

Development of Genome-specific DNA Markers in Strawberry (*Fragaria × ananassa* Duch.) and Their Use for Cultivar Identification

メタデータ	言語: jpn 出版者: 公開日: 2019-03-22 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 國久, 美由紀 メールアドレス: 所属:
URL	https://doi.org/10.24514/00001669

栽培イチゴにおけるゲノム特異的DNAマーカーの開発と 品種識別技術への応用[†]

國久 美由紀

(平成 21 年 8 月 24 日受理)

Development of Genome-specific DNA Markers in Strawberry (*Fragaria* × *ananassa* Duch.) and Their Use for Cultivar Identification

Miyuki Kuniyoshi

目 次

	1 栽培イチゴにおけるゲノム特異的 DNA マー カーの開発.....49
	2 DNA マーカーを利用したイチゴの品種識別 技術の開発.....51
	摘要.....51
	引用文献.....52
	Summary55
I 序 論..... 7	
1 栽培イチゴの起源..... 7	
2 栽培イチゴの遺伝学..... 8	
3 栽培イチゴと育成者権.....10	
II 栽培イチゴにおけるゲノム特異的 DNA マーカー の開発.....11	
1 緒言.....11	
2 ゲノム非特異的 DNA マーカーの開発.....12	
3 ゲノム特異的 DNA マーカーへの改良.....16	
4 ゲノム特異的 DNA マーカーの遺伝様式.....20	
5 ゲノム特異的 DNA マーカーを利用した <i>Fragaria</i> 属野生種の分析27	
III DNA マーカーを利用したイチゴの品種識別技 術の開発.....31	
1 緒言.....31	
2 DNA マーカーによるイチゴの品種識別32	
3 品種識別技術の妥当性確認.....37	
4 多型頻度に基づく品種同定精度の算出.....43	
5 (事例) 韓国産イチゴの品種識別.....47	
IV 総合考察.....49	

I 序 論

1 栽培イチゴの起源

栽培イチゴ (*Fragaria* × *ananassa* Duch.) は収益性の高い農作物であり、その独特の香気と栄養価から、世界的な需要は年々高まっている。Fruit and Tree Nuts Outlook (USDA, July, 2005) によると、最大生産量を誇るアメリカの人口一人当たりの年間消費量は、1970 年には 2 ポンド以下であったのが 2004 年には 6.8 ポンドを超えている。2007 年の世界のイチゴ総生産量は 382 万 t で、リンゴの約 17 分の 1 にあたる (FAO STAT, 2009)。

一方、国内の年間生産量は約 20 万 t であり、2006 年

〒305-8666 茨城県つくば市観音台3-1-1
業務用野菜研究チーム

[†] 本論文は筑波大学大学院生命環境科学研究科学学位審査論文 (2008 年 3 月) を修正・編集したものである。本論文の一部は *Euphytica*, 134, 209-215 (2003); *Theor. Appl. Genet.*, 110, 1410-1418 (2005); 野菜茶研研報, 4, 71-76 (2005); *Acta Hort.*, 708, 517-521 (2006); *J. Japan Soc. Hort. Sci.*, 78, 211-217 (2009); *J. AOAC Int.*, 92, 896-906 (2009) において発表した。

にはコメ、トマト、ミカンに次いで産出額の多かった重要農作物である（農林水産統計情報総合データベース）。

栽培イチゴは、バラ目（Rosales）バラ科（Rosaceae）オランダイチゴ属（*Fragaria*）の多年生草本植物で、その起源はわずか250年前という比較的新しい雑種起源の作物である。現在の栽培地はヨーロッパ、北アメリカ、東アジアを中心に、亜寒帯から一部亜熱帯にまで拡大している。

Fragaria 属には野生種と栽培種を含めて約40の種が報告記載されているが、これらのうち種として確実に同定されているのは約20程度である。この属の基本染色体数は7 ($n=7$) で、二倍体 ($2n=2x=14$) から八倍体 ($2n=8x=56$) までの多様な倍数性の種が存在する。

二倍体種で最も知られているのは *F. vesca* である。*Fragaria* 属野生種の中で最も広い地理的分布を示し、北アメリカ、ヨーロッパ、北アジアで生息する。また、ヨーロッパでは古来より品種育成や栽培も行われている。他には、主にアジア大陸に分布する *F. viridis*, *F. nilgerrensis*, *F. daltoniana*, *F. nubicola* や、日本に生息する *F. iinumae*, *F. nipponica* などが代表的な二倍体種である。

四倍体種は現在、*F. orientalis*, *F. corymbosa*, *F. moupinensis* の3種が同定されており、中国やチベット、シベリアに分布し、低温耐性があるとされている。その起源はアジア原産の二倍体種の染色体倍加によるものと考えられている。

六倍体種はヨーロッパ北部やロシアに分布する *F. moschata* のみが知られており、ヨーロッパ原産の二倍体種の交雑から生じた三倍体の自然倍加が起源と考えられている。

八倍体種では、*F. virginiana* と *F. chiloensis* の2種が主なものである。*F. virginiana* は北アメリカ大陸の草地に自生し、鮮紅色の果実を多く実らせる。この種は16世紀頃にアメリカ東部からヨーロッパに導入され、植物園や育種家に渡って行った。一方、*F. chiloensis* は北および南アメリカ大陸の海岸の砂地に自生し、大果性を特徴とし、ヨーロッパへの導入は、18世紀になってチリやカリフォルニアから行われた。18世紀後半には、大果で独特の香りを持ち、*F. virginiana* と *F. chiloensis* の種間雑種であると推定される現在の栽培イチゴがヨーロッパ市場に出現し、Duchense によって *F. × ananassa* と命名された（織田，2004）。*F. × ananassa* も、*F. virginiana*, *F. chiloensis* と同様に八倍体である。

八倍体の由来については、複数の二倍体野生種が種間交雑と染色体倍加を重ねることにより生じたと推測され

ているが（Senanayake et al., 1967）、いくつかの野生種から派生したのか、またどの野生種に由来しているのかは不明である。

2 栽培イチゴの遺伝学

1990年代頃までは、イチゴといえば‘女峰’と‘とよのか’の2大品種で市場が独占されていたが、近年、その市場価値の高さから育種研究が過熱し、消費者の好みに応じた多様な品種が流通するようになった。機構育成の‘さちのか’や個人育成の‘章姫’をはじめ、各県独自の品種開発も進み、栃木県の‘とちおとめ’、福岡県の‘あまおう’、佐賀県の‘さがほのか’、熊本県の‘ひのしずく’、静岡県‘紅ほっぺ’等、多くの品種がブランド化し、一部価格にも反映されている。

新品種の育成には多大な時間と労力を要する。しかし近年、消費者と生産者のニーズは多様化し、迅速で効率的な品種開発が望まれている。これに対応するため、多くの作物で遺伝子組換え技術や形質連鎖DNAマーカーの開発が進んでいる。栽培イチゴにおいても、伝統的育種法のみには頼らない分子生物学的手法による育種研究が取り組まれてきた。Asaoら（1997）はイネのキチナーゼ遺伝子を導入することにより、栽培イチゴのうどん粉病抵抗性を向上させ、Vellicceら（2006）はインゲンマメのキチナーゼ遺伝子を強発現させることにより灰色カビ病の発症を軽減したと報告している。ペクチン酸リアーゼのアンチセンス鎖の導入により、果実を軟化させた報告もある（Jimenez-Bermudez et al., 2002）。栽培イチゴで最初の形質連鎖マーカーは、Haymesら（1997）によって報告された根腐病菌抵抗性遺伝子に連鎖したRandom Amplified Polymorphic DNA (RAPD) マーカーである。その後、Sugimotoら（2005）によって11.8 cMと15.8 cMで四季成性遺伝子に連鎖した2つのRAPDマーカーが見つかった。また、二倍体野生種である *F. vesca* では、1.7 cMという隣接した領域に四季成性遺伝子連鎖マーカーが見つかった（Albani et al., 2004）。

これまでの研究にも関わらず、*F. × ananassa* には解明されていない根本的な問題がある。*F. × ananassa* は八倍体であり ($2n=8x=56$)、そのゲノム構成がいまだ未解明であり、したがって遺伝様式が決定されていない。このため、バルク法等による連鎖マーカーの開発は可能であるが、連鎖地図の作成は困難を極め、2007年時点で発表されていた地図は、根腐病菌抵抗性遺伝子座に連鎖する7つのRAPDマーカーによる1連

鎖群 (Haymes et al., 1997) と, Lerceteau-Köhler ら (2003) が作成した Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) マーカーによる 43 連鎖群の 2 つのみであった。研究はむしろモデル植物である二倍体野生種で進展しており, *F. vesca* と *F. nubicola* の種間交雑集団を用いた Simple Sequence Repeat (SSR) 主体の 182 マーカーによる連鎖地図が公開されている (Sargent et al., 2004a, 2006)。

