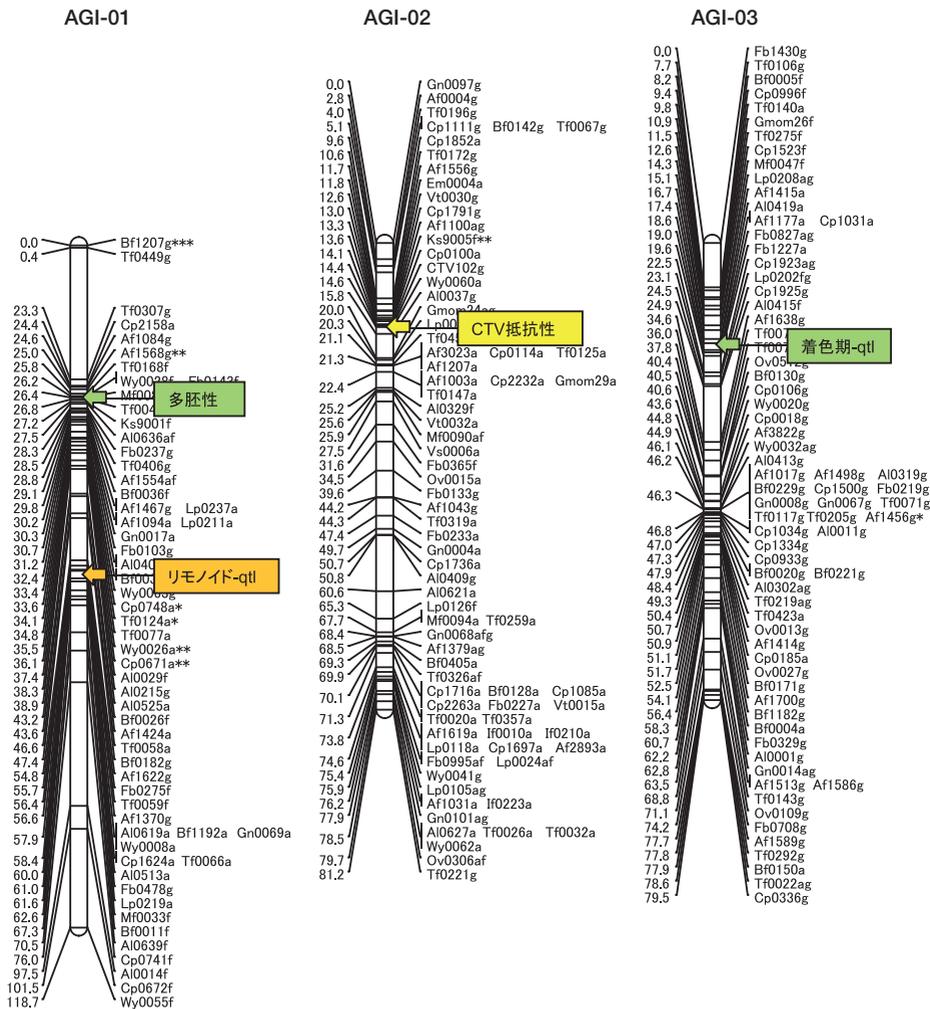


果樹研究の バイオインフォマティクス



監修・編集 藤井 浩

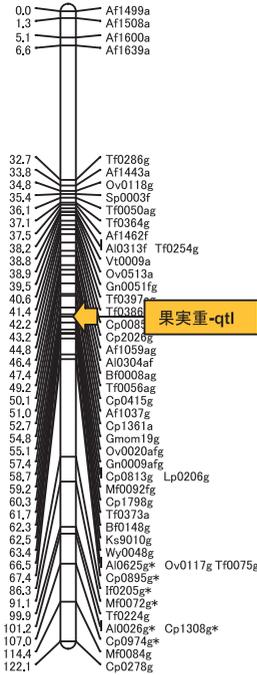




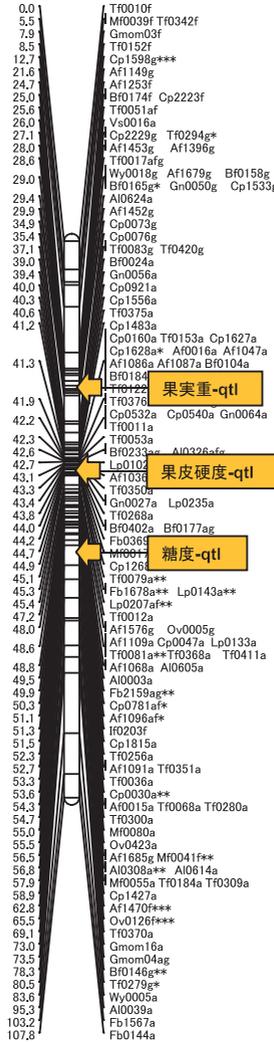
口絵2-1-2 EST由来のマーカーによる‘興津46号’ (A255) × ‘中間母本農5号’ (G434)の統合遺伝地図と形質マッピング

AG集団における分離形質の座位は図中の橙色で示す。緑色、黄色及び青色は、それぞれ‘清見’ × ‘宮川早生’、‘中間母本農8号’ (カラタチ雑種) × ‘シャミーズ・アシッドレス’、及び‘清見’ × ‘興津41号’の集団でマッピングされた形質遺伝子座を周辺の共通するSTS座の配置からAG地図上に推察し、統合した。なお、‘-qt1’を付したものは量的形質のうち、インターバルマッピングで検出されたQTL領域の中央部を示す。

