

# イチゴ萎黄病耐病性を判別する DNA マーカーの開発

## 1. 試験のねらい

イチゴ萎黄病はいちごの最重要病害の一つであり、土壌伝染性で防除が難しいため、耐病性品種開発への期待は大きい。しかし、耐病性品種開発のためには、病原菌接種による耐病性検定等に多大な労力を要する。さらに、環境要因によって検定結果に誤差が生じる可能性もある。そこで、イチゴ萎黄病耐病性を判別する DNA マーカーを開発し、萎黄病耐病性品種開発の効率化を図る。

## 2. 試験方法

### (1) 解析集団の作製と耐病性検定

マーカー開発のための解析集団として、イチゴ萎黄病感受性品種とちおとめと耐病性品種アスカウェイブを交配した F<sub>1</sub> 集団を作製した。得られた F<sub>1</sub> 集団、および親品種のランナーから、培養苗を作製した。培養苗を水耕栽培によって育成し、イチゴ萎黄病菌を接種して、それぞれの系統の発病度を調査した。

### (2) マーカーの収集と連鎖解析

AFLP 法、SSR 法によって、F<sub>1</sub> 集団から DNA マーカー情報を収集し、いちごの連鎖地図を作成した。また、作成した連鎖地図と F<sub>1</sub> 集団の発病度データを用いて QTL（量的形質遺伝子座）解析を行い、耐病性遺伝子が存在する DNA 領域を特定した。

### (3) マーカーの高精度化と汎用性の確認

QTL 解析で特定された、耐病性に連鎖している DNA マーカー近辺の塩基配列を解読し、萎黄病耐病性を判別するための特異的プライマーを設計した。また、そのプライマーを用いて、主要なイチゴ萎黄病耐病性品種から DNA マーカーを検出した。

## 3. 試験結果および考察

- (1) 作成した連鎖地図を用いて QTL 解析を行った結果、アスカウェイブの連鎖地図上に、効果の高い QTL 領域が 1 か所検出された。
- (2) 検出された QTL 領域の近傍の AFLP マーカー (AA300) を F<sub>1</sub> 集団で検出した結果、マーカーを保有している系統は発病度が低く抑えられていた (図-1)。
- (3) AFLP マーカー (AA300) 近辺の塩基配列を解読し、プライマーの再設計を行い、アスカウェイブの萎黄病耐病性遺伝子の有無を判別できる特異的マーカーを開発した (図-2)。
- (4) 開発した耐病性判別特異的マーカーを、様々なイチゴ萎黄病耐病性品種、系統から検出した結果、アスカウェイブと同じ耐病性遺伝子 (福羽由来と推定) を持つと考えられる品種、系統の全てからマーカーが検出された (表)。そのため、この耐病性遺伝子を持つ品種、系統を親に用いた全ての集団で、耐病性個体の選抜が可能と考えられた。

## 4. 成果の要約

今回開発した DNA マーカーは、イチゴ萎黄病耐病性を高精度に判別でき、選抜マーカーとして有効である。また、アスカウェイブと同じ耐病性遺伝子を持つ品種、系統の萎黄病耐病性の判別に適用できると考えられる。

