

サツマイモ品種「ハイスターチ」のサツマイモネコブセンチュウ
 抵抗性遺伝子座判別用DNAマーカーの適用範囲

○田淵宏朗・中山博貴・田中 勝・甲斐由美・高畑康浩
 (九州沖縄農研都城)

【目的】

我々は、サツマイモにサツマイモネコブセンチュウ(以下センチュウ)抵抗性を付与することで、防除のための土壌消毒剤の費用と作業時間および環境負荷を低減させることを目的として、抵抗性品種の簡易選抜のためのDNAマーカー開発を行っている。本研究では「ハイスターチ」の抵抗性遺伝子座近傍のDNAマーカーについてマルチプレックス化を図ると共に、遺伝的背景の異なる品種・系統における表現型とマーカー遺伝子型との対応を調査し、選抜への適用性を検討したのでその結果を報告する。

【材料および方法】

- ・「ハイスターチ」のセンチュウレース1(SP1)
- ・レース2(SP2)への抵抗性遺伝子座(*qRmi(t)*)は同一または極近傍であると推定される(Nakayamaら2012)。*qRmi(t)*近傍のDNAマーカーE33M53_090(以下E33, 103bp)およびE41M32_206(同E41, 63bp), さらにPCR増幅マーカーとしてアクチン(Act, 199bp)をマルチプレックス化してPCRを行い、「ハイスターチ」の後代およびその他の品種・系統の遺伝子型を調べた。
- ・品種・系統の一節苗3~5株に二期幼虫のセンチュウ500頭を接種し, 35日間栽培後, 土を洗い落とし根に付着した卵嚢数を計測した。

【結果および考察】

・DNAマーカーAct, E33, E41のプライマー濃度をそれぞれ0.2μM, 1.5μM, 0.5μMとすることで、一反応で全てのマーカーの遺伝子型の確認が可能となった。マイクロチップ電気泳動装置を併用することで遺伝子型の解析が簡易化・高速化された。

・図に、「ハイスターチ」後代品種・系統のセンチュウレース別抵抗性, DNAマーカー遺伝子型, および, 育成系譜を示す。「ハイスターチ」の後代第一世代「ダイチノユメ」, 第二世代の「九系236」, 第三世代の「コガネマサリ」および「こなみずき」は, E33とE41の遺伝子型が共に"+", かつSP1とSP2への抵抗性が強く, *qRmi(t)*が継承されていることが示唆される。「コナセリ」も同様である。一方, 遺伝的に遠い「ジェイレッド」等はE33やE41の遺伝子型が"-でもSP1やSP2へ抵抗性を示し, 「元気」はE33の遺伝子型が"+でもSP1やSP2への抵抗性がない。その原因として, DNAマーカーと抵抗性遺伝子座間での組換えや, 遺伝子座が異なる抵抗性遺伝子の存在が考えられる。これらのことから, DNAマーカーE33とE41は「ハイスターチ」の後代品種・系統ではSP1やSP2への抵抗性の選抜に利用できるが, それ以外では利用は難しく, 適用範囲は広くないことが分かった。

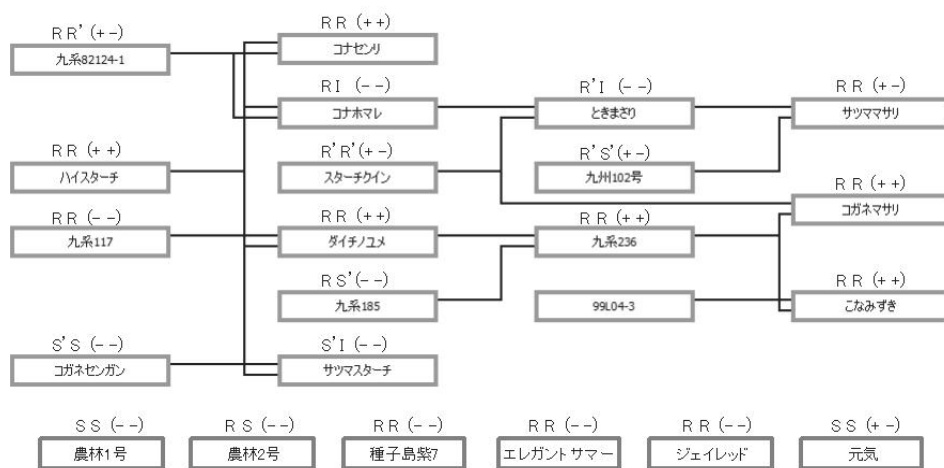


図 「ハイスターチ」後代品種等のセンチュウレース別抵抗性およびDNAマーカー遺伝子型

箱内; 品種・系統名。箱上左-左から; センチュウレースSP1, SP2への抵抗性。卵嚢数の平均値をnとし, n<2を抵抗性強(R), 2≤n<10をやや強(R'), 10≤n<50を中(O), 50≤n<100をやや弱(S'), 100≤nを弱(S)とした。箱上右-左から; DNAマーカー-E33とE41の遺伝子型。+; PCR増幅/バンド有り。-; PCR増幅/バンド無し。99L04-3はデータなし。