F. × ananassa は, 八倍体野生種である *F. virginiana* と *F. chiloensis* の種間交雑により生じたと考えられおり, 八倍体のゲノム構成については, 古くから議論が成されてきた。最初に Fedorova (1946) によって AABBBC (部分四倍体) という構成が提唱されたが, Senanayake ら (1967) は, 八倍体野生種と二倍体野生種 (ゲノム構成 AA) の種間交雑から得られた五倍体 (AABBC) および六倍体 (AAABBC) の減数分裂時における染色体対合を観察し, A ゲノムと C ゲノムが稀に対合を起こすことから, AAA'A'BBBB であると修正した。これを裏付けるように, Mok ら (1971) は, *F. × ananassa* の大部分の品種において四価染色体が認められたと報告している。しかし, その他の多くの研究では, 八倍体において二価染色体の形成しか報告されておらず (Ichijima, 1926; Longley, 1926; Powers, 1944; Byrne et al., 1976; Ibrahim et al., 1981), また, アイソザイム研究において, その遺伝様式が disomic な遺伝様式に従うとの報告があったことから (Arulsekhar et al., 1981), 八倍体は高度に複二倍体化しているとして AAA'A'BBB'B' に修正された (Bringham, 1990)。その後, Lerceteau-Köhler ら (2003) は, AFLP マーカーを主体として *F. × ananassa* の連鎖地図を作成し, 相引マーカーに対して相反マーカーの割合が小さかったことを根拠に AAA'A'BBBB 説を支持しており, この議論は決着しないまま現在に至っている。

倍数体の遺伝学は, 二倍体に比べて遺伝様式が非常に複雑であるために研究が遅れている。倍数体は, 哺乳類, 昆虫, 両生類, 爬虫類, 魚類などの動物にはほとんど見られないが, 植物においては一般的な形態であり, 顕花植物の 3~4 割が倍数体であるとされている (Stebbins, 1950)。このため, イチゴの他にもコムギ, サツマイモ, ジャガイモ, サトウキビ, キク, パラ等, 経済的に重要な倍数体作物も多く, 倍数体研究の必要性は高い。

倍数体は理論上, 同質倍数体 (autopolyploid) と異質倍数体 (allopolyploid) に大別できる。しかしこれ

らの定義は曖昧で, 明確な境界は示されていない。一般的には, 同質倍数体は一種類の染色体の倍加により生じ, 異質倍数体は異種・異属間交雑と染色体倍加を経て生じるとされている。例えばコムギは, 3 種の異なる祖先を持つ異質倍数体であることが明らかになっている。しかし, 祖先となる二倍体種が不明な場合や, 既に絶滅している場合は, 由来から同質・異質性を判断することは困難となる。別の判断基準として, 同質染色体は減数分裂期に対合を起こすが, 異質染色体は対合しないことが挙げられる。MacKey (1970) は, 同質倍数体を polysomic polyploid, 異質倍数体を disomic polyploid として, 遺伝様式からこれらを区別し, それぞれの交配様式について考察している。

polysomic polyploid の生物学的意義は, ヘテロシスの維持にあると考えられている。このような倍数体は主に他殖性であり, ヘテロ接合体の形成を助けている。それに加えて, polysomic な遺伝様式は集団の大部分をヘテロ接合体として維持できる。例えば polysomic tetraploid における 2 対立遺伝子 (A,a) から想定される遺伝子型は, (AAAA) (AAAa) (AAaa) (Aaaa) (aaaa) の 5 種類あり, A と a 頻度が同等であれば, quadruplex あるいは nullplex は確率的にほとんど出現しない。これに対して disomic polyploid は, 突然変異遺伝子のホモ接合がより頻繁に起こるため, 自然淘汰圧に晒されやすく, 環境に適応した迅速な進化が可能である。このため, 倍数体は, 進化の過程で変異や組換えによる染色体の分化を経て複二倍体化することも多く, 現在, 二倍体とされている多くの種も, 系統学的には高度に複二倍体化した倍数体であると考えられている (MacKey, 1987; Da Silva et al., 1996)

polysomic polyploid では, 相同染色体が 3 つ以上あるため, 減数分裂期には二価染色体のみならず多価染色体が観察されることも多い。人工的に倍加した倍数体では特に, 多価染色体形成がよく観察できる。しかし, 自然発祥した倍数体では, 二価染色体しか観察されないこともある。ジャガイモの倍数性野生種では, 染色体対合観察において, ほぼ全ての染色体が二価対合をおこし, 多価染色体はほとんど観察されなかったとの報告がある (Swaminathan, 1954; Watanabe et al., 1994)。また, 同質倍数体と言われるキク属野生種でも二価染色体の形成が一般的であり, 多価染色体の形成は非常に少なかったことから, 染色体の同質性は高いものの, 複二倍体化に向けて分化しつつあるのではないかと考えられている (Watanabe, 1977)。Hattori (1991) は, キク属の花色

を支配するカロチノイドの遺伝について、倍数体にも関わらず比較的シンプルな様式に支配されていることを明らかにし、その原因として、キク属が disomic な遺伝様式に従う可能性を示唆している。

二価染色体形成は、少なくとも二つの要因によって促進されている。ひとつは、二価の対合を制御する遺伝子の存在である。このような遺伝子として最も有名なのは、コムギの5B染色体に座上する *Ph* 遺伝子である (Wall et al., 1971)。この遺伝子は同祖染色体の対合を抑制することにより、相同染色体の二価対合を促進する働きを持つ。もうひとつの要因として、染色体のサイズや構造の類似性に基づいた選択的対合が考えられる。同質染色体であっても、元々多少の相違があったり、変異や組換え等により分化した等の原因で、完全に同質ではなくなり、特に類似性の高い染色体同士が優先的に二価対合を起こすことが知られている。選択性の強度は種によって様々であるが、強度が非常に強い場合は、disomic に近い遺伝様式を示すことも予想される。自然環境下で polysomic polyploid が複二倍体化する過程では、遺伝子機構の発達、または、染色体分化に伴う選択的対合の促進が起こっていると考えられる。したがって自然発祥の倍数体では、複二倍体化の兆候として、二価の対合が優勢となる場合も多いと思われる。

ただし、二価染色体対合は disomic 遺伝の必要条件ではあるが、必ずしも disomic 遺伝を裏付ける根拠とはならない。サトウキビでは、主に二価対合しか観察されないにも関わらず、polysomic な遺伝が示唆されている (Da Silva et al., 1993, 1996)。遺伝子による二価対合の制御システムは、2つの相同染色体が対合を起こした時点で、他の相同染色体の対合を抑制すると考えられ、この制御のために、polysomic polyploid であっても二価対合が優勢となっている。したがって、多価対合が観察されないことを根拠に、倍数体が disomic polyploid であると結論するのは尚早であり、実際に形質マーカーや分子マーカーの遺伝様式を確認することが不可欠である。

F. × *ananassa* のゲノム構成は AAA'A'BBBB (Senanayake et al., 1967; Lerceteau-Köhler et al., 2003)、または AAA'A'BBB'B' (Bringham, 1990) とされており、Bゲノムが polysomic な遺伝を示すのか、概ね、または完全に disomic な遺伝を示すのかが遺伝解析の焦点となる。

栽培イチゴはその農業上の重要性にも関わらず、ゲノム研究分野においては他作物に大きく遅れを取っている。このことは、データベースで検索可能な *F.* ×

ananassa の遺伝子配列情報が2004年時点でわずか8であったことから示唆される。その原因は、倍数性に起因する複雑で未解明なゲノム構成にあるといえよう。

3 栽培イチゴと育成者権

品種が多様化するイチゴ市場では、人気品種のブランドを維持するため、品種育成者権の保護、および品種の適正表示が求められるようになった。同時に、1999年度には年間200tあまりであった韓国からの輸入量が2001年度には1500tにまで激増し、国産イチゴと競合する冬季の輸入であるだけに国内の生産者にとって脅威となった。しかも、輸入イチゴの一部が、海外への持ち出しが許可されていない‘とちおとめ’や‘さちのか’等日本品種である疑いが強く、育成者権保護のための体制整備が強く望まれた。イチゴのみならず、白餡の原料となる白インゲンや、高級畳表のイグサでも、許諾していないはずの国産品種が輸入されるという事態が発覚していたため、2003年4月には関税定率法の改正により育成者権侵害農作物が輸入禁制品目に追加され、種苗法の罰則も強化された。これらの法整備と併行して、確実に権利侵害品を判定できる農作物のDNA品種識別技術の開発が推進された。野菜茶業研究所は輸入の疑いのある‘さちのか’の育成者権者であったため、2001年度からいち早く識別技術の開発に取り組んできた。

