

ムギ類萎縮病抵抗性 QTL の検出

1. 成果の要約

ムギ類萎縮病抵抗性品種を効率的に育種するための DNA マーカー開発を目的とし、はるな二条/野生種 H602 の連鎖地図 (Sato et al., 2009) を用いて、萎縮病抵抗性について量的形質遺伝子座 (QTL) 解析を行った。その結果、2 番染色体短腕の末端 (0~12.6cM) に 5%水準で有意な QTL が検出された。

2. キーワード

ムギ類萎縮病、抵抗性品種、QTL 解析

3. 試験のねらい

ムギ類萎縮病は土壌伝染性のウイルス病で、防除には抵抗性品種の作付けのみが有効とされている。本県の育成品種「とちのいぶき」は本病に罹病性で、将来的に問題となる可能性があるが、抵抗性遺伝子に関する研究はほとんど行われていない。そこで、ムギ類萎縮病抵抗性の DNA マーカーを開発するため、ムギ類萎縮病抵抗性の QTL を調査する。

4. 試験方法

供試系統には、はるな二条(抵抗性)/野生種 H602 (罹病性)の半数体倍化系統 (93 系統) を用いた。各供試系統のムギ類萎縮病に対する表現形質は、各系統 1 個体を平成 23 年に 1 反復、平成 24 年に 2 反復供試し、ウエスタンブロットによるウイルス検出により 1 度でも検出された系統は罹病性と評価した。はるな二条/野生種 H602 の連鎖地図および半数体倍化系統のタイピング情報 (Sato et al., 2009) と抵抗性評価データを基に QTL 解析を行った。解析ソフトは QTL Cartographer Version 2.5 を用い、解析方法は Composite Interval Mapping 法を用いた。

5. 試験結果および考察

- (1) Permutation test (5%水準、1000 反復)により、QTL が存在する LOD の閾値を 3.1 に決定した(図)。
- (2) 麦類萎縮病抵抗性に関する QTL 解析の結果、2 番染色体短腕の末端 (0~12.6cM) に QTL が検出された (図)。
- (3) QTL には 9 つの DNA マーカーが存在し、寄与率は 16~19%、相加効果は 0.2 であった(表)。
- (4) 検出された QTL の寄与率が低かった原因として、1 系統あたりの供試個体数が少なく、環境変動が大きかったことが考えられる。また、寄与率が低いことによって、効果の小さい QTL を検出できていない可能性がある。より正確な QTL 解析を行うためには、1 系統あたりの個体数を増やし、再度形質評価を行う必要がある。

(担当者 研究開発部 生物工学研究室 岡田香織、和氣貴光、生井潔 麦類研究室 加藤常夫)

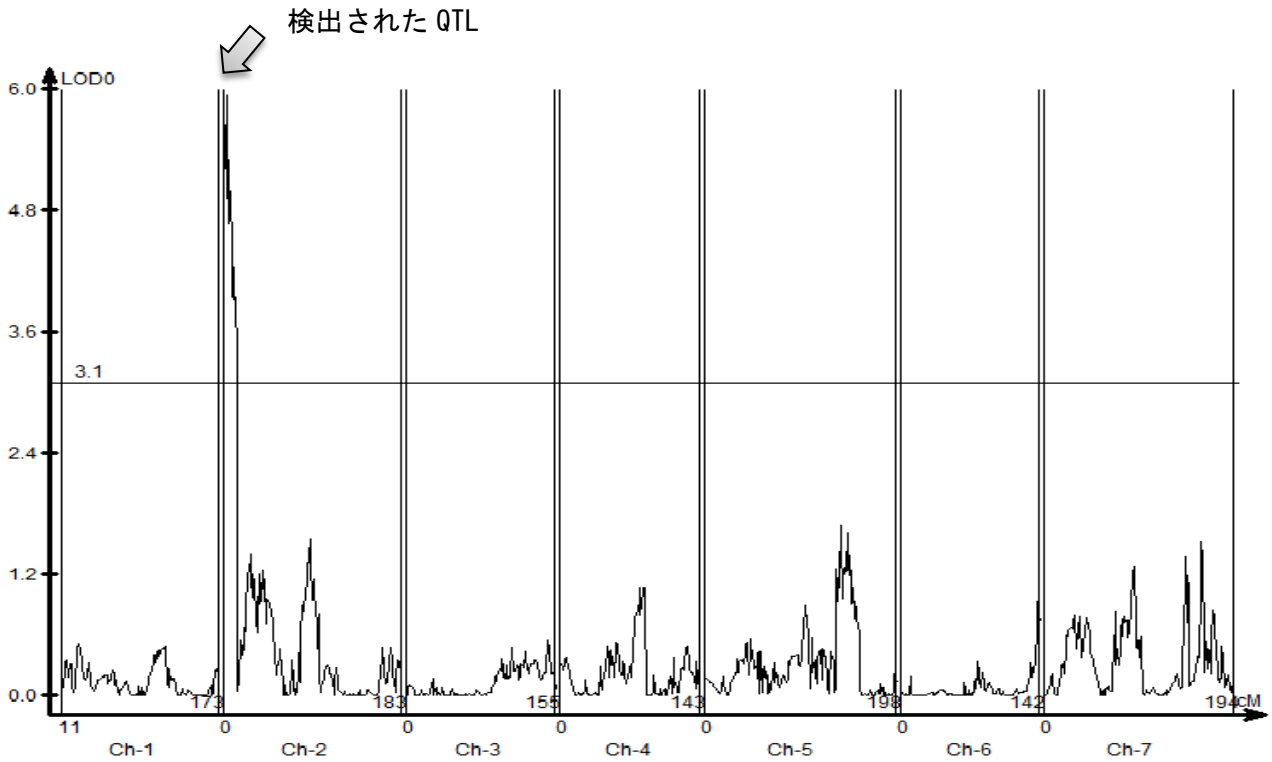


図 ムギ類萎縮病抵抗性 QTL 解析結果

Ch1-7 は、それぞれオオムギの 7 本の染色体を示す

表 2 番染色体 QTL にある DNA マーカーの概要

マーカー名 ^{注1)}	位置 ^{注2)} cM	LOD値 ^{注3)}	寄与率 %	相加効果
EST clone_bags37p19	0.0	5.2	17	0.2
EST clone_baal19p17	0.9	5.6	18	0.2
EST clone_basd18b14	1.9	4.9	16	0.2
Unigene_2582	2.8	5.9	19	0.2
EST clone_baak41n22	3.6	4.6	16	0.2
Unigene_1570	4.1	5.2	17	0.2
EST clone_baal33a18	8.3	3.9	14	0.2
EST clone_bags39d07	10.2	3.9	13	0.2
Unigene_3452	11.5	3.7	13	0.2

注1) マーカー名には、マーカー作成に用いた EST clone 名あるいは Unigene を表記している。

注2) 2 番染色体短腕末端からの距離を表す。

注3) LOD 値とは、抵抗性遺伝子と連鎖していると仮定した場合の尤度と、連鎖していないと仮定した場合の尤度の比の常用対数を取ったものである。Permutation test で決定した LOD 値の閾値は 3.1 であり、LOD 値がこの閾値より高ければ、5%水準で QTL が有意に検出されたとする。