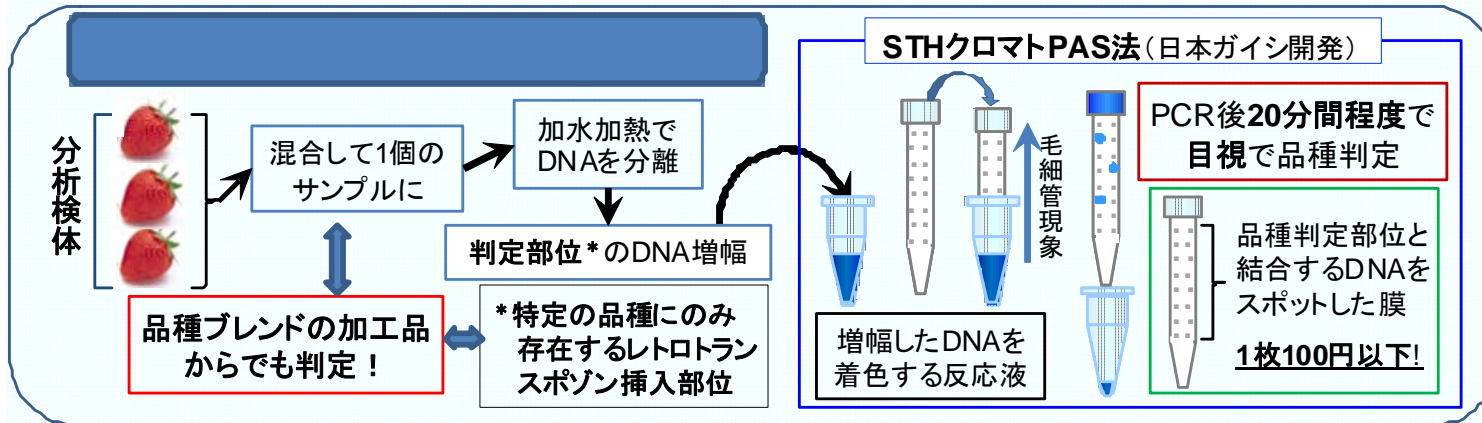
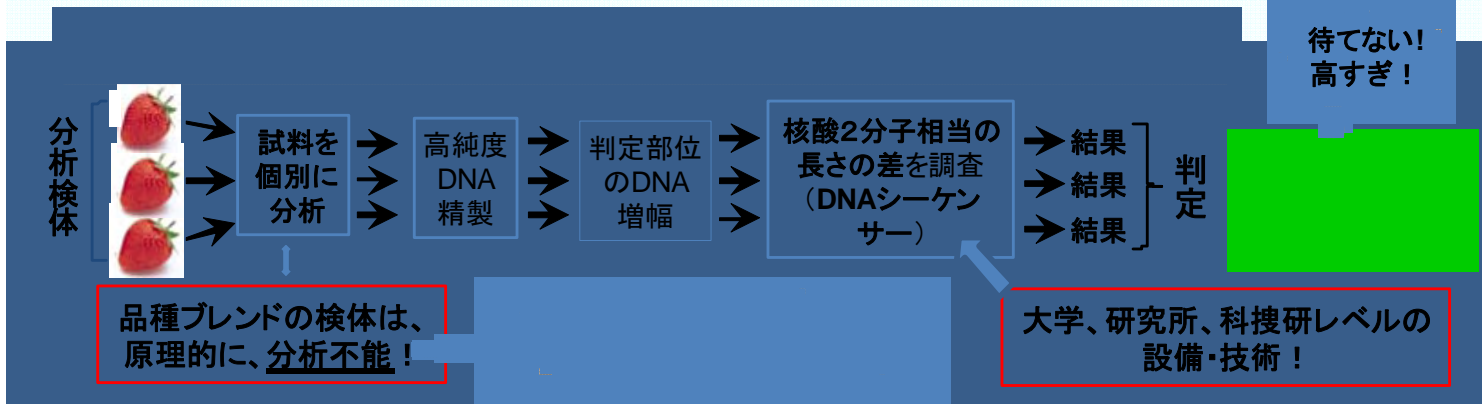


