

[ 成果情報名 ] DNA マーカーによるナバナの根こぶ病抵抗性系統の選抜

[ 要約 ] ナバナ (*Brassica napus* L.) の根こぶ病抵抗性には複数の遺伝子が関与している。RAPD および SSR マーカーにより作成されたナバナの連鎖地図を用いて QTL 解析を行うと、抵抗性に関与する領域が推定される。そこに位置する DNA マーカーを利用することで、抵抗性系統の選抜を効率化できる。

[ キーワード ] ナバナ (*Brassica napus* L.)、根こぶ病抵抗性、DNA マーカー、育種選抜、連鎖地図

[ 担当 ] 三重科技・農業研究部・生物機能開発グループ

[ 連絡先 ] 電話0598-42-6362、[yamamy12@pref.mie.jp](mailto:yamamy12@pref.mie.jp)

[ 区分 ] 関東東海北陸農業・生物工学

[ 分類 ] 技術・参考

-----  
[ 背景・ねらい ]

県内ナバナ産地においては根こぶ病が多発し、経済的な打撃を受けているため抵抗性品種の育成が望まれている。しかし、交雑育種においては多数の個体数を扱うのに労力を要する上に、抵抗性系統の選抜には病害検定の再現性確保が重要である。そこで、労力軽減と選抜精度の向上が期待できる DNA マーカーを探索し、これを利用した育種選抜技術を開発する。

[ 成果の内容・特徴 ]

- 1 . ナバナを根こぶ病抵抗性カブ品種ルタバガの抵抗性形質と交雑し、抵抗性雑種を得た。この雑種にナバナを戻し交配した後代における発病率は連続的な分布を示し、根こぶ病抵抗性には複数の遺伝子が関与している。
- 2 . RAPD および SSR マーカーにより作成されたナバナの連鎖地図は合計89個を位置づけた8連鎖群から構成される。このうちの1つの連鎖群の領域内に根こぶ病抵抗性に強く連鎖するDNA マーカー (OPH06) を推定できる (図1)。
- 3 . このDNA マーカーを用いてPCRを行うと、根こぶ病に感受性の個体では特異的な領域の増幅がみられないのに対し、抵抗性の個体においては増幅される割合が高い。したがって、これを選抜に利用することで感受性個体を淘汰し、抵抗性個体の割合を高めることができる (図2)。

[ 成果の活用面・留意点 ]

- 1 . 本研究は、根こぶ病抵抗性カブの品種ルタバガを育種素材として用いた抵抗性育種の選抜に利用できる。
- 2 . 複数のマーカーをさらに探索し、組み合わせることで、選抜の精度をさらに向上させることが可能である。
- 3 . 現在進めているこのRAPD マーカーの共優性マーカー化によって、より明瞭で正確な育種技術として利用することができる。

[具体的データ]

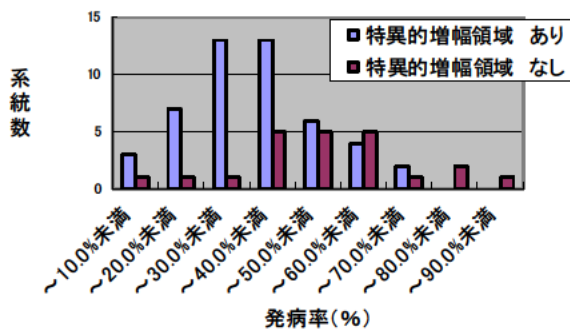
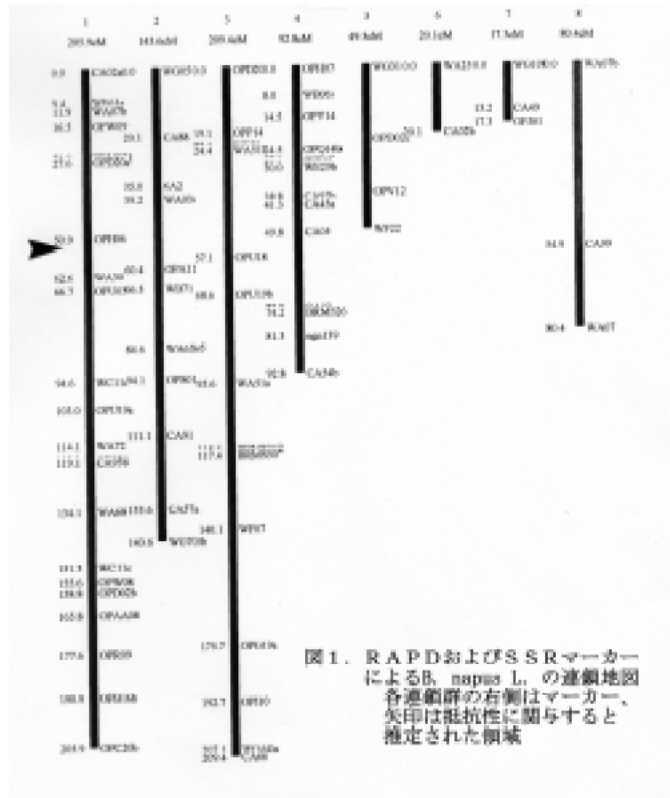


図2. 根こぶ病接種検定とRAPDマーカー(OPH06)による特異的増幅領域の有無

|                      |       |
|----------------------|-------|
| 供試71系統の平均            | 36.1% |
| ナバナ(父本:罹病性)          | 61.8% |
| ルタバガ交雑系統<br>(母本:抵抗性) | 0.0%  |

[その他]

研究課題名：ナバナ実用形質遺伝子のDNAマーカー探索とその利用

予算区分：(先端技術)

研究期間：1997～2002年度

研究担当者：山本有子、橋爪不二夫、河野 満、千田泰義、西口郁夫、掘 千秋、平野三男