

平田 聡之 「北海道雑草種のDNAバーコーディングと群集評価技術への応用」

北方生物圏フィールド科学センター・生物生産研究農場 email: hirata※fsc.hokudai.ac.jp

研究室HP: <http://www.fsc.hokudai.ac.jp/farm/agroecosystem/blog/staff/hirata-toshiyuk/>

出身地 富山県

(※を@に)

Maria Stefanie Dwiyanti

農学研究院・連携推進分野・情報ゲノム科学 email: dwiyanti※abs.agr.hokudai.ac.jp

研究室HP: <https://tenure-track.cris.hokudai.ac.jp/lab/maria/>

(※を@に)

出身地 インドネシア

○キャッチコピー

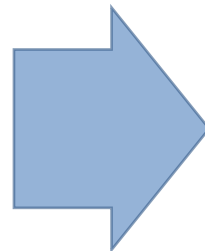
- ・次世代シーケンサーにより集草サンプルから雑草群集を簡易的に評価
- ・雑草分布状況の大規模調査に最適

○概要

雑草管理を効率的に行うためには、その発生や分布パターンを把握する必要がある。本チームでは、北海道の主要雑草種についてDNAデータベースを構築し、次世代シーケンサーを用いた新しい雑草群集の評価法の確立を目指しています。



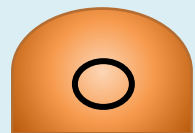
従来の調査枠
による被度測定
および刈取調
査法から



次世代シーケンサーを
用いたアプリコン分析に
よる雑草群集の評価へ

○研究の内容紹介

札幌・帯広から収集した主要雑草種(約50種)から全DNAを抽出し、葉緑体DNAにある可変性領域の塩基配列データベースを構築し、北海道の主要雑草種の識別に有効なPCRプライマーセットを設計した。圃場より収集した雑草の混合サンプルから抽出したDNAを識別プライマーによりPCRで増幅した後、MiSeq (イルミナ社)により塩基配列を読み取り、データベースと照合することにより、サンプル内の雑草種を同定する手法を確立した。また、各DNA断片のカウントデータから、集草内の各種雑草のバイオマス比の推定も可能である。



①集草からサンプルをとり、DNAを抽出

②雑草種識別マーカー領域をPCRで増幅

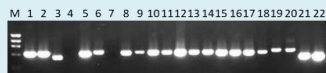
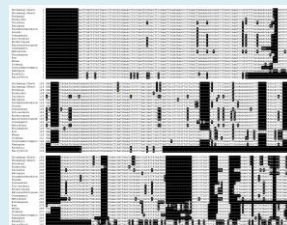


写真: 次世代シーケンサー (NGS) 出典: illumine HP

③MiSeqでPCR増幅産物の塩基配列とコピー数を計測

④シークエンスデータのグループ化とデータベースと照合



⑤カウントデータから雑草種の同定とバイオマスを推定

○社会実装への可能性

1. 次世代シーケンサーの配備した栽培環境データセンターを設置することにより、訓練を受けた評価者の現地調査が必要であった雑草群集の評価が、汎用性の高い機器オペレーターにより研究室内で可能。
2. 各圃場からの集草システムを構築すれば、これまで以上に調査範囲を拡大することが可能となり、1調査地あたりの労力・コストが削減できる。
3. この収集・分析システムを確立は、病虫害や有害外来植物の発生・拡散の迅速な評価などにも応用可能であり、栽培環境データセンターの有効範囲は極めて大きい。

○産業界や自治体等へのアピールポイント

圃場の栽培環境について、従来の土壌環境や養分サイクルの評価に加えて、DNA配列による雑草群集の解析などを用いた総合的な評価を行っています。これらの評価をもとに、より安定した持続的農法についての研究を行っています。