

研究成果の紹介

1 イチゴうどんこ病抵抗性の QTL 解析

ねらいと成果

作物育種において、ある特定の形質についてその形質を直接調査することなく、あらかじめ開発しておいた DNA マーカーを用いて選抜を行うマーカーアシスト選抜という技術が実用化しつつある。一方、重要な形質の多くは複数の遺伝子に支配され、それらの DNA マーカー開発のためには QTL（量的形質に関する遺伝子座）解析を行う必要がある。

そこで、イチゴのうどんこ病抵抗性を取り上げ、うどんこ病罹病性品種「とよのか」と本県育成のうどんこ病抵抗性品種「宝交早生」を交配親として用いて QTL 解析を行い、有望な QTL 領域を見いだした。

内 容

QTL 解析を行うためには、あらかじめ DNA マーカーによる連鎖地図を作っておかなければならない。RAPD マーカーを用いて連鎖解析を行い、現在までに「宝交早生」特異的マーカーで18連鎖群（81マーカー）、「とよのか」特異的マーカーで27連鎖群（110マーカー）を得ている。

また、連鎖解析に供試した交雑個体のうどんこ病抵抗性を評価するため、うどんこ病発病指数を調査し、以下の計算式により発病度に換算した。

$$\text{発病度} = (\text{発病指数の平均値}) / 4 \times 100$$

ただし、発病指数は以下の通りとした。

- 4 : 菌そう面積が葉面積の 3 / 4 以上
- 3 : 菌そう面積が葉面積の 1 / 2 以上
- 2 : 菌そう面積が葉面積の 1 / 4 以上
- 1 : 菌そう面積が葉面積の 1 / 4 以下
- 0 : 菌そうなし

これまでに得られた連鎖解析結果と、連鎖解析に用いた個体群のうどんこ病抵抗性検定結果とから Mapmaker/QTL を用いて QTL 解析を行ったところ、有望な QTL 領域が複数見つかった。今回の解析で最も高い効果を有していると思われる QTL はマーカー OPA 09-1 から5.0cM 近辺に認められた。OPA 09-1 を持つ個体群と持たない個体群とに分けてうどんこ病の発病度を集計すると、OPA 09-1 を持つ個体群の平均発病度28.8に対して持たない個体群では50.0となり、この QTL は大きな効果を有していると推定された。

今後の方針

まだ、イチゴの連鎖地図は全染色体領域をカバーするには至っておらず、今回解析した領域外にも有望な QTL が存在する可能性がある。連鎖地図は今後も充実する予定であり、新たな QTL が見つかる可能性が高い。

現在見つかっている QTL に関しては、他の個体を調査するなどしてさらに精度を向上させる。

山元 義久（中央農技・生物工学研究所）

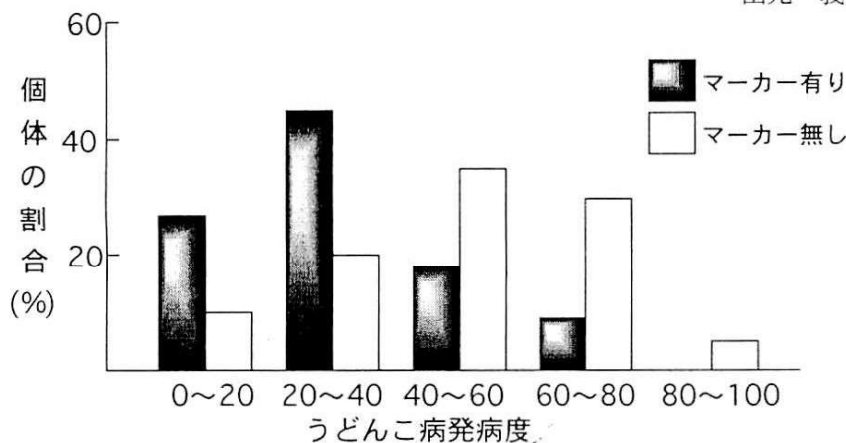


図 DNA マーカー OPA 09-1 によるうどんこ病抵抗性選抜効果