

「アブラナ科植物の自家不和合性程度を制御する QTL」

農業・食品産業技術研究機構 野菜茶業研究所 畠山勝徳

SSR マーカーを主とするハクサイ類の連鎖地図を構築した。虫媒受粉法によってハクサイ類の自家不和合性程度を評価し、高レベルの自家不和合性形質には異なる連鎖群に存在する少なくとも 3 つの QTL が関与することを明らかにした。

【研究の背景とねらい】

アブラナ科野菜の F₁ 種子生産に利用される自家不和合性は完全なものではなく、ほとんど自殖種子を結実しない安定したものから、様々な要因で容易に自殖種子を結実する不安定なものまである。これらの違いは自家不和合性程度と呼ばれ、F₁ 種子純度に直接影響する形質である。高レベルの自家不和合性に連鎖する分子マーカーを開発できれば、種子純度を著しく向上しうる F₁ 種子生産技術の開発につながる。そこでハクサイ類 (*Brassica rapa*) における本形質の QTL 解析を行った。

【研究の成果】

1) Ka1-22 (高レベル自家不和合性) と Ha1-400 (低レベル自家不和合性) を両親とする F₂ 集団を用いて、104 個の SSR マーカー、8 個の SNP/Indel マーカーが座乗する 10 連鎖群からなるハクサイ類の連鎖地図を構築した(図)。

2) ハクサイ類の高レベル自家不和合性形質に関与する 3 つの QTL (*BrHLSI-1*, *2*, *3*) を検出した(図)。このうち *BrHLSI-1*, *2* については、Ka1-22 の対立遺伝子が高レベル自家不和合性形質に関与していた(表)。

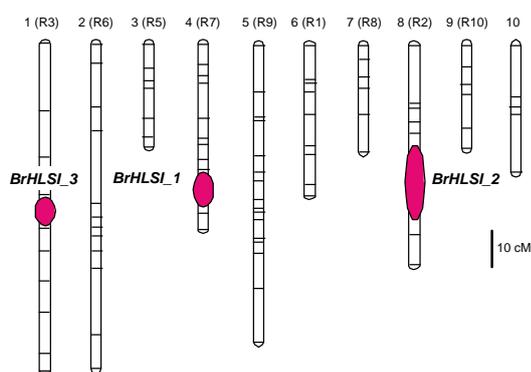


図 ハクサイ類連鎖地図と高レベル自家不和合性 QTL

表 QTL 近傍マーカーの遺伝子型と F₂ 個体の結実率

QTL	連鎖群	近傍マーカー	遺伝子型	結実率 (平均値±SE)
<i>BrHLSI-1</i>	4	BRMS-298	AA	27.7±2.27
			AB	31.6±1.57
			BB	40.6±2.20
<i>BrHLSI-2</i>	8	a1g55360	AA	25.5±2.55
			AB	33.0±1.49
			BB	41.8±2.55
<i>BrHLSI-3</i>	1	H100C15F	AA	39.7±2.64
			AB	32.4±1.51
			BB	28.0±2.24

AA: Ka1-22(高レベル自家不和合性親)の遺伝子型
BB: Ha1-400(低レベル自家不和合性親)の遺伝子型
結実率が低い個体が高レベル自家不和合性と評価される

「形態・生理」課題名：アブラナ科植物における安定自家不和合性形質に連鎖する分子マーカーの開発と柱頭特異的遺伝子の機能解析

問い合わせ先：野菜茶業研究所野菜育種研究チーム (E-mail: www-vegetea@naro.affrc.go.jp)