
[成果情報名] ネギとタマネギ間の子房培養によって生じる細胞質 DNA の父性遺伝
[要約] あかねぎと赤タマネギを正逆交配した後、子房培養を経て種間雑種を作出した場合、細胞質 DNA は、あかねぎを子房親に用いると母性遺伝するが、赤タマネギを子房親に用いると部分的に父性遺伝が生じる。
[キーワード] ネギ、タマネギ、子房培養、種間雑種、細胞質遺伝
[担当部署] バイオテクノロジー部・細胞育種チーム
[連絡先] 092-924-2970
[対象作目] 野菜 [専門項目] バイテク [成果分類] 生理生態

[背景・ねらい]

遺伝情報を有する細胞内小器官には、核、葉緑体、ミトコンドリアがある。通常の交配では核の DNA は両親からそれぞれ受け継ぐが、葉緑体およびミトコンドリアの DNA (細胞質 DNA) は原則母親のみから受け継ぐ。ところが、あかねぎ (*Allium fistulosum* L.) と赤タマネギ (*A. cepa* L.) の種間雑種で、一部細胞質 DNA が花粉に由来する系統が得られた (平成 17 年度単年度成績)。そこで、CAPS 解析と塩基配列の解読を行い、その遺伝様式を解明する。

[成果の内容・特徴]

1. 通常の交配で得られる種間雑種の細胞質 DNA は母性遺伝する。しかし、交配後に子房培養を行うと、赤タマネギが子房親の場合に限り、調査領域の一部に父性遺伝あるいは独自の多型を示す (表 1)。これは細胞質 DNA に何らかの変異が生じる。
2. 変異が生じた種間雑種を子房親に用いて戻し交雑を行った場合、その後代 (BC₁) にも、同様の変異が認められる (表 1)。このことは、花粉由来の細胞質 DNA を後代に遺伝させることができることを意味する。
3. 変異が生じた種間雑種の細胞質 DNA の塩基配列を調査したところ、子房親のものとは比べて、雑種では塩基の挿入、欠失、置換といった変異が生じる (表 2)。

[成果の活用面・留意点]

1. ネギの種間雑種を利用した育種の基礎資料として活用する。
2. 父性遺伝する領域の塩基配列情報は、国際塩基配列データベース (DDBJ) に登録済みである。

[具体的データ]

表1 CAPS解析によるあかねぎと赤タマネギの種間雑種における細胞質遺伝様式¹⁾

調査領域	制限酵素	交配区		交配 + 子房培養区		BC ₁
		子房親	あかねぎ	赤タマネギ	あかねぎ	
葉緑体 DNA						
1) <i>rbcL</i> -ORF106	<i>AluI</i>	F	C	F	F	F
2) <i>psaA-trnS</i>	<i>MspI</i>	F	C	F	F	F
3) <i>trnL-trnF</i>	<i>MspI</i>	F	C	F	F	F
4) <i>trnC-trnD</i>	<i>HinfI</i>	F	C	F	F	F
5) <i>trnD-trnT</i>	<i>HinfI/RsaI</i>	F/? ²⁾	C/? ²⁾	F/F	C/* ³⁾	C/* ³⁾
6) <i>psbC-trnS</i>	<i>HinfI</i>	F	C	F	C	C
7) <i>trnS-trnfM</i>	<i>DdeI</i>	F	C	F	C	C
8) <i>rps16</i> intron	<i>RsaI/DdeI</i>	F/F	C/C	F/F	C/* ³⁾	C/* ³⁾
ミトコンドリア DNA						
1) <i>nad1</i> exonB-C	<i>DdeI</i>	F	C	F	F	F
2) <i>nad4</i> exon1-2	<i>AluI</i>	F	C	F	C	C
3) <i>nad7</i> exon2-3	<i>HhaI</i>	F	C	F	C	C
4) srRNA V7	<i>RsaI</i>	F	C	F	F	F

注) 1. 表中の細胞質遺伝様式のスコアは、Fはあかねぎ型、Cは赤タマネギ型を示す

2. 表中の?記号は、あかねぎ・赤タマネギ間で多型がなかったことを示す

3. 領域中の一部に変異が認められたことを示す

4. 表中の*記号は、両親とは異なる多型が認められたことを示す

表2 子房培養で作出した種間雑種(‘くれない玉葱’ × ‘あかねぎ’)における細胞質ゲノムの変異

調査領域	総塩基数 (bp)		雑種における変異 (bp (%))			領域全体 変異 (bp (%))
	子房親	雑種	挿入	欠失	塩基置換	
葉緑体 DNA						
1) <i>rbcL</i> -ORF106	3138	3188	50 (1.6)	0 (0)	14 (0.4)	64 (2.0)
2) <i>psaA-trnS</i>	3104	3117	14 (0.4)	1 (<0.1)	6 (0.2)	21 (0.7)
3) <i>trnL-trnF</i>	336	311	0 (0)	25 (7.4)	0 (0)	25 (7.4)
4) <i>trnC-trnD</i>	3188	3138	11 (0.3)	61 (1.9)	17 (0.5)	89 (2.8)
5) <i>trnD-trnT</i>	882	875	3 (0.3)	10 (1.1)	6 (0.7)	19 (2.2)
6) <i>psbC-trnS</i>	1461	1459	0 (0)	2 (0.1)	2 (0.1)	4 (0.3)
7) <i>trnS-trnfM</i>	1253	1252	6 (0.5)	7 (0.6)	4 (0.3)	17 (1.4)
8) <i>rps16</i> intron	903	843	0 (0)	60 (6.6)	4 (0.4)	64 (7.1)
ミトコンドリア DNA						
1) <i>nad1</i> exonB-C	1620	1617	5 (0.3)	8 (0.5)	1 (0.1)	14 (0.9)
2) <i>nad4</i> exon1-2	1929	1929	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)
3) <i>nad7</i> exon2-3	1153	1153	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)
4) srRNA V7	470	475	5 (1.1)	0 (0)	0 (0)	5 (1.1)

注) 総塩基数は塩基配列が解読できた数を示し、プライマー配列を含まない

[その他]

研究課題名: 葉ネギの細胞培養による優良系統の作出

予算区分: 県特(おいしくて健康によい新品種開発事業)

研究期間: 平成18年度(平成16? 19年)

研究担当者: 梅原三貴久、末吉孝行、下村克己、平島敬太、中原隆夫

発表論文等: 梅原ら(2006) 園芸学会雑誌75別1: 120

梅原ら(2007) 園芸学研究6別1: 392