# 課題名：現場での検査導入を実現する農作物品種DNA判定法の開発

研究総括：岡山大学大学院環境生命科学研究科 教授 田原 誠



品種DNA判定を検査現場に導入するための必須条件					
区分	正確な判定	品種ブレンド検体対応	操作は簡便	分析は迅速	費用は低廉
現行法	○	× 原理的に不可能	× 専門的技術・設備を要す	× 5日間	× 5万円
実用化する新たな判定法	○	○	○	3時間以内	500円以下

本課題で開発をめざす判定方法は、検査現場での実用性が極めて高い。

## 実用化する新たなDNA品種判定法の社会・国民生活への貢献

研究開発の目標:税関、消費安全センター、流通業者、食品製造者、消費者  
団体でも独自の検査を可能にする実用的な農作物品種  
DNA判定法の開発

### 期待される効果

- ・農産物とその加工品について、国産・輸入を問わず、品種名の不正表示などの科学的な検証と摘発を可能にする。
  - =市場における表示の適正化が確保され、食品表示について消費者に安全安心感をもたらす。
- ・日本の開発品種(知的財産)の海外での盗用監視体制が初めて実質化する。
  - =盗用品種産物の輸入(逆輸入による国産品との競合)の水際取締りが実現する。
  - =農産物の海外販路の確保、輸出拡大が促進される。

## 実用化する新たなDNA品種判定法の地域農産業への貢献

研究対象作物：リンゴ、カンキツ、イチゴ、サツマイモ（色素生産用）

### 国内産出額（H20）が5,000億円を超える重要な作物種

- ・リンゴ（1,286億円）：長野～関東以北の寒冷地の基幹品目。
- ・カンキツ（1,509億円）：東海以西の中山間地の重要品目
- ・イチゴ（1,644億円）：野菜ではトマトに次ぐ生産額。全国で生産される高収益作物。
- ・サツマイモ（949億円）：シラス土壌の南九州畑作地帯における基幹作物。

コメ（19,569億円）  
コムギ（288億円）  
ダイズ（242億円）

### 関連品目の輸入（H21）

- ・リンゴ：ジュース108億円
- ・ミカン類：13億円
- ・イチゴ：65億円
- ・サツマイモ：約50億円

- ・いずれも品種コピーが容易で盗用されやすい栄養繁殖型作物。
- ・日本の優良品種が海外において無許可で商業栽培されている事実がある。
- ・盗用品種製品の逆輸入が懸念されている。

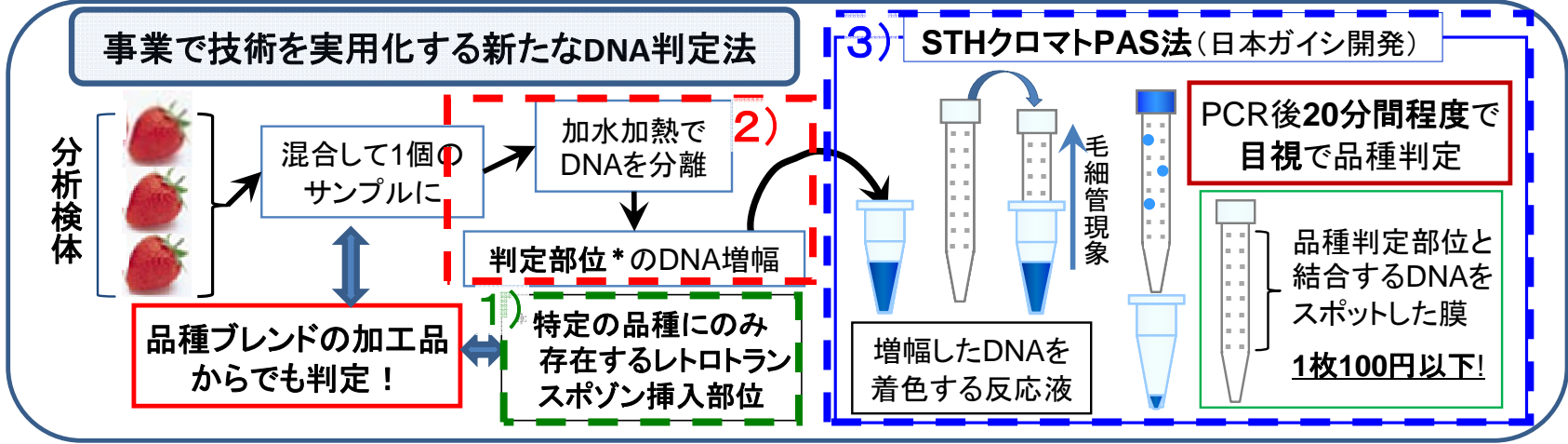
### DNA品種判定による過去の貢献実績例（未加工品についてのスポット的摘発）

