

1. はじめに

兵庫県の農業は、都市近郊立地の有利性と多様性に富んだ自然的条件を活かし、イネをはじめ、畜産、野菜、果樹、花き等多岐にわたる作目の生産活動を展開してきた。その中において、イチゴは価格の年次変動の少ない、安定した収入の見込める作物として生産振興につとめており、全国第10位の作付け面積を有する。

本県では、伝統的手法によりイチゴの交雑育種を行い、「宝交早生」や「明宝」といった品種を育成し、普及につとめてきた。しかし近年、遺伝子導入技術やDNAマーカー利用技術など、作物育種に利用可能なバイオテクノロジー分野の進歩にはめざましいものがあり、いくつかの作物で成果が現れつつある。今後は本県のイチゴ育種においても、バイオテクノロジーを駆使して優良品種育成の効率化を図る必要がある。

2. 四季成り性遺伝子

本来イチゴは、春5月頃に結実・収穫する作物であった。しかし施設栽培技術の発達や早生性品種の育成が進み、高価格で販売できる促成栽培が主流となり、現在では冬の果実として定着している。さらに収穫時期を前進させ、高付加価値を狙うには、「とよのか」なみの品質を有する四季成り性品種の育成が必要である。

四季成り性品種育成を目的として四季成り性品種と季成り性品種を交配した場合、できてくる雑種は、四季成り性遺伝子を持つ個体と持たない個体とが混在する。四季成り性遺伝子を持たない個体については、その後の育苗、定植、選抜といった手間をかけてもむだになる。そこで、不要な労力を省くため、四季成り性遺伝子に強く連鎖したDNAマーカーを選定し、発芽直後の幼苗で四季成り性遺伝子の有無を検定できる技術を開発する事を目標に研究を進めている。

イチゴの四季成り性を支配する遺伝子に関してすでにいくつかの研究があるが、供試した品種により1個～数個の主働遺伝子に支配されるとするものや量的形質であるとするものなどがある。そこで、今回我々が供試しようとしている品種の遺伝様式をまず明らかにした後、DNAマーカーの探索の手法を決定しなければならない。共同研究を行っている本県農業試験場園芸部が四季成り性品種「みよし」と一季成り性品種「とよのか」との交配試験の結果、2つの遺伝子から成る補足遺伝子によって支配されているとの仮説が得られた(表1)。「みよし」の遺伝子型をAaBa、「とよのか」の遺伝子型をaaBBと仮定すると、その交雑によって得られるF₁における四季成り性個体の出現頻度は50.0% (実験値52.0%)、「みよし」の自殖個体群では56.3% (64.9%)となる。

この仮説によると、バルク法によるDNAマーカーの探索が可能であり、現在、「みよし」×「とよのか」のF₁個体を用いて、一季成り性個体のバルク(aaBB, aaBb)と四季成り性個体のバルク(AaBB, AaBb)の間で多型を示すRAPDプライマーの選抜を行っている。また「みよし」以外にも、1個の主働遺伝子で四季成り性を支配されていると予想

される「エバーベリー」なども交配に用いて、交雑あるいは自殖個体群の四季成り性判別を進めている。

表1. 「みよし」の四季成り性遺伝子が補足遺伝子であると仮定した場合の分離

1.1 「みよし」自殖

	A B	A b	a B	a b	
A B	AABB	AABb	AaBB	AaBb	四季成り：9 1 AABB 2 AABb 2 AaBB 4 AaBb
A b	AABb	AAbb	AaBb	Aabb	
a B	AaBB	AaBb	aaBB	aaBb	一季成り：7 1 AAbb 2 Aabb 1 aaBB 2 Aabb 1 aabb
a b	AaBb	Aabb	aaBb	aabb	

1.2 「みよし」×「とよのか」

	A B	A b	a B	a b	
a B	AaBB	AaBb	aaBB	aaBb	四季成り：2 1 AaBB 1 AaBb
					一季成り：2 1 aaBB 1 aabb

