

[成果情報名]DNA マーカーによるイチゴの連鎖地図作製とイチゴうどんこ病抵抗性に関する QTL 解析
[要約]イチゴ (*Fragaria × ananassa*) 品種「さちのか」と *Fragaria virginiana* の交配集団を供試材料としたイチゴうどんこ病抵抗性に関する QTL 解析 (量的形質遺伝子座解析) の結果、量的形質遺伝子座は連鎖地図上の 3 カ所に存在する。

[キーワード]イチゴ、うどんこ病、連鎖地図、QTL 解析

[担当]宮城農園研・バイオテクノロジー開発部・遺伝子工学チーム

[連絡先]電話 022-383-8131

[区分]東北農業・野菜花き (野菜)

[分類]研究・参考

[背景・ねらい]

イチゴ (*Fragaria × ananassa*) の主要品種は、イチゴうどんこ病 (*Sphaerotheca aphans*) に罹病性のものが多く、抵抗性を有する品種の開発が重要な育種目標になっている。イチゴうどんこ病抵抗性は、主働遺伝子が無く複数の抵抗性遺伝子の集積により抵抗性品種が育成されると考えられているが、関連する報告は少ない。そこで、DNA マーカーによるイチゴの連鎖地図を作製し、QTL (Quantitative Trait Locus: 量的形質遺伝子座) 解析によりイチゴうどんこ病抵抗性に関する量的形質遺伝子座の数と連鎖地図上の位置を調べる。

[成果の内容・特徴]

- 1 . イチゴの連鎖地図は、AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) 法, CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic Sequence) 法, SSR (Simple Sequence Repeat) 法, ISSR (Inter-Simple Sequence Repeat) 法, RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) 法, SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) 法による DNA マーカーで作製している (図 1)。137 個の DNA マーカーによる 30 連鎖群から構成され、全長 1,360cM を網羅している。
- 2 . 3 カ所の QTL が特定でき、それぞれ LG 5 (第 5 連鎖群) の DNA マーカー aag/ctc-2 と A09(500) の区間、LG13 の DNA マーカー dCAPS-1A と F3H-EarI の区間、LG16 の DNA マーカー CAGA500 と aga/caa-5 区間に位置する。(図 1)。各 QTL における表現型分散の割合 (寄与率) は、LG 5、LG13、LG16 のそれぞれで 21%、23%、24% と同程度の値を示し、主働遺伝子は無い。

[成果の活用面・留意点]

- 1 . イチゴうどんこ病罹病性の品種「さちのか」と野生種で抵抗性の *Fragaria virginiana* を交配した F₂ 集団 93 株を供試材料とし、イチゴうどんこ病の発病程度を幼苗検定した結果で QTL 解析を行っている。データ解析ツールはマップメーカーを使用している。
- 2 . イチゴうどんこ病抵抗性に関する QTL が 3 カ所であることは、イチゴうどんこ病抵抗性品種と罹病性品種の組合わせ交配集団を遺伝解析するダイアレル (相互交配) 分析 (齋藤と後藤、1997) の結果とほぼ一致する。
- 3 . イチゴの染色体は 28 本 (2n=8x=56) であることから、連鎖地図は未だ収束には至っていない。さらに連鎖地図を拡大、充実させることで QTL 解析の精度が向上する。
- 4 . QTL に位置する DNA マーカーは、イチゴうどんこ病抵抗性のマーカー選抜技術へ応用できる。

[具体的データ]