- ・い草「ひのみどり」（H17）、さくらんぼ「紅秀峰」（H19）、小豆「しゅまり」（H16）など

実用的なDNA品種判定法の開発で、品種盗用が疑われる輸入品の通関検査が実質化するので、国内の生産者、その生産物の加工や流通を担う業者が、盗用によって不当な不利益を被ることを避けることができる。

# 新たなDNA品種判定法の開発と役割分担

研究対象作物：リンゴ、カンキツ、イチゴ、サツマイモ（色素生産用）



## 研究課題構成

1) 品種判定部位の選定  
(品種に固有の挿入部位選定)  
<農水省委託研究等で基盤技術開発済>

2) 未精製試料対応PCR技術開発  
(判定部位のDNA増幅技術開発)

3) 品種判定キットの開発  
(STHクロマトPAS法の導入による製品化)

## 役割分担

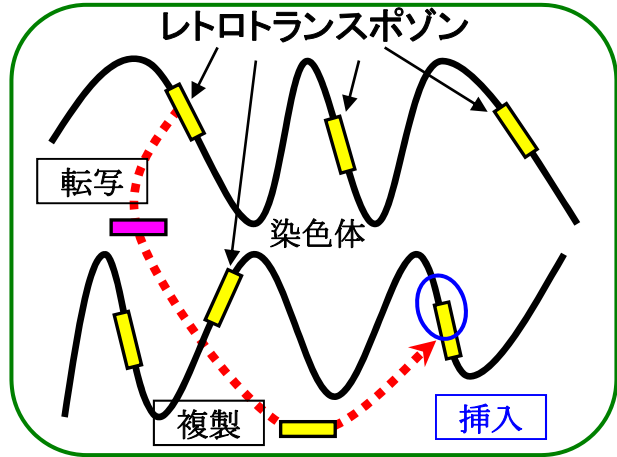
岡山大学、果樹研究所、九州沖縄農業研究センター、栃木県農業試験場、福岡県農業総合試験場