本研究をまとめるにあたり、終始適切なお指導、ご鞭撻を賜り、また多大なる御校閲の労をとっていただいた筑波大学大学院生命環境科学研究科 江面浩教授に心から感謝申し上げます。また、深遠なるご助言と温かい激励を賜り、御校閲の労をとっていただいた筑波大学大学院生命環境科学研究科 西村繁夫教授、渡邊和男教授、半田高准教授に深謝の意を表します。

ゲノム特異的マーカーの応用研究を行うにあたり、私的な時間を割いてサンプルを作成、供与いただき、また終始にわたり、温かいご助言とご高察を賜った三重県科学技術振興センター農業研究部 森利樹主幹研究員、山本有子研究員に深謝の意を表します。

輸入イチゴの分析、DNAマーカーの開発等、本研究開始当初から甚大なるご協力と温かい激励を賜った栃木県農業試験場 小林俊一室長、天谷正行室長、田崎公久研究員に感謝の意を表します。

本研究期間を通して、多大な品種・系統の保存、栽培管理をご担当くださり、また種々の相談に温かく応じて有用なご助言やご配慮を賜った本研究所研究支援センター淺

生建司氏，増地智氏，上村敏彦氏，北海道農業研究センター研究支援センター 松岡律衣氏に深く感謝いたします。

最後に，イチゴ品種のサンプル収集に快くご協力くださった育成者の方々，ご多忙中，多大なお時間を割いて研究室間妥当性試験にご協力くださった研究者の方々に，心から感謝申し上げます。

II 栽培イチゴにおけるゲノム特異的 DNA マーカーの開発

1 緒言

栽培イチゴ (*F. × ananassa*) のゲノム構成については古くから議論が成されてきたが，最近では，連鎖地図における相反マーカー頻度に基づいた AAA'A'BBBB (部分四倍体) 説 (Lerceteau-Köhler et al., 2003) と，染色体対合観察や，一部のアイソザイムの遺伝様式に基づいた AAA'A'BBB'B' (完全複二倍体) 説 (Bringhurst, 1990) の 2 説が有力である。

上記いずれの説が正しいとしても，*F. × ananassa* は少なくとも 2 組の独立した二倍体ゲノムを含有している。AFLP マーカーによる連鎖地図作成において相反マーカーが得られたことから，確かに二倍体ゲノムの存在は示唆されている。ところが，育種や DNA マーカー等，多々の遺伝に関する研究報告があるにも関わらず，実際に後代で disomic 遺伝に従った分離を観察できたのは，わずか 1 例にすぎない。Arulsekara ら (1981) は，ホスホグルコイソメラーゼの 4 つのアイソザイムのうち 1 つが後代で 3:1 に分離しており，更にバンドの濃淡まで考慮すれば，これが 1:2:1 に分離しているように解釈できることを報告している。しかし，完全複二倍体とも想定される作物で disomic 遺伝がほとんど観察できないという状況は，遺伝学者にとって，最重要ポイントを回避して進まねばならない「もどかしさ」を残している。

F. × ananassa のゲノム構成と並んで議論の対象となっているのが，倍数性のルーツである。*F. × ananassa* は八倍体野生種である *F. virginiana* と *F. chiloensis* の交雑により生じたというのが定説であるが，八倍体がどのように形成されたのかについては分かっていない。二倍体野生種が倍加と種間交雑を重ねることにより生じたと考えられており，Senanayake ら (1967) は A ゲノムと A'ゲノムが同一の野生種から分化したものであり，基本的に八倍体は A ゲノムと B ゲノムの 2 つの祖先種に由来していると推測している。分子生物学

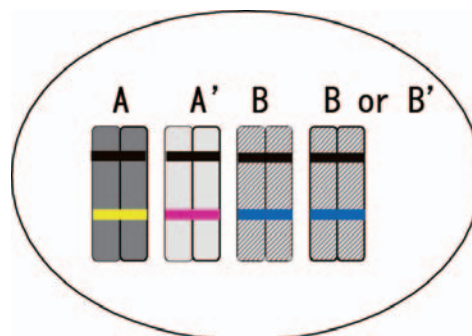


Fig. 1 Concept of genome-specific markers for genomic study of *F. × ananassa* Duch.

Black: Loci amplified with a single conventional DNA marker.
Yellow, pink, blue: Loci separately amplified with different genome-specific markers.

的手法による祖先種探索の試みも報告されており (Potter, 2000), *F. vesca* および *F. nubicola* が八倍体を含む倍数性 *Fragaria* 種と近縁度が高いと考えられている。しかし，どの種がどのゲノムの祖先種であるのか等，詳細については未解明のままである。

本研究では，*F. × ananassa* のゲノム構成，および各ゲノムの祖先種の 2 つの謎を解決するツールとして，構成ゲノムを特異的に検出できるゲノム特異的 DNA マーカーの開発を試みた。ゲノム特異的マーカーの概念図を Fig. 1 に示す。*F. × ananassa* で従来開発されてきた DNA マーカーは，AFLP, RAPD, Inter Simple Sequence Repeat (ISSR), SSR 等，基本的に全ゲノムを対象とした非特異的な PCR 増幅によるものであったため，各ゲノムの遺伝様式を個別に観察することは困難であった。一方，ゲノム特異的マーカーは，Fig. 1 で示すように特定のゲノムのみを PCR 増幅の対象とするため，後代への遺伝様式を詳細に解析することで，各ゲノムの遺伝様式が判定可能と考えられた。多くの倍数性植物では，アイソザイムの後代でのヘテロ接合体の出現比から遺伝様式が特定されているが (Soltis et al., 1993)，ゲノム特異的マーカーは，アイソザイムと同様に共優性的性質を持つ上に，より簡易・大量の検定が期待できる。また，ゲノム特異的マーカーのゲノム選択性を利用すれば，多くの *Fragaria* 属野生種の同祖ゲノムの中から *F. × ananassa* 構成ゲノムと共通するゲノムだけを個別に検出することができ，どの構成ゲノムがどの祖先種由来であるのか，詳細な解析も可能と思われる。

倍数性作物で最も研究の進んでいるコムギではゲノム

特異的マーカーの報告も多いが、栄養繁殖性で遺伝的に固定していない倍数性作物では、計画的にゲノム特異的マーカーを作出する方法は開発されていない。本章ではその方法を試案し、ゲノム特異的マーカーの開発を通して、ゲノム構成および各ゲノムの祖先種を解明する一助とすることを目的とした。第2節では、本研究の多型検出に Cleaved Amplified Polymorphic Sequence (CAPS) 法を採用するに当たり、従来法にしたがって *F. × ananassa* で CAPS マーカーを開発し、その特徴を確認した。また、従来法(ゲノム非特異的マーカー)で倍数性作物を解析することの弱点を確認した。第3節では、第2節で得た知見を基に、同祖遺伝子群の塩基配列をクラスター分析にかけることによりゲノム構成を再現し、第2節で作成した CAPS マーカーをゲノム特異的マーカーと推定されるマーカーに改良した。第4節では、第3節で改良したマーカーの後代への遺伝様式を調査し、これらが真にゲノム特異的マーカーであるか否かを検討した。また、その結果を踏まえて、*F. × ananassa* のゲノム構成について考察した。第5節では、開発したゲノム特異的マーカーを用いて、*F. × ananassa* を構成するゲノム祖先種の推定を試みた。

2 ゲノム非特異的 DNA マーカーの開発

遺伝解析に用いられる分子マーカーには様々な種類がある。最も歴史が深いのはアイソザイムであり、発現した酵素タンパク質によって間接的に遺伝子解析を行う方法である。しかし、大量開発が困難なこともあり、最近では、より直接的な DNA マーカーに取って代わられつつある。

DNA マーカーにも様々な手法があり、Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP) 法は、特定の制限酵素で切断した DNA 断片を電気泳動で分離した後、プローブをハイブリダイズさせることにより、DNA 多型を検出する方法である。この方法は、大量かつ純度の高い DNA を必要とし、かつハイブリダイゼーション等の手順も煩雑であるため、最近では PCR をベースとした DNA マーカーの使用が一般的となった。DNA を増幅し、その反応生成物を制限酵素で切断する手法である CAPS (PCR-RFLP と同いう) 法は、PCR に用いるプライマー設計のためにゲノム情報が必要であるという点、また、適した制限酵素の探索が必要であるという点からマーカー開発効率はやや劣るが、一度開発してしまえば、検出操作は単純であり、簡易な機器で可能であるため汎用性は高く、かつ再現性も高い。生物の

