

# DNAマーカーによるにら交雑個体の選抜

## 1. 試験のねらい

にらは単為生殖性を有するため、交配して得られる種子のほとんどは母親と全く同じ遺伝子型となる。一方、にらは播種後2年目にならないと正確な特性が把握できない。これらのことからにらの交雑育種は、2年間はほ場で選抜ができないため、集団の大部分を非交雑個体が占めており、著しく非効率となっている。そこで、育種の効率化を図るため、DNAマーカーを用いて交雑個体を早期に選抜する方法について検討した。

## 2. 試験方法

材料は平成9、10年に交配したにら16組合せ940個体(表-1)を供試した。交配によって得られた種子をセルトレーに播種して約2か月後、第3葉が展開した植物体の葉身約10mgを用いて簡易抽出法(SDS法)によってDNAを抽出した。得られたDNA溶液を用い、無作為な塩基配列を持つランダムプライマーを用いてDNA断片の増幅反応(RAPD法)を行った。

交雑の判定は、RAPD法を用いて種子親(母親)と花粉親(父親)のDNA増幅パターンを比較して花粉親のみが持つDNAマーカーを選定し、供試個体はそのDNAマーカーを持っていれば交雑個体とした(図-1)。なお、3種類のDNAマーカーを用いて判定を行い交雑検定の精度向上を図った。

## 3. 試験結果および考察

(1) 供試した16組合せ940個体中203個体が交雑個体と判定され、ほ場に定植する個体数を1/4以下に減少させることができた(表-1)。この結果から、DNAマーカーによるにら交雑個体の選抜法が確立され、育種の効率化が図れた(図-2)。

(2) 供試した16組合せのうち漢中冬ニラa/南京791および漢中冬ニラa/中国ニラaの2組合せは、それぞれ供試した38個体、60個体全ての交雑が確認され(表-1)、漢中冬ニラaは完全に有性生殖を行う系統であることが示唆された。この系統は単為生殖性を解析する重要な材料であり、有効な交配母本と考えられた。また、漢中冬ニラa以外の花粉親に用いた6品種・系統は、0~25.8%の交雑率と推定され単為生殖性を有した。

## 4. 成果の要約

にらにおいて苗の段階でDNAマーカーを用いた交雑個体の早期選抜が可能となり、ほ場に定植する個体数を1/4以下に減少させることができ、育種の効率化が図れた。また、完全に有性生殖すると思われる系統「漢中冬ニラa」が見出されたため、単為生殖性の解明や重要な育種母本として利用できる。

(担当者 遺伝子工学研究室 生井潔、中澤佳子)

表 - 1 DNAマーカーによる交雑率の推定

組合せ	供試 個体数	交雑確認 個体数	推定交雑 率(%)
中国ニラa/成都	107	27	25.2
中国ニラa/朝鮮	66	12	18.2
中国ニラa/漢中冬ニラa	52	5	9.6
成都/中国ニラa	115	18	15.7
成都/南京791	105	14	13.3
成都/漢中冬ニラA	24	5	20.8
朝鮮/中国ニラa	13	1	7.7
朝鮮/南京791	140	4	2.9
南京791/成都	22	0	0.0
南京791/朝鮮	71	4	5.6
南京791/漢中冬ニラa	55	1	1.8
漢中冬ニラa/南京791	38	38	100.0
漢中冬ニラa/中国ニラa	60	60	100.0
漢中冬ニラA/中国ニラa	20	4	20.0
漢中冬ニラA/成都	21	2	9.5
たいりょう/朝鮮	31	8	25.8
合計	940	203	-

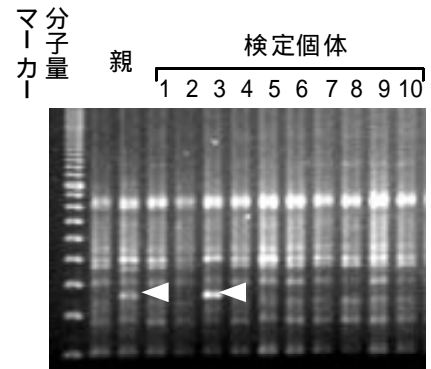


図 - 1 DNAマーカーによる交雑検定

花粉親特異的なDNAマーカー（図中の矢印）を検定個体がもっていれば交雑個体と判定する。この場合、検定個体3のみが交雑個体。

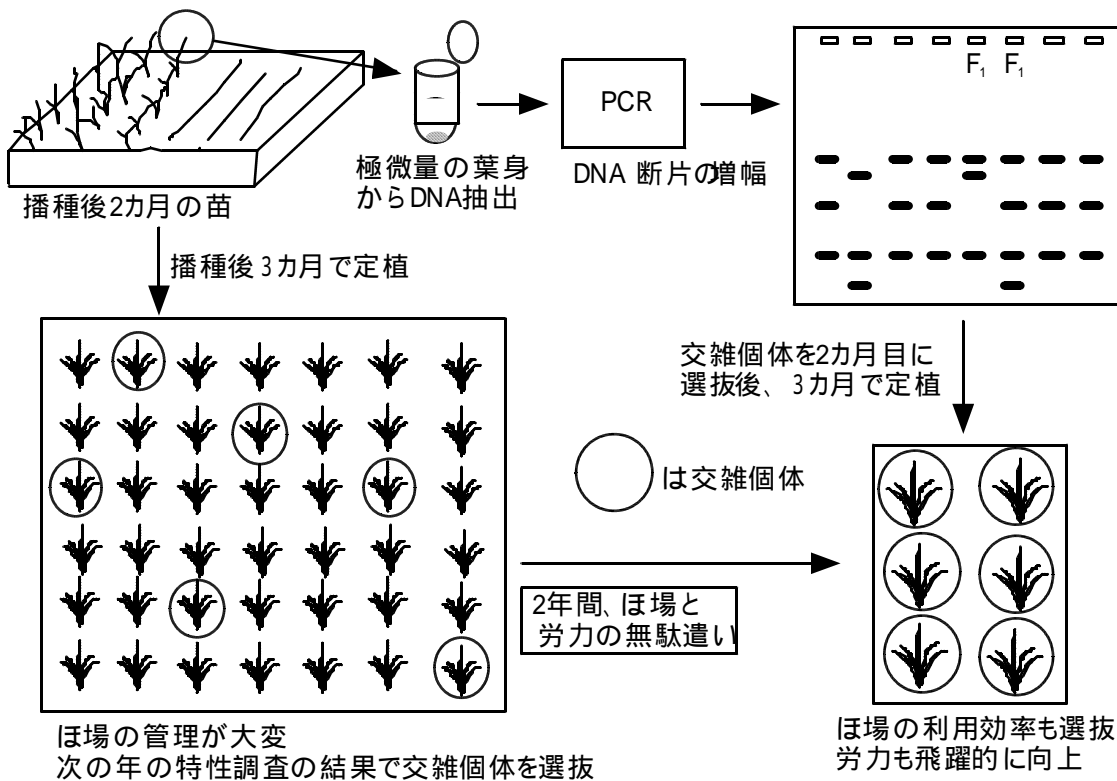


図 - 2 DNAマーカーを用いたら育種の効率化