

2 イチゴうどんこ病抵抗性遺伝子に連鎖したDNAマーカーの探索

ねらいと成果

近年、遺伝子組み換えやDNAマーカーなど様々な手法が育種法においても利用されるようになってきている。イチゴの「とよのか」は多くの優れた形質を持っており、広く西日本で栽培されているが、その反面、うどんこ病などに弱いという性質もある。

本研究では昨年度選抜したプライマーを用いてイチゴのうどんこ病抵抗遺伝子に連鎖したDNAマーカーの探索のための一次検定を行った。その結果をもとに連鎖解析を行ったところ、「とよのか」、「宝交早生」ともにいくつかの連鎖が見られた。

内容

RAPD法(ランダム増幅多型DNA)は10個の塩基で構成されたプライマー(通常は20塩基前後)を用いてPCRを行い、特定の遺伝子断片を増幅する方法である。これによりゲノムDNA中の複数の部位から多様なPCR増幅産物を得ることができ、目的の遺伝子断片を含む品種と含まない品種で異なった長さの増幅DNA断片が得られる。これを電気泳動して交雑個体間で多型の分布を調べる。

本研究ではイチゴのうどんこ病罹病性品種「とよのか」とうどんこ病抵抗性品種「宝交早生」および両者の交雑個体群を用い、上記の方法でDNAの多型の分布を調べ、この結果とうどんこ病抵抗性の検定結果をあわせてうどんこ病抵抗性に連鎖したDNAマーカーを探索している。

交雑個体で検定を行ったところ、理論値の1:1に分離しない多型バンドが半数程度あった。これはイチゴの栽培種が高次倍数体のためである。そこで、一次検定として交雑個体40個体で多型を検出し、1:1に分離するものについて他の個体の検定を行うことにした。現在までに昨年度選抜したプライマー103種類のうち55種類のプライマー、157種類のバンド

(「とよのか」特異的バンド81種類、「宝交早生」特異的バンド76種類)について一次検定を終えている。(図1)この結果をもとに連鎖解析を行ったところ、「とよのか」で3連鎖群、「宝交早生」で7連鎖群見つけた。

今後の方針

現在も引き続きうどんこ病抵抗性遺伝子に連鎖したDNAマーカーの探索を行っている。今後は、別の交雑個体40個体を使った二次検定を予定しており、その結果を連鎖解析して、連鎖群をつくる。最終的にはうどんこ病検定試験の結果とあわせてDNAマーカーが見つければ、大量の幼苗から短時間にうどんこ病抵抗性株のみが選抜できるようになる。最終的にはうどんこ病抵抗性品種の選抜に活用する予定である。

玉木 克知(中央農技・生物工学研究所)

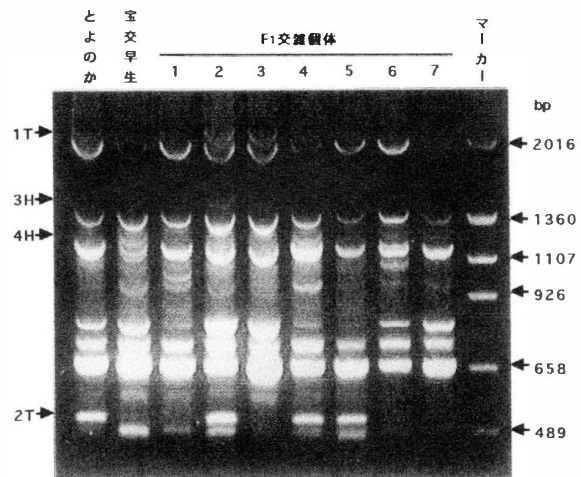


図1 「とよのか」×「宝交早生」F₁交雑個体に対するRAPDの一例

プライマー:OPC06
1T, 2T:「とよのか」特有のバンド
3H, 4H:「宝交早生」特有のバンド