単純反復配列における多様性を利用した SSR 法は、操作がより簡易で再現性も高い方法である。しかし、開発にはゲノムライブラリの作成等、多くの労力を要し、また検出には高価な機器が必要で汎用性はやや劣る。Single Nucleotide Polymorphism (SNP) を利用する方法は、開発も比較的容易で、再現性も高いが、やはり検出に高額機器を要する。これらの方法で開発されるのは、一般に共優性マーカーである。

これらに比してマーカー開発効率が格段に優れているのが、RAPD 法、AFLP 法、ISSR 法である。RAPD 法は、ランダムプライマーを用いて、ゲノム上の不特定の領域から多様な DNA 断片を一度に検出する方法であり、最も簡易で効率の良い方法とされている。しかし再現性は低く、使用機器など、少しの条件変化で結果が左右されるという欠点がある。AFLP 法は、制限酵素処理により断片化した DNA にアダプターを付加し、PCR でこれらの断片長を検出する方法である。本法はマーカー開発効率が高く、RAPD 法より再現性も優れているが、CAPS 法や SSR 法に比べるとまだ再現性は低く、検出操作が煩雑で多くの技術力を要する。ISSR 法は、個体の保有する不特定の SSR 配列を利用して、SSR 間の領域を一度に増幅する方法であるが、SSR 法ほど再現性が高くなく、検出にアクリルアミドゲルを要することもあり、あまり用いられていない。これらの方法で開発されるマーカーは、一般に優性マーカーである。

研究に着手した 2001 年時点、*Fragaria* 属では既に様々なマーカーが開発、利用されていた。アイソザイムを用いた遺伝解析 (Arulsekar et al., 1981)、RFLP を用いた種分類 (Harrison et al., 1997)、RAPD や AFLP を用いた品種識別や系統樹作成が主なものである (Degani et al., 1998, 2001)。主流となったのは RAPD や AFLP マーカーであるが、これらに共通して言えることは、PCR 増幅のターゲットを特定の座に絞っていないため、一度に多くの多型を得られること、その結果としてやや再現性が劣ること、一般に優性マーカーであることが挙げられる。

本研究では、開発したマーカーを品種識別に利用することが想定されたため、操作が簡易で汎用性が高く、かつ比較的再現性が高いとされる CAPS 法 (Kaundun et al., 2003) を用いるのが適当と判断した。

栽培イチゴでは、CAPS マーカーを含め、PCR を基盤とする共優性 DNA マーカーの報告がなかった。このため、我々はゲノム特異的マーカーの開発に先立って、既報に準じた方法で CAPS マーカーを開発し、八倍体

である栽培イチゴにおいて共優性マーカーが検出する多型にはどのような特徴があるのか、また PCR 産物の特徴についても解明を試みた。

a 材料および方法

1) 植物材料

Table 1 に示す 16 品種の栽培イチゴ株（野菜茶業研究所維持）を DNA 抽出および CAPS 分析に使用した。また、‘女峰’、‘とちおとめ’、‘さちのか’、‘章姫’の株（栃木県農業試験場維持）、および店舗で購入した‘女峰’、‘とちおとめ’、‘さちのか’、‘レッドパール’の果実を再現性確認試験に供試した。

2) 植物体からの DNA 抽出

マーカー開発には DNeasy Plant Mini kit (Qiagen) を推奨プロトコルに従って使用した。再現性確認試験では、DNeasy による方法とともに、以下に述べる抽出方法も検討した。

約 100mg の葉、萼片または果肉に 400 μ L の抽出バッファー (0.1 M NaOAc, 50 mM EDTA, 0.5 M NaCl, 0.5% polyvinylpyrrolidone [PVP; mol. wt. 4 000], 1.4% sodium dodecyl sulfate [SDS, pH 5.5]) を加え、破碎した。破碎後、抽出バッファーで 750 μ L に調整し、65 $^{\circ}$ C で 10 分間インキュベートした後、15,000 rpm、室温で 10 分間遠心分離した。上清に 1/3 vol. の 5M KOAc を加え、15 分間氷上に放置し、15,000 rpm、4 $^{\circ}$ C で 10 分間遠心分離した。得られた上清から、通常のイソプロパノール沈殿法により DNA を得た。この DNA 沈殿を TE バッファーに溶解し、5 μ g の RNase を加えて 65 $^{\circ}$ C で 10 分間インキュベートした。次に DEAE-Sephadex (Pharmacia A-25) 樹脂により DNA 溶液中の多糖類を

除去した。具体的には、洗浄バッファー (10 mM Tris \cdot HCl, 1 mM EDTA, 0.4 M NaCl) で平衡化した樹脂 200 μ L をカラムに詰め、DNA 溶液を通過させた。その後洗浄バッファー 200 μ L でカラムを 2 回洗浄後、55 $^{\circ}$ C に温めた溶出バッファー (10 mM Tris \cdot HCl, 1 mM EDTA, 2 M NaCl) 200 μ L で DNA を溶出した。溶出バッファーを TE バッファーで置換したものを DNA 溶液として PCR 増幅に使用した。

3) CAPS マーカーの開発

DNA Data Bank of Japan (<http://srs.ddbj.nig.ac.jp/index-e.html>) に登録されている *Fragaria* 属のゲノム塩基配列情報から、ランダムに 34 の遺伝子をマーカーのターゲットとして選択した。次に、イントロン領域を含んだ 350-650 bp の PCR 産物が増幅されるように、遺伝子ごとにプライマーペアを設計した。以下の解析は各遺伝子について行った。‘女峰’、‘とちおとめ’、‘さちのか’、‘レッドパール’および ‘Cesena’ において得られた PCR 増幅産物を用いて、品種あたり 5 クローンの塩基配列を決定した。合計 25 の配列を比較することにより品種間多型を予測し、117 の制限酵素からこれらを検出できるものを全て選出した。次に、実際に PCR 産物を各制限酵素で処理し、多型が検出できたものをマーカーとした。PCR 増幅量が少ない場合や多型検出が安定しない場合は、プライマー配列を再設計した。

4) 塩基配列の決定

PCR 増幅産物を pGEM-T Easy Vector (Promega) にサブクローニングし、ヒートショック法により大腸菌株 DH5 α に導入した。各遺伝子増幅産物について品種

Table 1 Strawberry cultivars used in this study, their parents and origin.

Cultivar	Parents	Origin
Toyonoka (とよのか)	Himiko \times Harunoka	Japan
Nyoho (女峰)	[Donner \times (Harunoka \times Donner)] \times Reiko	Japan
Tochiotome (とちおとめ)	Kurume 49 \times Tochinomine	Japan
Akihime (章姫)	Kunowase \times Nyoho	Japan
Sachinoka (さちのか)	Toyonoka \times Aiberry	Japan
Aiberry (アイベリー)	unpublished	Japan
Redpearl (レッドパール)	Aiberry \times Toyonoka	Japan
Nou-Hime (濃姫)	Aiberry \times Nyoho	Japan
Sanchiigo (サンチーゴ)	(Aiberry \times Hokowase)- ^a \times Toyonoka-s	Japan
Pistro (ピーストロ)	(Akanekko \times Aiberry) \times (Rindamore \times Toyonoka)	Japan
Aistro (アイストロ)	[(Rindamore \times Cruz) \times Nyoho] \times Reiko	Japan
Beni hoppe (紅ほっぺ)	Akihime \times Sachinoka	Japan
Keiki wase (けいきわせ)	Asuka Wave \times Akihime	Japan
Kurume IH-1 (久留米IH1号)	Toyonoka \times F. nilgerrensis (var. Yunnan), followed by diploidization	Japan
Cesena	Tago \times MDUS 3816	Italy

^a-s = progeny of a self-crossed population.