(株)ニッポン・ジーン

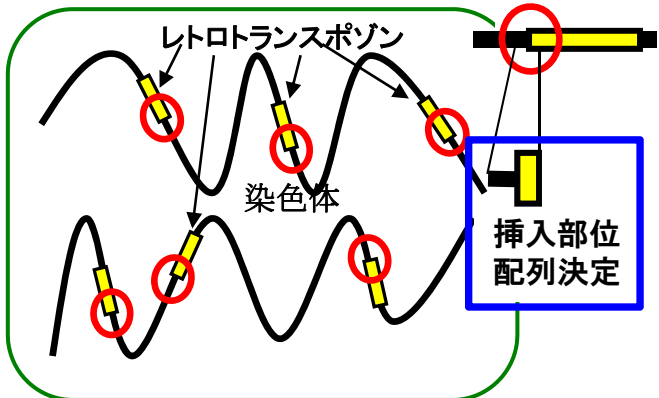
(株)ファスマック

# 新たなDNA品種判定法の普及・実用化の可能性

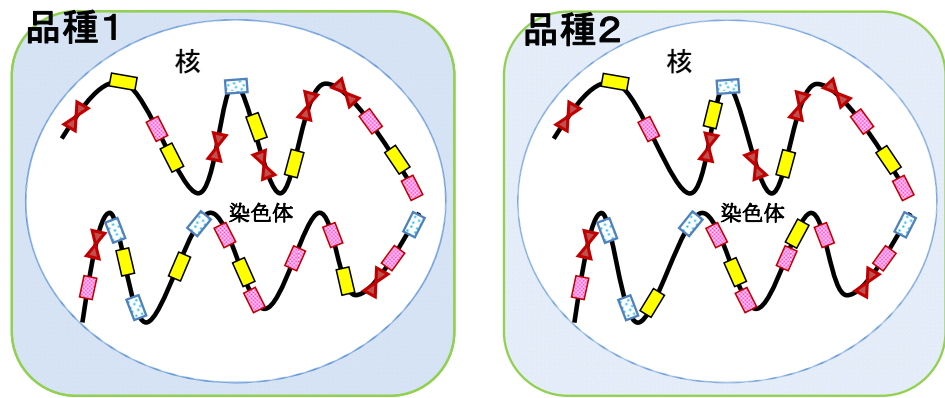
## 品種に固有の挿入部位選定(1)



レトロトランスポゾン：自身の配列の複製を作り、染色体の不特定の場所に挿入する。品種育成時など生じた挿入部位は、品種に固有の目印となる。

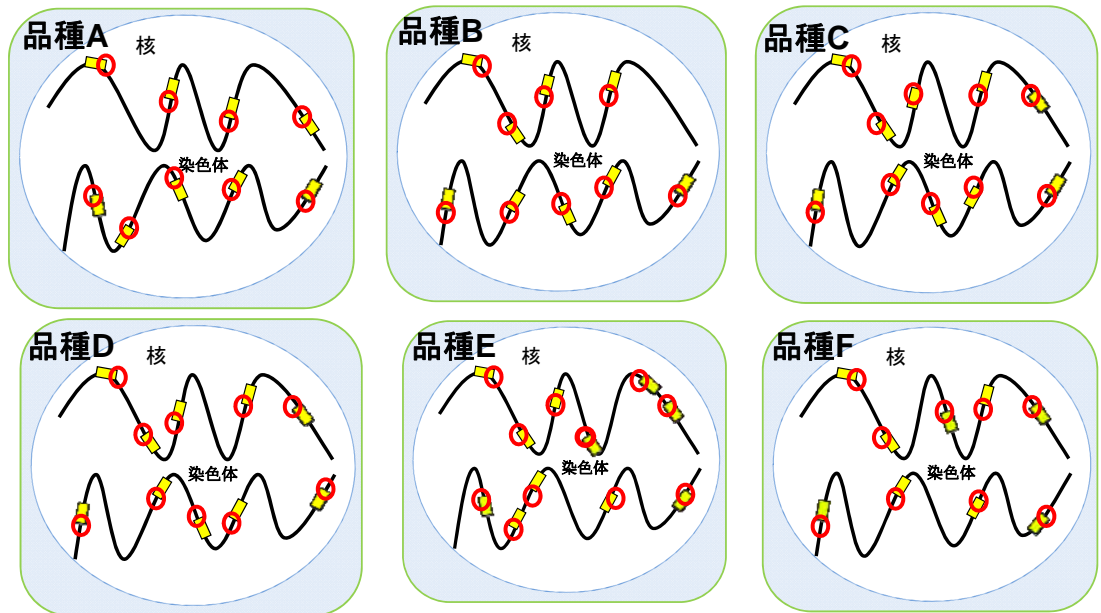


次世代シーケンサーによるレトロトランスポゾン挿入部位配列決定模式図



■ ■ ■ ■ :レトロトランスポゾンのファミリー  
 品種の間で挿入部位に大きな違いがあるファミリー(■)を選定

選定したファミリーの挿入部位を育種素材のゲノムを網羅する形で配列決定



# 新たなDNA品種判定法の普及・実用化の可能性

## 品種に固有の挿入部位選定(2)

次世代シーケンスの結果、選定したレトロトランスポゾンのファミリーについて、育種素材全体を網羅する形で得られた膨大な数の挿入部位を、品種と挿入部位の集計表としてまとめる。

