

あじさいの八重咲き性と手まり咲き性を 識別する DNA マーカーの開発

1. 成果の要約

あじさい遺伝子地図を作成した、きらきら星（八重・がく）×フラウヨシミ（一重・手まり）F₂ 集団を用い、八重咲き性遺伝子および手まり咲き性遺伝子について、遺伝子地図上の位置を推定した。また、八重咲き性については適合率 98.7%（遺伝距離 1.1cM）、手まり咲き性については同 96.1%（5.8cM）ならびに 92.7%（14.2cM）で識別可能な DNA マーカーを開発した。

2. キーワード

きらきら星、フラウヨシミ、F₂ 集団、遺伝子地図、連鎖解析

3. 試験のねらい

あじさいの八重咲き性および手まり咲き性は、それぞれ単一遺伝子に制御された劣性形質である。また、開花に約 2 年を要することも交雑育種の年限を長くしている要因となっている。そこで育種を迅速かつ効率的に進めるため、両形質を識別する DNA マーカーを開発する。

4. 試験方法

遺伝子地図作成に供試した、きらきら星×フラウヨシミ F₂ 集団 93 個体のうち、開花した 88 個体の八重咲き性および手まり咲き性を調査した。八重咲き性遺伝子および手まり咲き性遺伝子の遺伝子地図上の位置を推定するため、88 個体の表現形質調査結果と 93 個体の DNA マーカーの多型解析結果を供試し、連鎖解析を行って両形質を識別する DNA マーカーを選抜した。

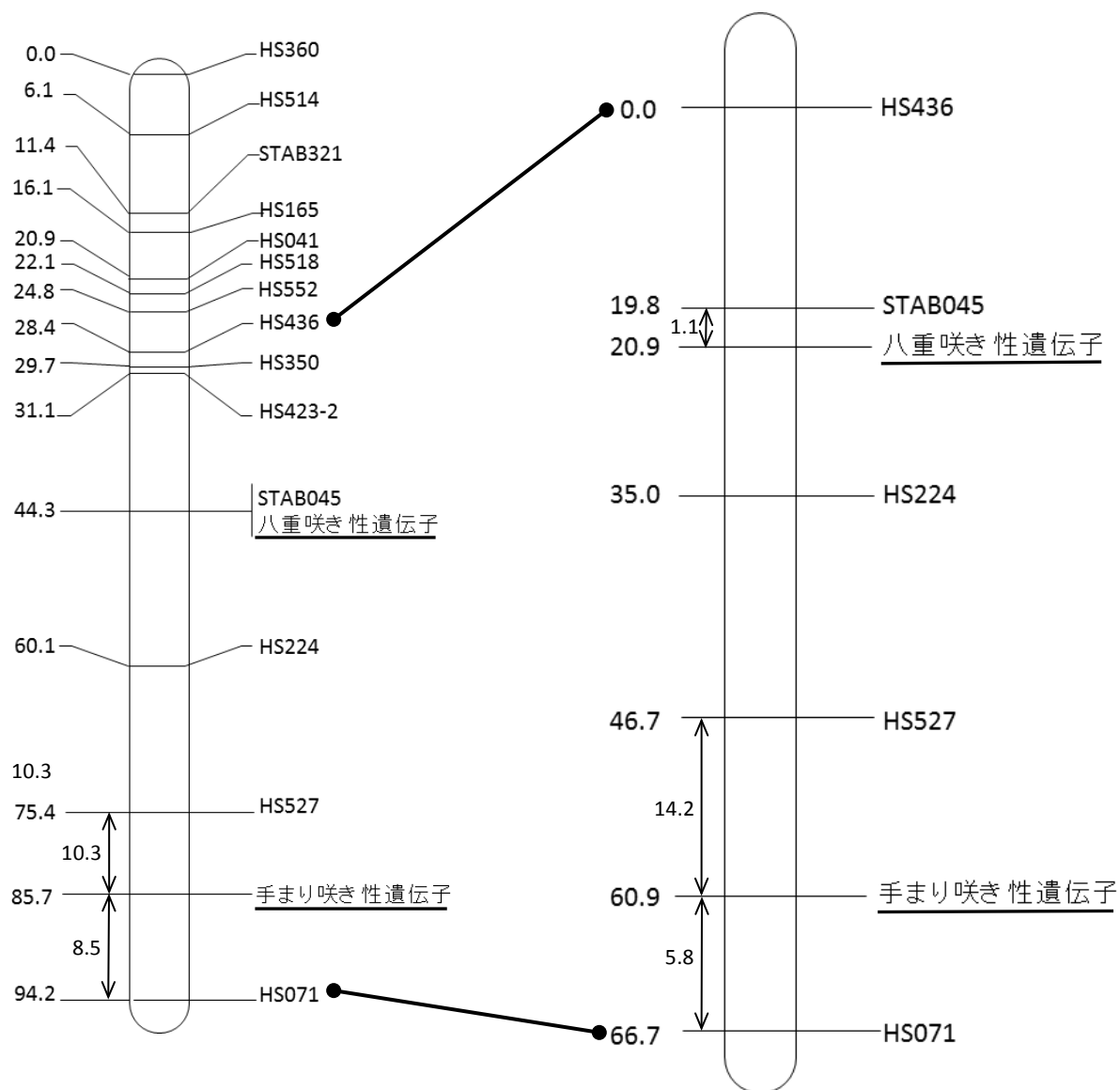
さらに詳細な解析を行うため、遺伝子地図作成の際には供試しなかった、きらきら星×フラウヨシミ F₂ 集団 366 個体を追加し、両形質の調査とそれらを制御する遺伝子近辺の 5 種類の DNA マーカー(HS436、STAB045、HS224、HS527、HS071)について多型解析を行った。このうち、表現形質データおよび多型データの両方が取得できた個体を供試して連鎖解析を行い、八重咲き性遺伝子および手まり咲き性遺伝子近辺のより正確な遺伝子地図を作成するとともに、両形質を識別する精度（適合率）を検討した。