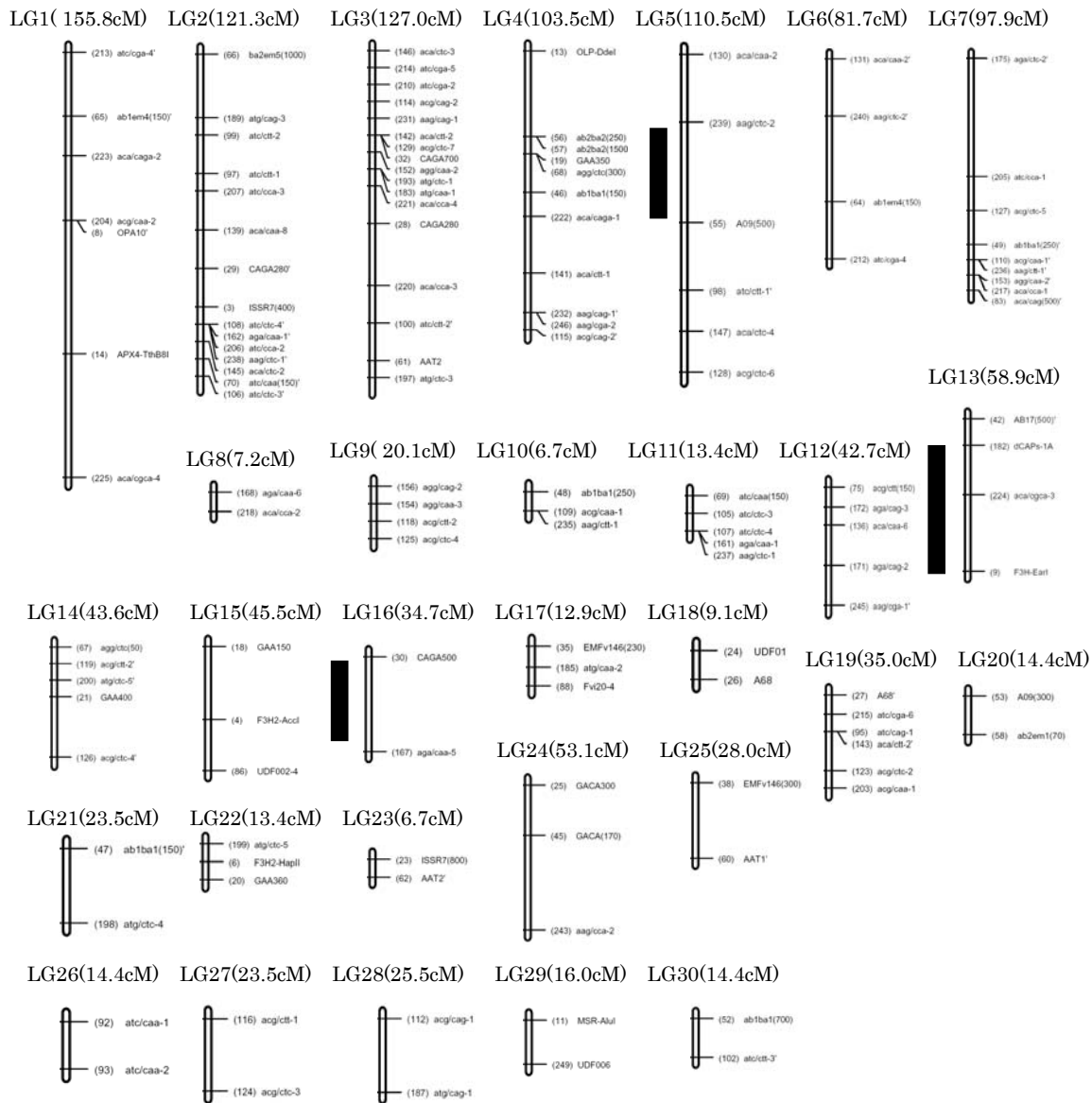


図1 イチゴの連鎖地図上のうどんこ病の発病程度に関する QTL (量的形質遺伝子座) LOD (対数オッズ) 3.0 を閾値とし, は QTL を示す。LG 5、LG13、LG16 のそれぞれで LOD 値は 5.2、5.8、6.0、寄与率は 21%、23%、24%。

[その他]

研究課題名：遺伝子解析による品種識別と病害診断技術の開発

予算区分：県単

研究期間：2004～2008 年度

研究担当者：千葉直樹、板橋建