あたり5個のコロニーをブルーホワイトセレクションでランダムに選抜して培養し、抽出したDNAを鋳型に、DNAシーケンサー (ABI373) で塩基配列の決定を行った。

5) CAPS 分析法

抽出DNA10倍希釈液 2 μ L (DNA量 1-5 ng), rTaqポリメラーゼ (Takara) 1U, 添付dNTPs 1.6 μ L, 添付バッファー 2 μ L, プライマー各 20 pmolを滅菌水で20 μ Lに調整したものをPCR溶液として用いた。増幅反応はGene Amp 9700 (Applied Biosystems) にて行った。PCRプログラムは次の通り、94 $^{\circ}$ C 5分, (94 $^{\circ}$ C 30秒・55 $^{\circ}$ C 30秒・72 $^{\circ}$ C 30秒) \times 35サイクル, 72 $^{\circ}$ C 5分とした。PCR増幅後の反応溶液 5 μ Lに対し、適切な制限酵素4Uおよびバッファーを加え、10 μ Lに調整して2時間インキュベートした。制限酵素反応後、溶液全量を2%アガロースゲル電気泳動にて分離し、多型の検出を行った。

b 結果

1) 栽培イチゴにおける多型の特徴およびマーカー開発効率

5品種に由来する25クローンの塩基配列を比較した結果、解析した34座全てについて、点変異、挿入配列、欠失等の多型が多く見つかった。クローンは比較的多様性に富み、保存領域は80~95%程度であった。一例としてcystathione gamma synthase (CYT) の解析では20種類のクローンが検出され、同一品種に由来する5クローンは全て異なるものであった (以上、データ省略)。

検出された多くの多型の中から、品種間で異なる可能性があり、かつ制限酵素処理により検出可能と思われるものを、アラインメントデータを基に選抜した。34遺伝子について、117種の制限酵素処理を想定した結果、344の遺伝子と制限酵素の組み合わせ (以下CAPSと呼ぶ) が選抜された。しかし実際に処理を行ってみると、わずか21のCAPSで多型が検出されたのみであった (Table 2)。これら21のCAPSは14遺伝子に由来し、検討した残りの20遺伝子では全く多型が得られなかった。この予想と結果の相違は、比較に用いた塩基配列情報が不十分であったために起こったと考えられる。八倍体である栽培イチゴからのPCR産物には、一品種につき最大8種類のクローンが含まれている。それにも関わらず、本試験では最大5クローンの情報しか得ていない

ため正しい品種間比較ができず、実際よりも過剰なCAPSを予測したのであろう。

2) 栽培イチゴにおけるCAPSマーカーの特徴

開発した21のCAPSをTable 2に示す。CAPS名は、増幅した遺伝子の略称と処理する制限酵素名の組み合わせとした。21のCAPSは性質上、1) 1つの多型のみを検出するもの (16CAPS, 例: CHI-*Pvu* II, Fig. 2-II), 2) 2つの独立した多型を同時に検出するもの (4CAPS, 例: APX-*Mlu* I, Fig. 2-I), 3) 葉緑体DNA由来の配列を用いたため、明瞭な単一バンドが検出されるもの (1CAPS: tRNA-*Bse*G I, データ省略) の3種に分類できた。

栽培イチゴでのCAPSマーカーの最大の特徴は、二倍体植物の場合と異なり、電気泳動で検出される多型バンドが比較的不明瞭なことである。CAPSマーカーのプライマーはターゲット遺伝子の保存領域に設計されており、八倍体イチゴの持つターゲット遺伝子の全ての座を増幅することになる。しかし、最大8種の増幅産物中で多型バンドを生ずるのはわずか1~2種であるため、このような現象が起こると考えられる。もうひとつの特徴は、二倍体植物の場合とは異なり、ヘテロ接合体とホモ接合体の区別ができないことである。このため、原理的には共優性マーカーでありながら、遺伝解析においては優性マーカーとして扱わねばならない。

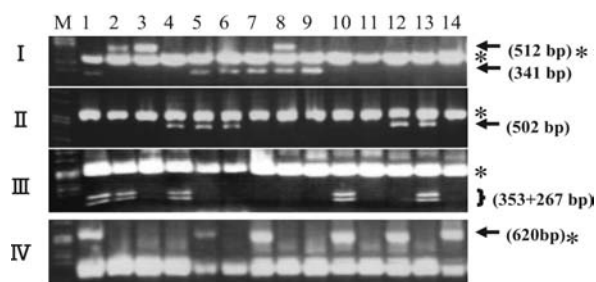


Fig. 2 Electrophoresis patterns of DNA fragments amplified from commercial strawberry cultivars by CAPS method.

Arrows and brace indicate polymorphic bands; asterisks show original positions of amplified products before treatment with restriction enzymes. Fragment sizes were calculated from sequence data.

I, APX-*Mlu* I; II, CHI-*Pvu* II; III, F3H-*Nco* I; IV, F3H-*Hpa* II

1, 'Toyonoka'; 2, 'Nyoho'; 3, 'Tochiotome'; 4, 'Akihime'; 5, 'Sachinoka'; 6, 'Aiberry'; 7, 'Redpearl'; 8, 'Nou-Hime'; 9, 'Sanchiigo'; 10, 'Pistro'; 11, 'Aistro'; 12, 'Beni hoppe'; 13, 'Keiki wase'; 14, 'Kurume IH-I'; M, size markers

3) 再現性の確認

以下の4つの実験条件を変動させ、それぞれの結果を比較して、開発したCAPSマーカーの再現性を検証した。変動させた条件は、1) DNA抽出法—DNeasy Plant Mini kit法とDEAE樹脂精製法、2) DNA抽出組織—葉、萼片および果肉、3) 分析者—4名、4) 品種株—野菜茶業研究所維持の14品種、栃木県農業試験場維持の4品種および市販の4品種、の4条件である。その結果、全ての試験において検出された多型が一致し、本技術の再現性が確認された (Fig. 3)。

幅反応のみで解析できるマーカーとは異なり、制限酵素処理が必要である。また、AFLPやISSRのように一度

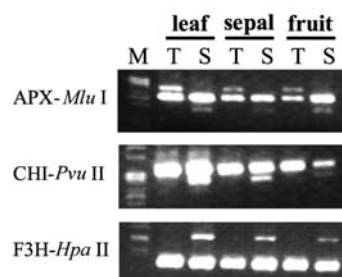


Fig. 3 Comparison of polymorphic patterns among leaf, sepal, and fruit of strawberry plant. M, size markers; T, Tochiotome; S, Sachinoka

c 考察

CAPSマーカーは、RAPDやISSRのようにPCR増

Table 2 Primer sequences and endonucleases for the CAPS markers developed.

CAPS ^a	Primer	Sequence	Endonuclease	Number of polymorphic fragment
DFR- <i>Hin6</i> I	DFR-Fw DFR-Rv	5'-GTTTCGTCGGTTGATGGCTCGTC-3' 5'-CCTCCGAAGTGTCTTTGCTTTGAG-3'	<i>Hin6</i> I	one
APX- <i>Mlu</i> I	APX-Fw APX-Rv	5'-ATTGTTGCTCTCTCTGGTGGTC-3' 5'-AGAGGGCGGAAGACAGGG-3'	<i>Mlu</i> I	two
APX2- <i>Dra</i> I	APX2-Fw APX2-Rv	5'-CAGAGGCCTCATCGCCG-3' 5'-TCAGGTCCACCGTGACC-3'	<i>Dra</i> I	two
APX2- <i>Taq</i> I			<i>Taq</i> I	one
CHI- <i>Pvu</i> II	CHI-Fw CHI-Rv	5'-AGGAGTTGACAGAGTCGGTTG-3' 5'-GGACCTGCAAAATGATAGCCAAG-3'	<i>Pvu</i> II	one
F3H- <i>Nco</i> I			<i>Nco</i> I	one
F3H- <i>Eam</i> 1104 I			<i>Eam</i> 1104 I	one
F3H- <i>Hpa</i> II	F3H-Fw F3H-Rv	5'-AMCCTGTGGAAGGACCTTTCG-3' 5'-GAGTTCACTACKGCCTGGTGATC-3'	<i>Hpa</i> II	one
F3H- <i>Dde</i> I			<i>Dde</i> I	one
F3H- <i>Acc</i> I			<i>Acc</i> I	two
CT11- <i>Hinf</i> I	CT11-Fw CT11-Rv	5'-CTGCAGCCTTCTAATGATCAACACC-3' 5'-GTAGCCCACCCGCTG-3'	<i>Hinf</i> I	one
MSR- <i>Alu</i> I	MSR-Fw MSR-Rv	5'-CTTTTKGTTTTGCATATTTGTGGGC-3' 5'-CAAGTAAACATATTGGTGCCTTGAGC-3'	<i>Alu</i> I	one
PGP- <i>Acc</i> I	PGP-Fw PGP-Rv	5'-CAAATCCCCGCCAAGTCG-3' 5'-CGAATATCATTGACGCGTCTCCTTC-3'	<i>Acc</i> I	one
PGP- <i>Rsa</i> I			<i>Rsa</i> I	two
AUB- <i>Hin6</i> I	AUB-Fw AUB-Rv	5'-GTTGTGCTTGCTTTTCTCTCTGC-3' 5'-GCCTGTGTATCGGTGTGCC-3'	<i>Hin6</i> I	one
OLP- <i>Dde</i> I	OLP-Fw OLP-Rv	5'-TGTGTCCAAAACCGATCAGTATTGC-3' 5'-TCTTTCAGAGTGGTACGTACCCC-3'	<i>Dde</i> I	one
CT12- <i>Mbo</i> I	CT12-Fw CT12-Rv	5'-GTCAAACCTCTCACGAAACCACT-3' 5'-CTCCGATTGCCTTACCCGC-3'	<i>Mbo</i> I	one
CYT- <i>Bsa</i> B I	CYT-Fw CYT-Rv	5'-CTTTGGTGGTTGTGAGAGCATCG-3' 5'-CCGTAAGTACTGAGCCTATCTGACTGG-3'	<i>Bsa</i> B I	one
tRNA- <i>Bse</i> G I	tRNA-Fw tRNA-Rv	5'-CATTTACAAACAGATCTGAGCGG-3' 5'-TTATTTGAACTGGTGACACGAGGA-3'	<i>Bse</i> G I	one
PYD- <i>Cfr</i> 13 I	PYD-Fw PYD-Rv	5'-TGCTTTCAGACCGTGACTTGC-3' 5'-TGCAGCCTCTAGTCCCCAC-3'	<i>Cfr</i> 13 I	one
PYD- <i>Hae</i> III			<i>Hae</i> III	two