集計表の中で、目的の品種にのみ存在する挿入部位は、その品種に固有のものとなる。  
= 品種判定部位として利用する

例) 品種Gは挿入部位No.16  
品種Lは挿入部位No.11

サツマイモとインゲンのレトロトランスポゾンについての次世代シーケンサー分析で実証済み。

品種と挿入部位の集計表

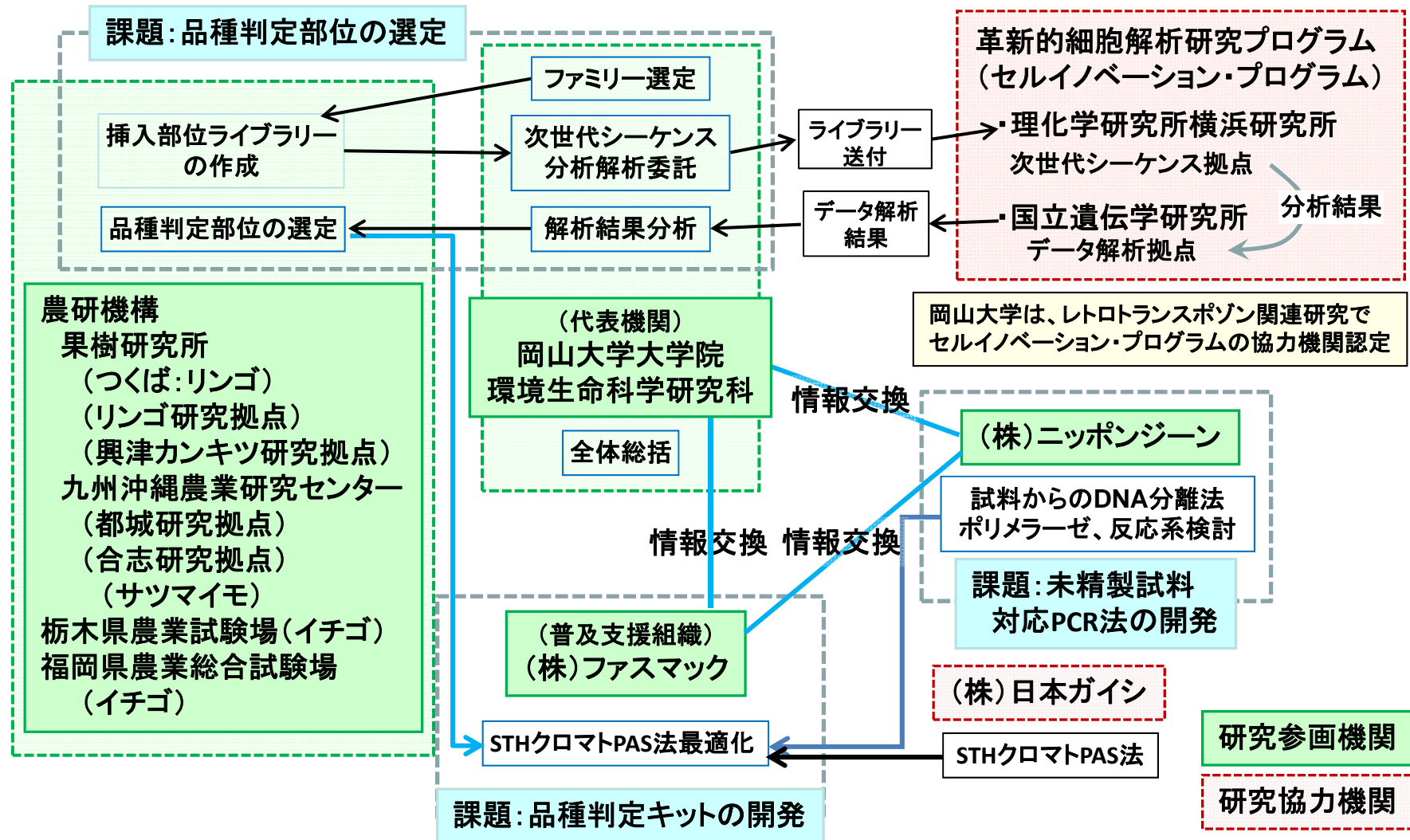
		品 種																			
		A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	・	・	
挿入部位	1		○		○	○		○	○	○		○		○	○		○	○		○	○
	2	○		○		○	○		○		○	○	○			○		○	○	○	○
	3						○			○	○				○	○	○	○			
	4	○		○		○		○	○	○		○				○			○	○	○
	5		○			○					○				○		○		○		○
	6	○		○	○	○		○		○	○		○		○		○				○
	7	○	○	○			○		○			○	○				○	○	○	○	○
	8				○	○		○			○	○			○		○		○	○	○
	9	○		○	○		○		○	○	○		○	○	○		○		○		○
	10		○	○		○	○	○			○	○			○	○	○	○		○	○
	11												○								
	12	○	○	○	○	○	○	○	○	○		○	○	○	○	○		○		○	○
	13			○		○					○	○	○				○			○	
	14				○			○	○	○			○		○	○		○	○	○	○
	15	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
	16							○													
	17	○	○	○	○		○		○	○		○	○	○	○			○	○		○
	18					○		○		○	○	○			○	○	○	○	○	○	
	19	○	○	○	○		○	○			○		○	○		○	○		○	○	○
	20					○			○	○		○	○			○		○	○		○
・			○			○	○	○		○	○						○			○	
・		○					○		○		○										
・	○			○	○		○	○	○	○						○		○		○	
・		○			○	○		○		○	○	○	○	○		○	○		○	○	

