

## 自己評価報告書

平成23年4月28日現在

機関番号：81205

研究種目：基盤研究 (B)

研究期間：2008～2012

課題番号：20380096

研究課題名 (和文) スギ雄花着花量を制御する遺伝子の解明

研究課題名 (英文) Genetic analysis genes that regulates male flower abundance of *Cryptomeria japonica*.

研究代表者

伊原 徳子 (IHARA TOKUKO)

独立行政法人森林総合研究所・森林遺伝研究領域・主任研究員

研究者番号：40353594

研究分野：農学

科研費の分科・細目：森林学、森林科学

キーワード：スギ雄花、遺伝解析

## 1. 研究計画の概要

雄花を非常に多く着生するスギに由来する交配家系を用い、DNA マーカーを用いた QTL 解析によりスギの雄花量に関わる遺伝子を明らかにする。またスギの精英樹において、それらの遺伝子の DNA 塩基配列を比較し、雄花着生量と関連する遺伝子多型を明らかにする。

## 2. 研究の進捗状況

スギの高密度連鎖地図を基に、各連鎖群をカバーし、簡便にタイピングが行える DNA マーカーを作成し、雄花の非常に多いスギ個体を花粉親とする3つ半兄弟家系の F2 個体それぞれ 74、93、110 個体の遺伝子型を、それぞれ 113、107、86 個のマーカーについて決定した。なお、塩基多型の検出方法は高解像度融解曲線分析 (HRM 法) を用い、スギでの解析条件の最適化を行った。

2002 年から 2008 年まで、つくば市及び千代田市で個体の反復を含む F2 個体の雄花着生量を調べた。クローンの雄花着生量は年次ごとに変動するもの、着生量には一貫した傾向があり (Kendall 's coefficient of concordance,  $p < 0.01$ )、雄花着生量には遺伝的な効果が大きいことが裏付けられた。これらの表現型データと遺伝子型データを用い、1 遺伝子座毎に比較する Kruskal-Wallis テスト及び複数座の効果と同時に考慮するベイズ回帰モデルによる QTL 解析を行った。2つの手法による解析結果はおおむね一致し、第5連鎖群に異なる年次に共通する QTL を検出した。また、有意性はやや低い、第1、6、9、11連鎖群 ( $p < 0.005$ ) のマーカーについても複数年で共通して QTL が検出された。

QTL 解析と同時に、林木育種センターにおいて関東の精英樹についてジベレリン処理下のスギ雄花着生量の調査を行った。今後予定する遺伝子多型と着花量の関連解析の為のデータが得られた。

## 3. 現在までの達成度

②おおむね順調に進展している。

(理由)

DNA マーカーの開発を順調に進め、交配家系を用いた QTL 解析を終了して雄花着生量に関わる遺伝子の存在する染色体上の領域を既に明らかにできた。また、今後予定している関連解析の為の精英樹の着生量データを得ることができた。

## 4. 今後の研究の推進方策

(1) 第5連鎖群上の QTL 原因遺伝子の単離本研究において複数年次 (異なる気象条件下) で検出されたこと、また他の家系を用いてジベレリン処理下で行われた雄花着生量の QTL 解析でもほぼ同じ場所に QTL が検出されていることから、第5連鎖群に雄花着生量に大きく関わる遺伝子が存在する可能性が高いと考えられる。研究代表者の所属する研究室においてはスギの基盤連鎖地図のさらなる高密度化が進められ、ゲノムの BAC ライブラリーが作成されている。これを利用し、QTL の原因遺伝子の単離に優先的に取り組む。

(2) (1) で得られた遺伝子及びこれまでに単離した花の形成に関わる遺伝子について、関東の精英樹について塩基配列の多型データを収集し、雄花着生量データとのアソシエーション解析を行う。

5. 代表的な研究成果

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 3 件)

① Iwata H, Hayashi T, Tsumura Y (2011)  
Prospects for genomic selection in conifer breeding: a simulation study of *Cryptomeria japonica*. *Tree Genetics & Genomes*. On-line first. 査読有。

② Ujino-Ihara T, Taguchi Y, Moriguchi Y, Tsumura Y. An efficient method for developing SNP markers based on EST data combined with high resolution melting (HRM) analysis. *BMC Research Notes*. 3:51. (2010) 査読有。

③ Ujino-Ihara T, Tsumura Y. Screening for genes specific to coniferous species. *Tree Physiology* 28:1325-1330. (2008) 査読有。

[学会発表] (計 2 件)

① Iwata H, Hayashi T, Tsumura Y. Prospect for genomic selection in forest tree breeding. Eucarpia XIV meeting of the Biometrics in Plant Breeding Section. Dundee, UK. 2009.9.2.

② 伊原徳子、スギ雄花着生量を制御する遺伝子を探る～遺伝子型から表現型へ・ゲノム育種の林木における可能性～、第 120 回日本森林学会大会、2009.3.27

(備考：伊原は平成 22 年度育児休業を取得)