5. 試験結果および考察

- (1) F₂ 集団 93 個体による連鎖解析の結果、八重咲き性遺伝子は第 4 連鎖群の DNA マーカー STAB045 と同じ位置に位置付けられた。また、手まり咲き性遺伝子は第 4 連鎖群 HS527 と HS071 に挟まれて位置付けられ、遺伝距離はそれぞれ 8.5cM、10.3cM と推定された（図-a）。
- (2) F₂ 集団の新たな 366 個体について、両形質を制御する遺伝子周辺の 5 種類の DNA マーカーを供試し、計 459 個体の DNA 多型データを得た。これらのうち、八重咲き性について 388 個体、手まり咲き性について 385 個体の表現形質データが得られた。
- (3) 多型データと表現形質データが得られた 388 個体について連鎖解析を行った結果、八重咲き性遺伝子は STAB045 から HS224 側 1.1 cM に位置付けられた。手まり咲き性遺伝子は HS071 から 5.8 cM、HS527 から 14.2 cM に位置付けられた（図-b）。
- (4) F₂ 集団 388 個体における各 DNA マーカーの適合率は、八重咲き性では STAB045 が 98.7%（遺伝距離 1.1cM）、手まり咲き性では HS071 が 96.1%（遺伝距離 5.8cM）、HS527 が 92.7%（遺伝距離 14.2cM）となり、育種現場で利用可能な DNA マーカーが開発できた。

（担当者 研究開発部 生物工学研究室 阿久津翠、和氣貴光*、生井潔、花き研究室 小玉雅晴）

* 現塩谷南那須農業振興事務所



a. 第4連鎖群 遺伝子地図
(供試個体数 93 個体・表現形質 88 個体)

b. 第4連鎖群における遺伝子近辺の
正確な遺伝子地図
(供試個体数 388 個体)

図 遺伝子地図上の八重咲き性遺伝子および手まり咲き性遺伝子の座乗位置

注) 染色体をバーで表し、左に遺伝距離 (cM)、右に遺伝子およびマーカー名を示す。