

P30[R]am-283

Curcuma 属植物の葉緑体及びミトコンドリア DNA のハプロタイプについて
西尾 香織¹, ○久島 広晃¹, 南 基泰¹, 山田 一乃², 永井 雅², 佐藤 紀義², 桜井 雍
三³ (¹ 中部大応生, ² 金印, ³ JICA)

<目的>

Curcuma 属植物であるウコン (*C.longa*), キョウオウ (*C.aromatica*), ガジュツ (*C.zedoaria*) 及びクスリウコン (*C.xanthorrhiza*) の4種について PCR 産物の多型を利用した簡易法と塩基配列の多型を利用したシーケンス法の2つの DNA 鑑定法の確立を行い, さらに検出された多型とクルクミン含量の相関関係についても合わせて考察した.

<材料及び方法>

アジア各地から収集された4種26系統の Curcuma 属植物より全DNAを抽出し, PCR 法により葉緑体 DNA 遺伝子および遺伝子間の20領域, ミトコンドリア遺伝子の1領域を増幅し, ダイレクトシーケンス法によって塩基配列を決定した.

<結果>

PCR 産物の種特異的な DNA 多型検出法: *psaA-trnS* 遺伝子間領域及び *rpS14-cob* 遺伝子間領域で多型が認められた. この2領域の併用により4種の識別が可能となった. 塩基配列の違いによる識別法: *trnS* と *trnM* 遺伝子間領域 (*trnSM*) において種特異的な SSR 配列の挿入及び欠失が確認され, ウコン: (AT)₁₂, (AT)₁₀, (AT)₉ 型; キョウオウ: (AT)₇ 型; ガジュツ: (AT)₈ 型の5タイプに分かれ, これら3種の識別が可能であった. 加えて, ウコン種内でも3つのハプロタイプが確認された. この結果は, PCR による多型検出法と一致した. 各ハプロタイプとクルクミン含量を比較した結果, (AT)₁₂ 型: 0-0.71%, (AT)₁₀ 型: 2.82%, (AT)₉ 型: 1.79-5.56% となった. ウコンにはクルクミン含量の異なる系統があり, *trnSM* によって各系統の識別が可能であった.