

シイタケのひだ褐変化に関わる ラッカーゼ遺伝子の染色体上での位置の決定

九州支所
(財) 岩手生物工学研究センター

宮崎 和弘
坂本 裕一

背景と目的

スーパーなどで販売されている生シイタケは、日数の経過とともにひだ部分が褐変化して商品価値が下がっていき、最終的には売り物にならず廃棄されてしまいます。このひだの褐変化を遅らせることが出来れば、生シイタケ商品の日持ちが長くなり、販売上のロスを減らすことにつながります。この収穫後のひだの褐変化は、品種間で差がみられることが観察されており、すでにラッカーゼ酵素が関与していることが報告されています。そこで、より日持ちのよいシイタケ品種を効率的に作っていくことを目的として、シイタケの染色体上にひだの褐変化に関わるラッカーゼ遺伝子を位置づけました。

成 果

シイタケの収穫後の褐変化については、品種間で差が見られます(図1)。これまでの研究により、このシイタケのひだの褐変化には、ラッカーゼ*と呼ばれる酸化酵素の一種が関与していることが分かっています。そこで日持ちのよいシイタケの開発を効率的に行うため、シイタケの生産するラッカーゼ遺伝子の染色体上での位置を決定することとしました。現在までにDNA配列が解析されている4種類のシイタケのラッカーゼ遺伝子(*lcc1*~*lcc4*)のDNA配列情報を基に、それぞれのラッカーゼ遺伝子増幅に用いるプライマー*を設計しました。次に、そのプライマーを用いて孢子菌株の各ラッカーゼ遺伝子の一部を増幅し、一本鎖DNAのとる二次構造の違いにより多型を検出するSSCP*という解析法で、各遺伝子の分離パターンの解析を行いました(図2)。既報のシイタケの連鎖地図*のデータと照合し、各ラッカーゼ遺伝子の連鎖地図上の位置を決定しました。そうすると、図3に示しましたように、*lcc1*~*lcc4*は異なる連鎖群(LG)に位置することが分かりました。つまり、

lcc1~*lcc4*は同じラッカーゼ活性をもつ酵素の遺伝子にも関わらず、染色体上の位置には関係がないといえます。この結果から、今後ラッカーゼ活性の異なるシイタケを育種する上では、*lcc1*~*lcc4*の各遺伝子の集積を行うことは比較的簡単であることが判明しました。また、シイタケのひだの褐変化には、特にこの中の*lcc4*が強く関わっていることから、今後、褐変化の違いに関係している、*lcc4*遺伝子配列の品種間での違いを特定し、褐変化しにくい品種の早期検定技術の開発につなげていきたいと考えています。

ラッカーゼ遺伝子の位置づけに使用した連鎖地図に関する情報については、Miyazaki et al. (2008) Genetic map of a basidiomycete fungus, *Lentinula edodes* (shiitake mushroom), constructed by tetrad analysis., Breeding Science, 58:23-30 をご参照ください。



図1 シイタケの褐変化の品種間の比較

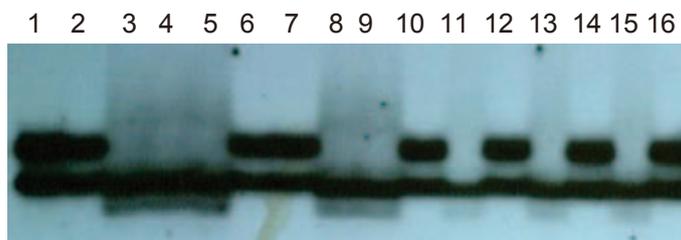


図2 *lcc1* 遺伝子のSSCP解析例
(泳動パターンの違いから、菌株間の
lcc1 遺伝子の分離パターンを解析
することが出来る)

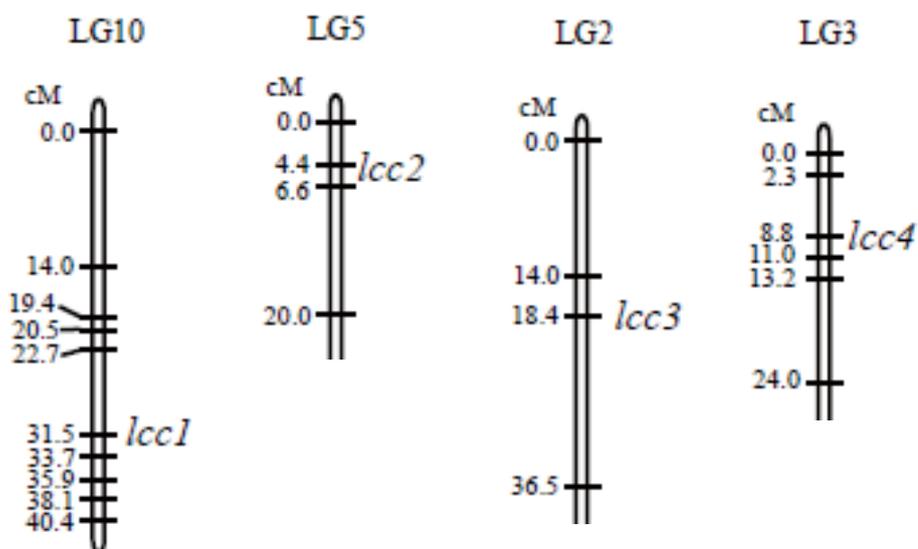


図3 *lcc1* ~ *lcc4* 遺伝子のマッピング結果
(それぞれの遺伝子が異なる連鎖群: LGに
位置づけられたことから、異なる染色体上に
位置していることが予想される)

* については、巻末の用語解説をご覧ください。