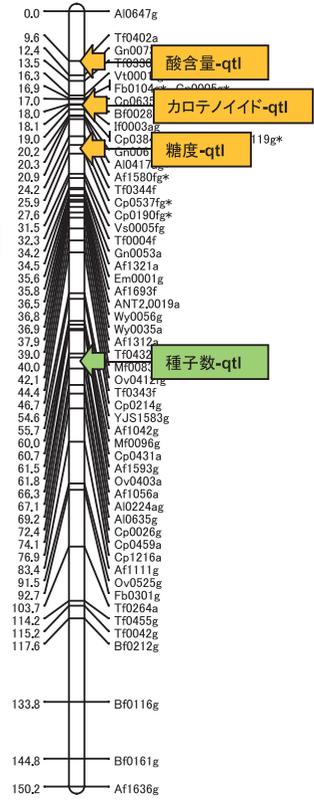
AGI-04



AGI-05



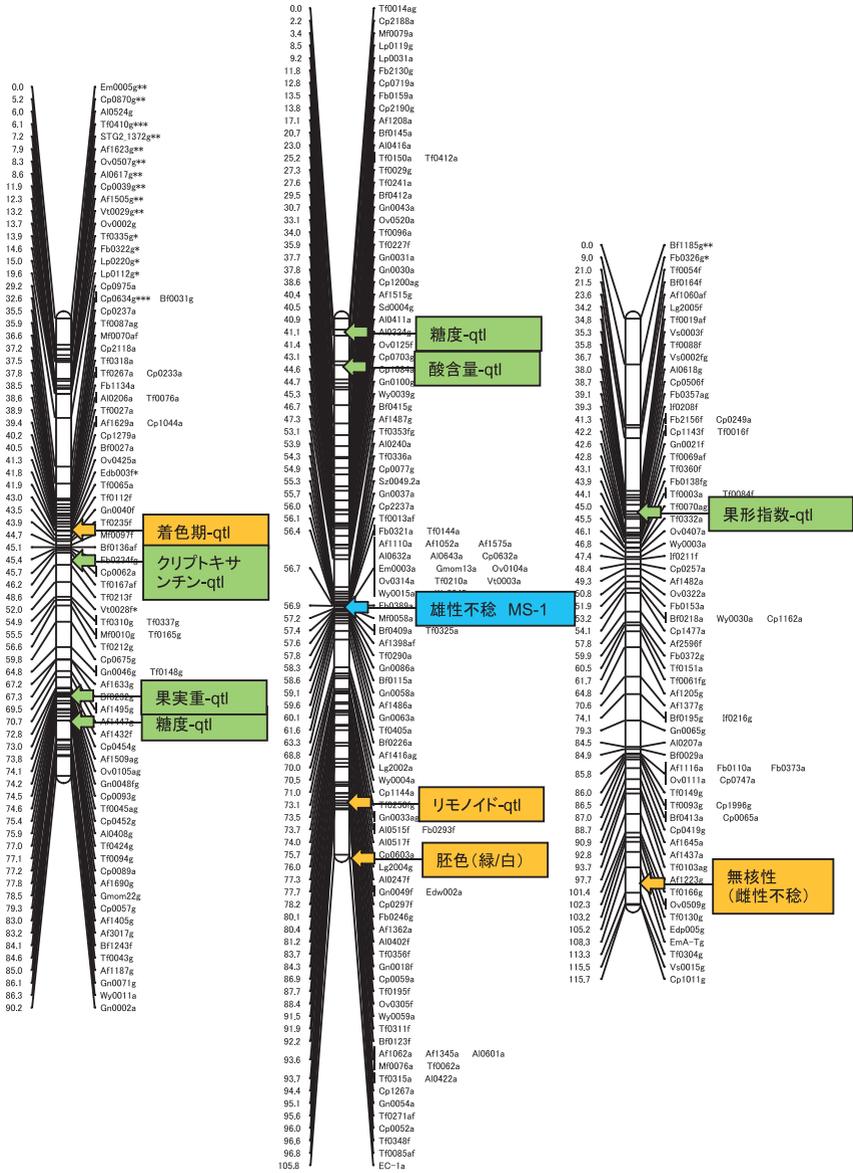
AGI-06

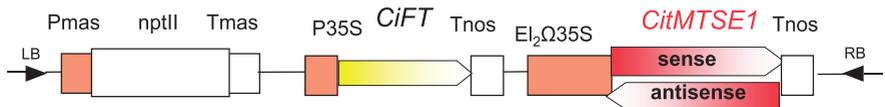


AGI-07

AGI-08

AGI-09



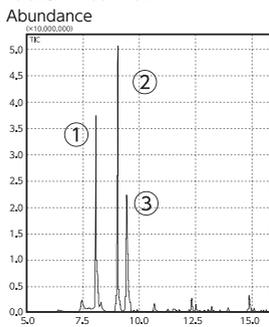


口絵2-5-1 *d*-リモネン合成酵素遺伝子と早期開花性遺伝子を共発現させる*CiFT*共発現ベクターのベクターコンストラクト

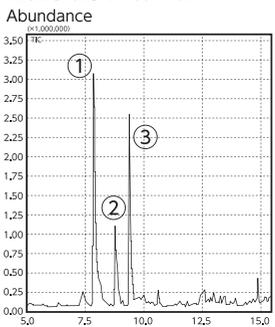
CitMTSE1 : ウンシュウミカンの*d*-リモネン合成酵素遺伝子1, *CiFT* : ウンシュウミカン由来のFlowering time遺伝子, Pmas : マノピン合成酵素遺伝子のプロモーター, nptII : カナマイシン耐性遺伝子, Tmas : マノピン合成酵素遺伝子のターミネーター, P35S : カリフラワーモザイクウイルス35S遺伝子のプロモーター, Tnos : ノバリン合成酵素遺伝子のターミネーター, EI2Ω35S : エンハンサー EI2Ω を結合したカリフラワーモザイクウイルス35S遺伝子のプロモーター .