^aDFR, dihydroflavonol 4-reductase; APX, ascorbate peroxidase; CHI, chalcone isomerase; F3H, flavanone 3-hydroxylase; CT11, chitinase 2-1; MSR, methionine sulfoxide reductase; PGP, polygalacturonase inhibitor protein; AUB, auxin-binding protein; OLP, osmotin-like protein; CT12, chitinase 2-2; CYT, cystathionine gamma synthase; tRNA, tRNA-Leu (trnL) and tRNA-Phe (trnF) genes; PYD, pyruvate decarboxylase

に検出できる多型も多くない。しかし操作は単純で、高度な技術や高価な機器が必要ないため、汎用性が高い。何よりも、他のマーカーに比して再現性が高い。安定なマーカーの条件は、PCR増幅のターゲットが絞られており類似配列を持つ座との競合が起こらないことであり (Halldén et al., 1996), 一般に CAPS (および SSR) はこの条件を満たしている。

しかし栽培イチゴでは、八倍体という高次倍数性に起因して、検出される多型バンドが相対的に薄く不明瞭な傾向にある。八倍体イチゴは複数のゲノムの複合体と推定されており、1つの遺伝子について複数の同祖遺伝子座を有していると考えられる。このため PCR 増幅を行うと、多型バンドを生ずる遺伝子座の他に、多くの同祖遺伝子座が同時に増幅されてしまうため、このような問題が起こるのであろう。Fig. 3 の果肉の分析結果からも推定できるように、多型バンドが相対的に薄いと、PCR 増幅量が不十分な場合に判断ミスにつながる可能性が高い。さらに、開発した CAPS マーカーは、分析を繰り返すと、時々、全増幅量が十分であっても多型バンドが極端に薄くなるケースが見られた (データ省略)。これは、同祖遺伝子座間で PCR 増幅の競合が起こるため、多型バンドの増幅量が不安定になったものと考えられる。理論的に最も競合の起こりにくい CAPS 法であっても、倍数体植物においては同祖遺伝子座間の競合が起こり、再現性が低下した。おそらく SSR でも、CAPS 同様に再現性が不安定となることが予想される。こうした CAPS や SSR マーカーは、単一ゲノムのみを増幅するゲノム特異的マーカーに改良することにより、前述の「不明瞭バンド」と「競合による再現性低下」の問題を解決することができるであろう。

一方で、PCR 増幅産物の塩基配列情報からは、単一品種由来の遺伝子増幅産物が非常に雑多であり (おそらく最大 8 種)、多型も豊富であることが判明した。これらの多型は、構成ゲノムごとに特有の配列を持つ「ゲノム間多型」と、「対立遺伝子間多型」(品種間多型に相当する)に区別できると思われたが、一見したところでは判別がつかなかった。次節では、統計的手法を用いてこれらの多型を判別し、「ゲノム間多型」と想定される配列を利用してゲノム特異的マーカーの開発を試みた。

3 ゲノム特異的 DNA マーカーへの改良

高次倍数体植物として最も研究が進んでいるのはコムギであろう。パンコムギは AABBDD のゲノム構成を持つ異質六倍体であり、ゲノム特異的マーカーの作成は

比較的容易である (Bryan et al., 1999)。品種は概ね固定されたホモ接合体であるため、PCR 増幅産物は 3 種類しかなく、これらの塩基配列からゲノム間多型が容易に特定できる。また、A, B および D の各ゲノムの祖先種が既に解明されており、ある祖先種で開発した SSR マーカーは約半数がゲノム特異的となったとの報告もある (Guyomarç'h et al., 2002)。これに対して栽培イチゴは、栄養繁殖性のため遺伝的に固定化されることはほとんどなく、ゲノム間多型と対立遺伝子間多型を区別することが容易ではない (第 2 節参照)。またゲノム構造、祖先種ともに解明されていないため、祖先種由来のマーカーからゲノム特異的なものを選抜することもできない。

一方で、栽培イチゴの cDNA ライブラリから単離された APX (アスコルビン酸ペルオキシダーゼ) 遺伝子について興味深い報告があった。Kim ら (2001) によると、品種 'Yoho' のライブラリから単離された APX 配列は全部で 9 種類あり、これらをアミノ酸配列に翻訳すると 4 種類にまとめられた。基本的に 2~3 種類の DNA 配列が 1 種類のアミノ酸配列に対応していた。彼らは高次倍数体における遺伝子の共発現に言及をとどめているが、筆者らは、この結果からひとつの仮説を立てた。9 種類の配列のうち 1 種はわずかに 1 塩基の違いで区別されていたことから、これが単純なシーケンスミスか増幅時のミスと仮定すれば、1 品種中に含まれる 8 種の APX 配列が、2 種ずつ 4 つのグループに分類できると解釈できる。このグループが、栽培イチゴのゲノム構成を反映している可能性は十分にある。そこで、第 2 節で得た遺伝子増幅クローンの塩基配列情報についても、遺伝子ごとに統計的分類 (クラスター分析) を行えば、ゲノム構成を反映した配列の群分けが可能であり、特定の群に特異的な「ゲノム間多型」を選択的 PCR に利用することで、CAPS マーカーをゲノム特異的マーカーに改良できるのではないかと考えた。

a 材料および方法

1) クラスター特異的プライマーの設計

第 2 節で、遺伝子あたり 5 品種 25 クローンの塩基配列を決定した。これらを分類するために、Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean (UPGMA) 法によるクラスター分析を行った。分析ソフトは GENETYX (Genetyx) を利用した。分析によって、クローンは数個のクラスターに分類されるが、この中から選択的 PCR 増幅のターゲットとするクラスターを選び、このクラスターに

特異的な配列を利用してプライマーを設計した。プライマーは Forward, Reverse 共に数種設計し、最も明瞭な多型バンドが得られた組み合わせを改良型 CAPS マーカー用のプライマーペアとした。

2) クラスタ特異的プライマーによる分析

本章第2節の「a 材料および方法/5) CAPS 分析法」に従った。

b 結果

1) クラスタ分析による遺伝子増幅産物の分類

ゲノム特異的マーカー用のプライマーを設計するためには、ターゲットゲノムに特異的な配列を特定する必要がある。そこで各遺伝子から増幅された 25 クローン塩基配列に基づいてクラスタ分析し、分類した。分析対象は、第2節で多型が得られた 20 個の CAPS (葉緑体 DNA 由来の tRNA は除外) が由来する 13 遺伝子から増幅したクローン群である。

その結果、どの遺伝子においても、クローン群は大きく 3~4 のクラスタに分類された (Fig. 4)。またこれらの分類は、クローンの由来する品種とは無関係であり、同一品種由来のクローンが複数のクラスタに散在していた。次に、得られた樹形図がゲノム構成を反映していると仮定し、選択的 PCR のターゲットとすべきクラスタを検索した。第2節での CAPS マーカーの開発により、制限酵素で認識される品種間多型を保有するクローンは明らかになっていたため、これが属しているクラスタをターゲットとした。例えば MSR-*Alu* I の場合 (Fig. 4)、星印で示した 3 クローン (S1, N2, N3) が制限酵素 *Alu* I 認識配列を保有して多型バンドを生ずるが、これらは全て第3クラスタに属していた。そこで、第3クラスタに特異的な配列を探索し、ここに属するクローンのみを増幅するようにプライマーを設計した (Fig. 5)。分析した大部分の遺伝子において、同一の多型バンドを生ずるクローンは全てひとつのクラスタに集中しており、ターゲットクラスタの決定は容易であった。複数の独立した多型バンドを生ずる遺伝子の場合にも、同一の多型を生ずるクローンは特定のクラスタに集中していた。しかし、異なる多型を生ずるクローンが同一クラスタに属するか、別のクラスタに属するかは様々であった。APX-*Mlu* I (Fig. 6, B-a) の場合、512 bp の多型バンドを生ずるクローンと、341 bp の多型バンドを生ずるクローンは同一のクラスタに属していた。一方、PYD-*Hae* III (Fig. 6, C-a) の場合、412

bp を生ずるクローンと、302/281 bp を生ずるクローンは別のクラスタに属していた。別のクラスタに属する複数の多型がある場合には、各クラスタについて特異的プライマーを設計し、多型を個別に検出した。