(担当者 生物工学部 遺伝子工学研究室 飯村一成\*) \*現 栃木県農業大学校

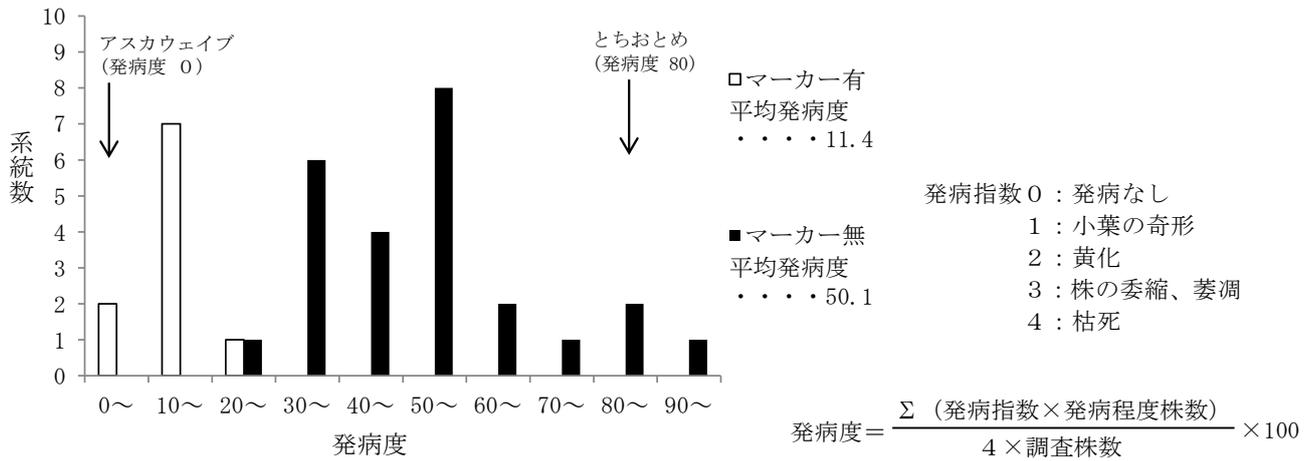


図-1 マーカー(AA300)の有無による発病度の違い

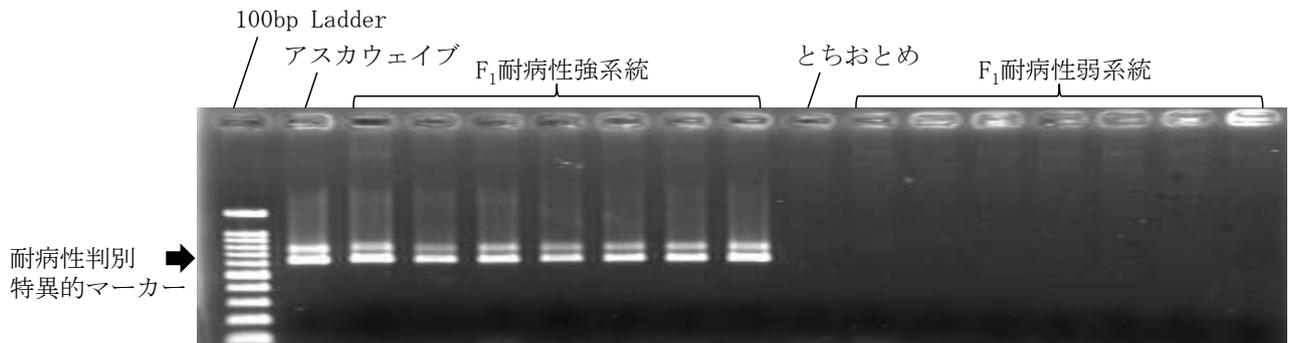


図-2 耐病性判別特異的マーカーの検出例

表 萎黄病耐病性品種、系統における耐病性判別特異的マーカーの有無

品種、系統	交配組合せ	マーカーの有無		
		○ : マーカー有	× : マーカー無	
アスカウェイブ	52-1-32* × 50-2-2*	○		アスカウェイブと同じ耐病性遺伝子を持つと推察される品種、系統
05-108-88**	とちおとめ × アスカウェイブ	○		
栃木素材 2 号	00-16-2** × 久留米 58 号	○		
はつくに	うずしお × 47-1-12*	○		
芳玉	福羽の自然実生	○		
福羽	General chanzy 実生	○		
久留米 58 号	はつくに × てるのか	○		
栃木 21 号	99-33-2** × 章姫	×		
栃木 24 号	97-77-1** × とねほっぺ	×		
栃木 25 号	栃木 24 号 × 00-25-1**	×		
001-16R	不明	○		
アイストロ	((リンダモール × クルズ) × 女峰) × 麗紅	×		
久留米 55 号	さちのか × (とよのか × てるのか)	×		
久留米 59 号	さつまおとめ × いちご中間母本農 1 号	×		

\*奈良県育成系統 \*\*栃木県育成系統