非組換え体の花

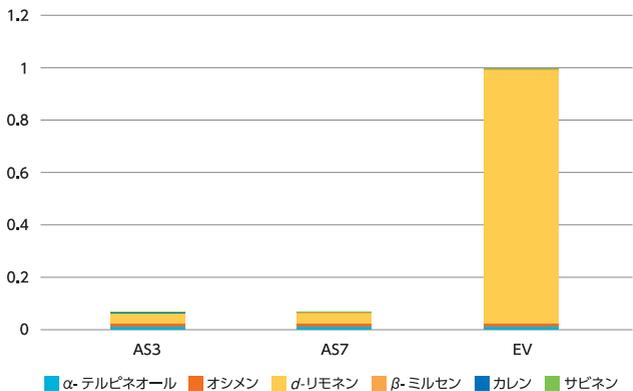


遺伝子組換え体の花



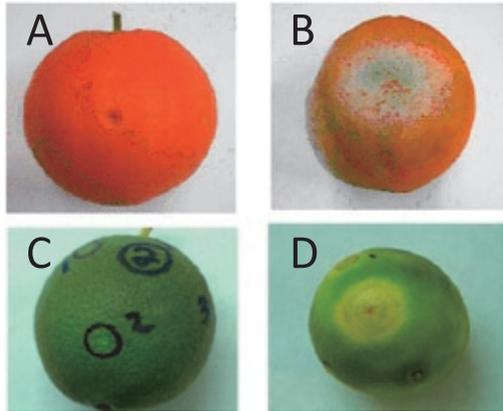
口絵2-5-2 *d*-リモネン含有量が低下した遺伝子組換えカラタチの着花及び着実の様子 (左) と組換え体の花の香り成分のGCチャート (右)

① : ミルセン, ② *d*-リモネン, ③ オシメン (写真提供 : 遠藤朋子)



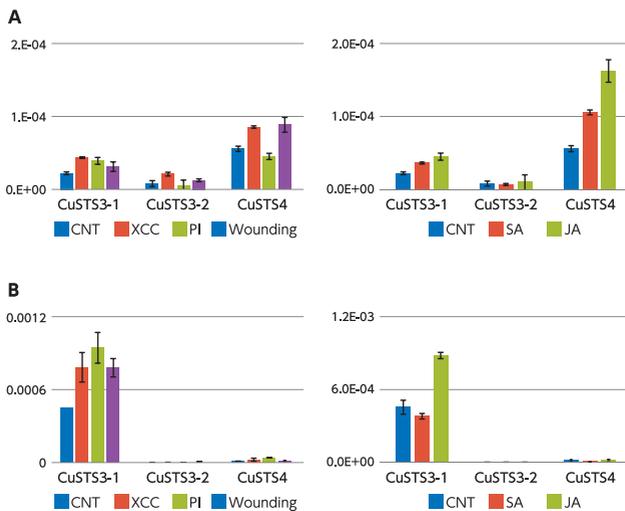
口絵2-5-3 遺伝子組換え果実の香り成分の含有量

AS3 : *d*-リモネン合成酵素遺伝子をアンチセンス方向に導入した遺伝子組換え体系3.
 AS5 : *d*-リモネン合成酵素遺伝子をアンチセンス方向に導入した遺伝子組換え体系5.
 EV : 空ベクターを導入した遺伝子組換え体.



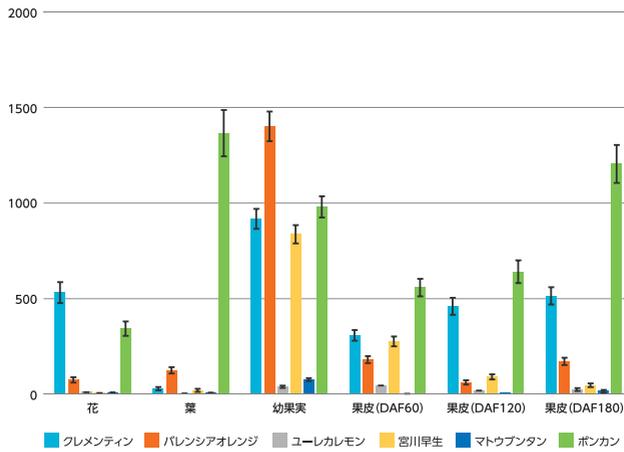
口絵2-5-4 遺伝子組換え果実における病害抵抗性

A, C : 遺伝子組換え体アンチセンス導入 (α -リモネン抑制)
 B, D : 対象区 (スイートオレンジ)



口絵2-5-5 葉 (A) と成熟果実 (B) における3種類のリナロール合成酵素遺伝子 (*CuSTS3-1*, *CuSTS3-2*, *CuSTS4*) のカンキツかいよう病 (XCC), 青カビ病 (PI), 傷害 (Wounding), サリチル酸 (SA) 及びジャスモン酸 (JA) 処理後24時間の遺伝子発現変動

CNT: 無処理



口絵2-5-6 代表的なカンキツの各組織におけるリナロール含有量
 DAF : 開花後の日数 (Days After Flowering).