3. うどんこ病抵抗性遺伝子

数年前から本県の主要品種は「とよのか」に替わった。この品種は多くの形質についてきわめて優れた特性を有しているが、うどんこ病にきわめて弱いという大きな欠点を持っている。そのため、現在のイチゴ生産においてはうどんこ病対策が最大の課題になっており、農家、農業改良普及センター等からもうどんこ病抵抗性品種育成の要望が強い。

イチゴの栽培品種には、従来からうどんこ病に対して強い品種と弱い品種があることが知られていたが、これまでイチゴうどんこ病菌のレース分類がなされておらず、イチゴのうどんこ病抵抗性は圃場抵抗性であろうと考えられていた。しかし、最近の全農と神奈川農総研との共同研究により、「とよのか」を指標品種としてうどんこ病菌のレースが2つに分けられた。すなわち、これまでうどんこ病罹病性品種の代表のように言われていた「とよのか」が、あるレースに対する真性抵抗性遺伝子を持っていた。しかし我々が目的とする抵抗性品種の育成のためには「とよのか」の持っている抵抗性遺伝子だけでは不十分と考え、予定通り「とよのか」×「宝交早生」の交配により「宝交早生」のもつ抵抗性遺伝子のDNAマーカーを探索することにした。

「とよのか」×「宝交早生」のF1個体群のランナー先端小葉に対するうどんこ病菌接種検定の結果、うどんこ病抵抗性強度の分布は連続的変異を示し(図1)、「宝交早生」のうどんこ病抵抗性は、予想通り量的形質であろうと考えられた。量的形質に關与するDNAマーカーを探索するには、厳密には劣性遺伝子や不完全優性、超優性の場合などを考慮したQTL解析を行うべきであろう。しかし、実際のイチゴ育種においては自殖を繰り返

返した固定品種を作出することはないので、現在は最も単純に「とよのか」と「宝交早生」とで多型を示すRAPDプライマーを選抜し、F1個体群におけるマーカの有無と抵抗性強度との関係を調査する方向で作業を進めている。

多型解析には、オペロン社から発売されている10塩基のRAPDプライマーを用いている。これまでに親品種間で多型の検出されたバンド数を表2に示す。

表2. RAPDプライマーの選抜結果

セット名	+++	++	+
OPA	26	15	6
OPB	23	8	16
OPC	29	12	12
OPD	33	18	5
OPE	20	9	15
OPF	8	4	20
OPG	21	7	10
OPH	15	9	19
OPI	14	15	27
OPJ	29	10	7
合計	218	107	137

注) +++ : 明瞭なバンドで再現性が十分 ~
 + : やや不明瞭なバンドで再現性不十分

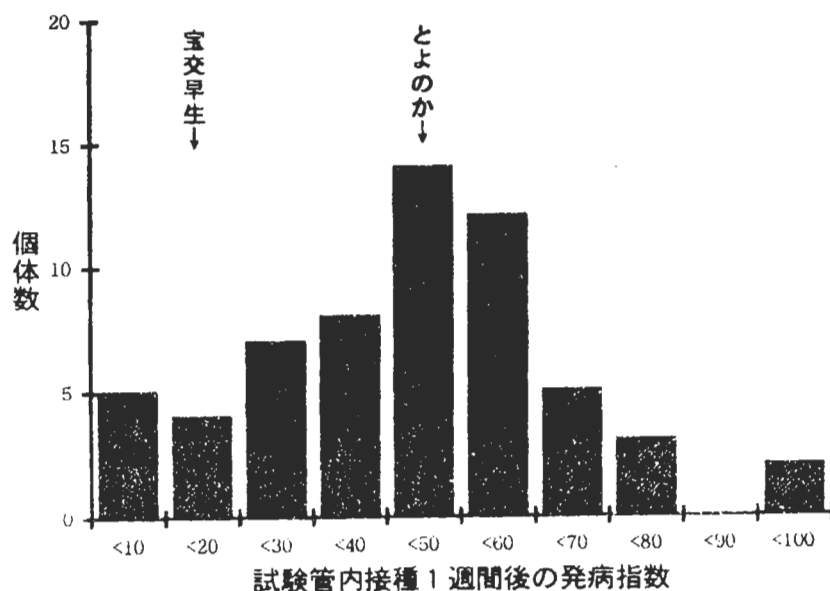
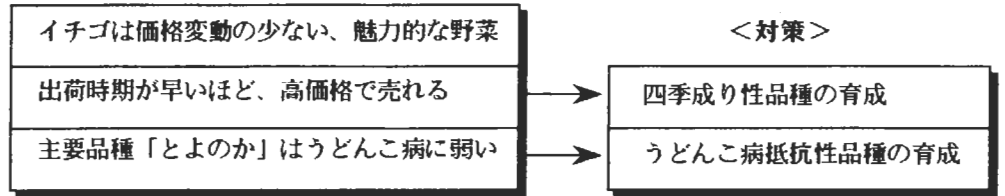