2) 改良型 CAPS マーカーの特徴

改良型 CAPS マーカーに関する情報を Table 3 に示す。葉緑体 DNA 由来のマーカーは改良を行っていないが、開発マーカー一覧表として併記した。改良型 CAPS 名に (N) がついているものは、原著論文 (Kunihisa et al., 2005) 報告後、更にプライマー配列に改良を加えたものであるが、基本的に同一の多型を検出対象とした等価なものである。前述したように、改良前はひとつの CAPS で検出できた 2 種類の多型が、改良によって別々の特異的プライマーで検出されるようになったケースもあることから、改良後の CAPS 数は 21 から 25 に増加している。

APX, APX3, APX4 の 3 つは、それぞれ APX 遺伝子の異なるクラスタに特異的な PCR 増幅産物である。F3H/F3H3, PGPA/PGPB, PYDA/PYDB も同様に、

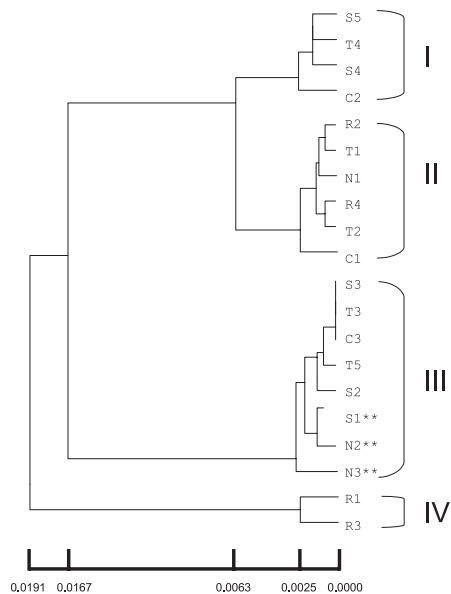


Fig. 4 Classification of clones amplified from the methionine sulfoxide reductase (*MSR*) gene of five strawberry cultivars by their sequences (604 to 618 bp).

We used the UPGMA method to perform this classification, dividing the clones among clusters I through IV.

S1-S5, clones from 'Sachinoka'; T1-T5, clones from 'Tochiotome'; N1-N3, clones from 'Nyoho'; R1-R4, clones from 'Redpearl'; C1-C3, clones from 'Cesena'. Double asterisks indicate clones assumed to produce polymorphic bands after *Alu* I digestion.

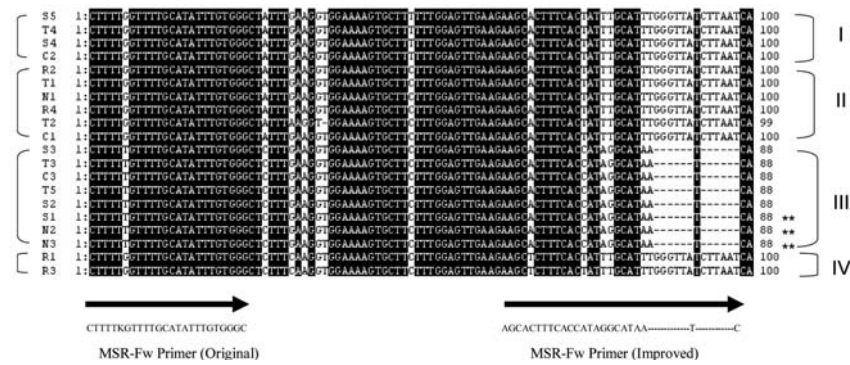


Fig. 5 Design of forward primer for cluster III-specific amplification for improvement of the MSR-*Alu* I marker.

S1-S5, clones from 'Sachinoka'; T1-T5, clones from 'Tochiotome'; N1-N3, clones from 'Nyoho'; R1-R4, clones from 'Redpearl'; C1-C3, clones from 'Cesena'.

Double asterisks indicate the clones assumed to produce polymorphic bands after *Alu* I digestion. Arrows parallel to sequences show the positions of primers.

The original primer was designed to amplify all clones (regardless of cluster). The improved primer was designed to amplify only cluster III clones.

Table 3 Primer sequences, endonucleases and revealed polymorphisms for the improved CAPS markers.

Original CAPS	Improved CAPS	Primer	Sequence	Endonuclease	Revealed genotypes and standard length of polymorphic bands (bp) ^a
DFR- <i>Hin</i> 6 I	DFR- <i>Hin</i> 6 I	DFR-Fw DFR-Rv	5'-GAGACCTGGTCCGTCG-3' 5'-CCTCCGAACGTCTTTGCTTTGAG-3'	<i>Hin</i> 6 I	A: 553+385+168 X: 553
APX- <i>Mlu</i> 1	APX- <i>Mlu</i> 1	APX-Fw APX-Rv	5'-GTGGTACACCTTTGGTGC-3' 5'-AGTATAATATTTAAGCAGAATGCAGACTTC-3'	<i>Mlu</i> 1	AA: 567 BB: 488 CC: 408 AB: 567+488 BC: 488+408 AC: 567+408
APX2- <i>Dra</i> 1	APX2- <i>Dra</i> 1	APX2-Fw APX2-Rv	5'-CAGAGGCCTATCGCCG-3' 5'-TCAGGTCCACCGGTGACC-3'	<i>Dra</i> 1	A: 508+375+123 X: 375+123
	APX3- <i>Dra</i> 1(N)	APX3-Fw APX2-Rv	5'-GGCCTCATCGCCGAG-3' 5'-TCAGGTCCACCGGTGACC-3'	<i>Dra</i> 1	A: 397 B: 348 H: A+B
APX2- <i>Taq</i> 1	APX4- <i>Taq</i> 1(N)	APX4-Fw APX2-Rv	5'-CTCCGATCCCTATCTTTTCTTT-3' 5'-TCAGGTCCACCGGTGACC-3'	<i>Taq</i> 1	A: 441 B: 309+132 H: A+B
CHI- <i>Pvu</i> II	CHI- <i>Pvu</i> II	CHI-Fw CHI-Rv	5'-AGGAGTTGACAGATCGGTTG-3' 5'-GACTTGTGAGTATGATAGTCTGCTG-3'	<i>Pvu</i> II	A: 531 B: 418 H: A+B
F3H- <i>Nco</i> 1	F3H- <i>Nco</i> 1(N)	F3H-Fw F3H-Rv	5'-ACCATGGACATGTGAGTATACTTT-3' 5'-ACTAAGGAACCTACTACTAACCA-3'	<i>Nco</i> 1	A: 426 B: 314 H: A+B
F3H- <i>Eam</i> 1104 I	F3H- <i>Eam</i> 1104 I(N)	F3H-Fw F3H-Rv	5'-ACCATGGACATGTGAGTATACTTT-3' 5'-ACTAAGGAACCTACTACTAACCA-3'	<i>Eam</i> 1104 I	A: 428 B: 357 H: A+B
F3H- <i>Hpa</i> II	F3H2- <i>Hpa</i> II(N)	F3H-Fw F3H2-Rv	5'-ACCATGGACATGTGAGTATACTTT-3' 5'-CCCAAATATGTGCAATACATATACGAT-3'	<i>Hpa</i> II	A: 505+280+225 X: 280+225
F3H- <i>Dde</i> 1	F3H2- <i>Dde</i> 1(N)	F3H-Fw F3H2-Rv	5'-ACCATGGACATGTGAGTATACTTT-3' 5'-CCCAAATATGTGCAATACATATACGAT-3'	<i>Dde</i> 1	A: 505+411 X: 411
F3H- <i>Acc</i> 1	F3H3- <i>Acc</i> 1(N)	F3H3-Fw F3H3-Rv	5'-TAATAGGCTAGTGCCTGG-3' 5'-ACCCAAATAATGTGCAATACATATAAGAC-3'	<i>Acc</i> 1	A: 327 B: 249 H: A+B
CT11- <i>Hinf</i> 1	CT11- <i>Hinf</i> 1	CT11-Fw CT11-Rv	5'-TTCTAATGATCAACACCTACTTTCC-3' 5'-GTAGCCACCCGCTG-3'	<i>Hinf</i> 1	A: 515 B: 432 H: A+B
MSR- <i>Alu</i> 1	MSR- <i>Alu</i> 1	MSR-Fw MSR-Rv	5'-AGCACTTTCACCATAGGCATAATC-3' 5'-CCTTGAGCATAAATGAAGTGGCA-3'	<i>Alu</i> 1	A: 525 B: 276+249 H: A+B
PGP- <i>Acc</i> 1	PGPA- <i>Acc</i> 1(N)	PGP-FwA PGP-RvA	5'-CCTCACCTTCTCGAGTCC-3' 5'-AAGTCTATCCGATCAAAGTTCATG-3'	<i>Acc</i> 1	A: 400 B: 288 and/or 288- α H: A+B
	PGPA- <i>Rsa</i> 1(N)	PGP-FwA PGP-RvA	5'-CCTCACCTTCTCGAGTCC-3' 5'-AAGTCTATCCGATCAAAGTTCATG-3'	<i>Rsa</i> 1	A: 400+211+189 X: 400
PGP- <i>Rsa</i> 1	PGPB- <i>Rsa</i> 1	PGP-FwB PGP-RvB	5'-ACCTCACCTTCTCGAGTCC-3' 5'-GACAAGTCTATCCGATCAAAGTTCATA-3'	<i>Rsa</i> 1	A: 404 B: 295+109 H: A+B
	AUB- <i>Hin</i> 6 I	AUB- <i>Hin</i> 6 I(N)	AUB-Fw AUB-Rv	5'-GGGTGTTTGTGAATTRGTTTGC-3' 5'-TACATATGCCCCCAGA-3'	<i>Hin</i> 6 I
OLP- <i>Dde</i> 1	OLP- <i>Dde</i> 1	OLP-Fw OLP-Rv	5'-TGTGTCCAAAACCGATCAGTATTGC-3' 5'-TCTTTCAGAGTGGTACGTACCCC-3'	<i>Dde</i> 1	A: 520 B: 415 H: A+B
	CT12- <i>Mbo</i> 1	CT12- <i>Mbo</i> 1(N) CT12- <i>Bsh</i> 1236 I(N)	CT12-Fw CT12-Rv	5'-CAAAGCATGCATGATCGTAGTG-3' 5'-CTCCGATTGCCCTACCCGC-3'	<i>Mbo</i> 1 <i>Bsh</i> 1236 I
CYT- <i>Bsa</i> B 1	CYT- <i>Bsa</i> B 1(N)	CYT-Fw CYT-Rv	5'-CCAGCCATAATGTCTTAC-3' 5'-CCGTAATGAGCCCTATCTGACTGG-3'	<i>Bsa</i> B 1	A: 468 B: 294+174 H: A+B
tRNA- <i>Bse</i> G 1	tRNA- <i>Bse</i> G 1	tRNA-Fw tRNA-Rv	5'-CATTTCACAAACAGATCTGAGCGG-3' 5'-TTATTGAACTGGTGACACGAGGA-3'	<i>Bse</i> G 1	A: 304 X: 381
PYD- <i>Cfr</i> 13 I	PYDA- <i>Cfr</i> 13 I	PYD-FwA PYD-RvA	5'-CTTTCAGGTAAGGAACATGATCAAG-3' 5'-GTAAGAACAATTAACAAAACATAATCTCTA-3'	<i>Cfr</i> 13 I	AA: 497 BB: 475 CC: 373 AB: 497+475 BC: 475+373 AC: 497+373
	PYD- <i>Hae</i> III	PYD-FwB PYD-RvB	5'-CAACTTTGAGTCTTATGATGAATTGA-3' 5'-ACCAAGTAGAACTTACGTAAAGTTA-3'	<i>Hae</i> III	AA: 497 BB: 475 CC: 261+236 AB: 497+475 BC: 475+261+236 AC: 497+261+236

