

# あじさい遺伝子地図の作成

## 1. 成果の要約

あじさい八重咲き性品種きらきら星と一重咲き性品種フラウヨシミのゲノム DNA 配列の一部を解読して DNA マーカーを設計し、F<sub>2</sub>集団を用いた多型解析を行った。その結果をもとに連鎖解析を行い、146 個の DNA マーカーが 19 の連鎖群に位置付けられたあじさい遺伝子地図(全長 974.4cM)を作成した。

## 2. キーワード

きらきら星、フラウヨシミ、F<sub>2</sub>集団、DNA マーカー、連鎖解析

## 3. 試験のねらい

八重咲き性の新品種きらきら星の育成により、県内のあじさい栽培が活性化されている。これを更に加速化するためには、品種のバリエーションを増やし、農家にとって魅力ある品目に育て上げる必要がある。一方で、あじさいは播種から開花までに約 2 年を要する。また、重要形質である八重咲き性や手まり咲き性は劣性形質であり、これらの表現型を得るには世代を進めるなど時間を要する。そこで、様々な有用形質を識別する DNA マーカーを開発し、あじさい育種の飛躍的な効率化を図るため、その基盤となる遺伝子地図を作成する。

## 4. 試験方法

次世代シーケンサーを用いて、八重咲き性品種きらきら星と一重咲き性品種フラウヨシミのゲノム DNA 配列の一部を解読し、DNA プライマーを設計した。それらを用いて PCR を行い、両品種(両親)で異なる増幅産物(多型)が検出され、かつきらきら星×フラウヨシミ F<sub>1</sub>個体に遺伝しているものを選抜した後、その F<sub>2</sub>集団 93 個体での多型を確認した。F<sub>2</sub>集団で検出された多型は遺伝子地図を作成するための DNA マーカーとし、連鎖解析を行って遺伝子地図を作成した。

## 5. 試験結果および考察

- (1) ゲノムシーケンスの結果、きらきら星から 13.1Gb(131 億塩基)、フラウヨシミからは 1.6Gb の DNA 配列情報を取得した。フラウヨシミから得られた DNA 配列情報はきらきら星と比較すると少なかったため、きらきら星の DNA 配列情報を参照配列として、多型が検出されると推定されたプライマー 768 ペアを設計した。
- (2) 設計したプライマーを供試し両親および F<sub>1</sub>個体を PCR 増幅した結果、増幅が不十分、両親間での多型が無い、多型が F<sub>1</sub>個体に遺伝していないなどの不適切なプライマーを除くと、F<sub>2</sub>集団の多型解析に利用できるプライマー 235 ペアが得られた。さらに、一度に複数のプライマーによる解析が可能であるプライマーを選抜し、178 ペアを F<sub>2</sub>集団の多型解析に供試した。
- (3) F<sub>2</sub>集団 93 個体の多型を解析した結果、156 ペアのプライマーで多型が得られた。これらの多型を遺伝子地図を作成する DNA マーカーとして連鎖解析を行った結果、146 個の DNA マーカーが 19 連鎖群に位置付けられ、全長 974.4cM、マーカー間の平均遺伝距離 6.7cM の遺伝子地図が作成できた(表、図)。

※本研究は農研機構野菜花き研究部門、果樹茶業研究部門、宇都宮大学との共同研究により行ったものである。

(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)

\*現塩谷南那須農業振興事務所

表 あじさい遺伝子地図の概要

マーカー数	連鎖群数	全長	平均マーカー間距離
146	19	974.4cM	6.7cM

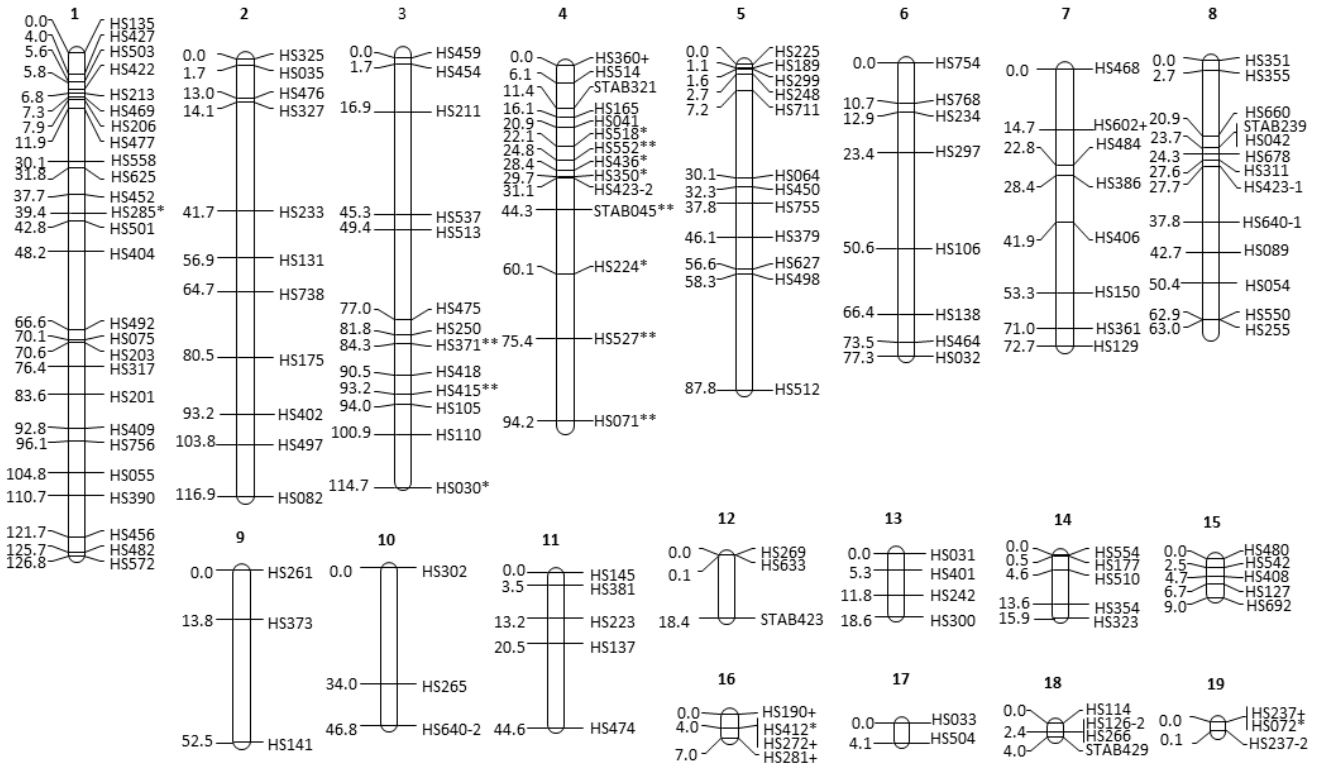


図 きらきら星×フラウヨシミ F<sub>2</sub> 集団の遺伝子地図

注) 染色体をバーで表す。左側に遺伝距離 (cM)、右側にマーカー名を示す。

+は 10% 水準、\*は 5% 水準、\*\*は 1% 水準においてそれぞれ  $\chi^2$  検定で有意な差が認められたものを示す。