○は、その品種のその部位に選定したレトロトランスポゾンの挿入があることを示す

課題名：現場での検査導入を実現する農作物品種DNA判定法の開発

## 新たなDNA品種判定法の開発と研究協力機関

次世代シーケンスとその解析、簡易検出法について最先端の研究協力が得られる。



## 新たなDNA品種判定法の開発と波及効果

- 次世代シーケンスで分析したレトロトランスポゾン・ファミリーの挿入部位の情報は、判定が必要な品種ばかりでなく、分析した全ての品種について得られる。
- 品種識別性に優れた挿入部位を組み合わせることで、極めて多数の品種であっても、簡便で効率的な品種識別方法が開発できる。

例：次世代シーケンスで得たインゲン・レトロトランスポゾンTpv2の挿入部位13カ所における挿入の有無のパターンで、インゲン79品種の識別が可能であった。

種苗法の新品種登録の際のDNA品種判別・登録情報として、また、国際標準化機構(ISO)における品種識別のガイドラインとしての利用が期待される。

1. 本開発により、ゲノム情報が整備されていない作物であっても、次世代シーケンサーを利用して、挿入部位の品種間差が大きい活動型のレトロトランスポゾン・ファミリーを見いだして、目的品種に特徴的な挿入部位を選定し、その挿入部位の配列から、実用的な品種判定法を直ちに確立できる。
2. 開発されるマーカーは、優性マーカーであるので、キット化して簡便、低コスト、迅速な検査が可能な方法を開発できるばかりでなく、**製品に含まれる目的品種の割合などを推定する定量的な分析**も行うことができる。

判別が困難と見られる他殖性の種子繁殖作物以外では、実用的な品種識別システムが構築できるので、現場対応型の品種判定法の主流となる。