図1. 交配親およびF1個体群のうどんこ病抵抗性強度の分布
 注) 交配親の発病指数は↓で示し、個体数にはカウントしていない。

4. おわりに

本研究は6年間の課題の2年目であり、まだこれから多くの作業が残されている。以下に研究全体のフローチャートを示す。

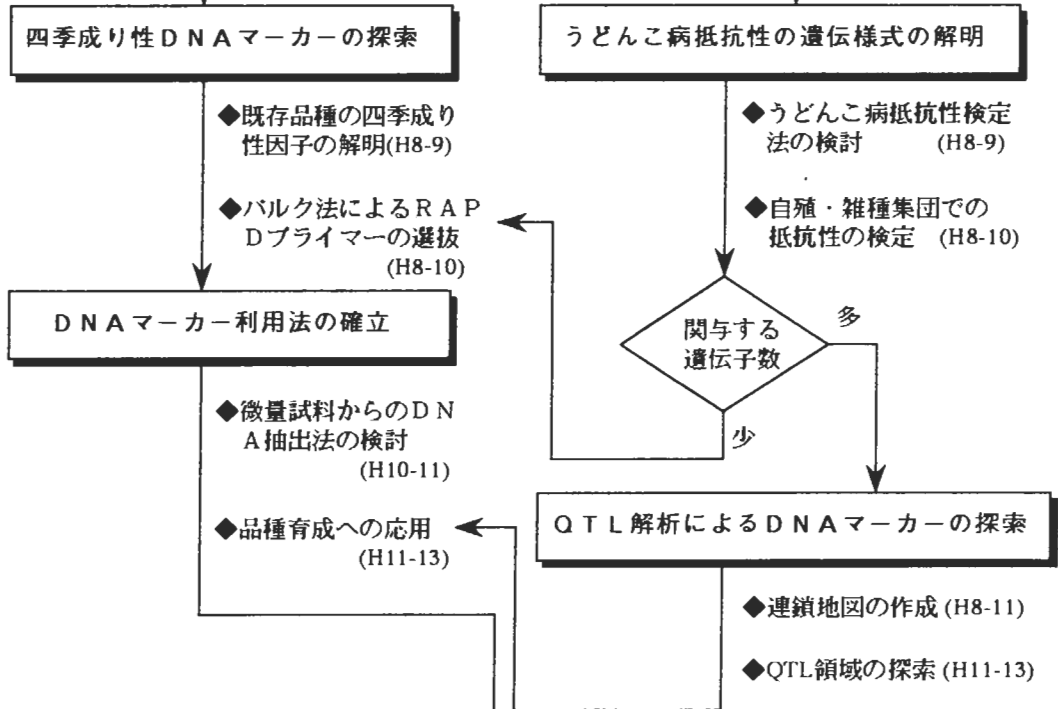
<背景と問題点>



<本研究課題の目的>

DNAマーカーによる品種育成の効率化

<研究項目>



<予想される効果>