^a Markers with genotypes 'A', 'B', and 'H': 'A' had higher-molecular-weight DNA fragments and 'B' had lower-molecular-weight ones. 'H' was heterozygous for 'A' and 'B'.

Markers with genotypes 'AA', 'BB', 'CC', 'AB', 'BC', and 'AC': 'A' had the highest-molecular-weight DNA fragments; 'B' had DNA fragments of medium molecular weight; and 'C' had fragments of the lowest molecular weight. The genotypes are presented by their combinations.

Markers with genotypes 'A' and 'X': 'A' had polymorphic DNA fragments and 'X' had no polymorphism.

単一遺伝子（それぞれ F3H, PGP, PYD 遺伝子）の別クラスターに特異的な増幅産物である。各クラスターが各構成ゲノムに対応すると仮定すれば、これらは同祖遺伝子を検出するマーカーとも言える。他にはこのような同祖遺伝子由来と考えられるマーカーは得られなかった。

CAPS マーカーの改良の一例として、MSR-*Alu* I を Fig. 6-A に示した。改良によって余剰の PCR 増幅がなくなり、多型が明瞭になっている。更に、二倍体植物での CAPS マーカーと酷似した多型パターンが得られ、

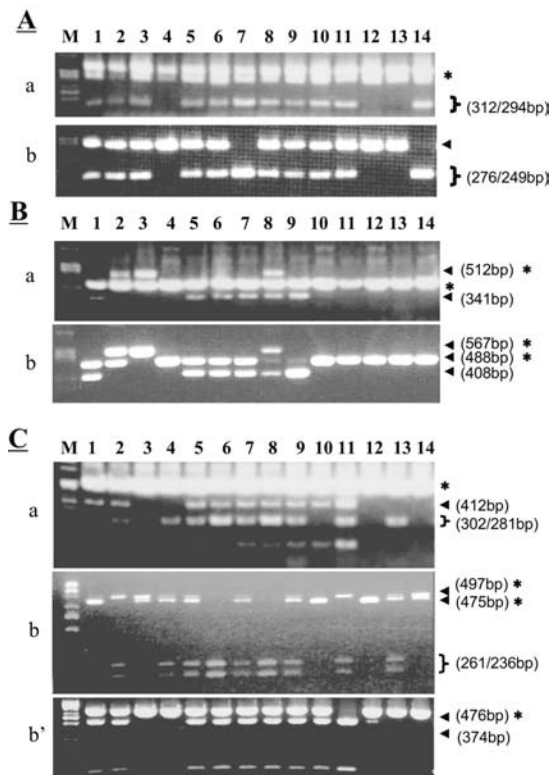


Fig. 6 Examples of CAPS marker improvement by cluster-specific amplification in 14 strawberry cultivars.

A. MSR-*Alu* I markers. (a) Original. (b) Improved.
 B. APX-*Mlu* I markers. (a) Original. (b) Improved. The original version detected two independent polymorphisms in the same cluster.
 C. PYD-*Hae* III markers. (a) Original. (b) Improved, PYDA-*Hae* III. (b') Improved, PYDB-*Hae* III. The original version detected two polymorphisms from different clusters. Cluster-specific amplification was performed by cluster.
 Arrows and braces indicate polymorphic bands, and asterisks show the positions of amplified products before restriction enzyme digestion. Polymorphic band sizes indicated by arrows and braces were calculated on the basis of sequence data.
 1, 'Toyonoka'; 2, 'Nyoho'; 3, 'Tochiotome'; 4, 'Akihime'; 5, 'Sachinoka'; 6, 'Aiberry'; 7, 'Redpearl'; 8, 'Nou-Hime'; 9, 'Sanchiigo'; 10, 'Pistro'; 11, 'Aistro'; 12, 'Beni hoppe'; 13, 'Keiki wase'; 14, 'Kurume IH-1'; M, size markers

改良前には区別できなかったヘテロ接合体（レーン 6）とホモ接合体（レーン 7）が区別できるようになった。レーン 7 がホモ接合体であることは、改良前の多型バンドがヘテロ接合体と比較して濃いことから裏付けられる。APX-*Mlu* I (Fig. 6-B) は、2 種の多型が同一のクラスターに属していたために、改良後も同時に検出可能であった CAPS マーカーである。この CPAS で検出される 3 種のバンドは、決して 3 本同時に検出されることはなく、複対立遺伝子の関係にあると推察された。PYD-*Hae* III (Fig. 6, C-a) は、検出される 2 種の多型が別々のクラスターに属していたために、各クラスターについて別々にプライマーを設計し、PYDA-*Hae* III (Fig. 6, C-b) と PYDB-*Hae* III (Fig. 6, C-b') の二つの CAPS に分離した例である。PYDA-*Hae* III も、497 bp, 475 bp および 261/236 bp の 3 複対立遺伝子を検出していると推察できた。PYD 遺伝子に含まれる 2 つの多型が完全に分離できたことから、PYD 遺伝子は少なくとも独立した 2 つの座を持ち、クラスター特異的に設計したプライマーは、これら 2 座を個別に検出できたと考えられる。

3) 改良の効率

クラスター特異的増幅による改良の効果を、マーカー別に Table 4 に示した。葉緑体 DNA 由来の 1 マーカー (tRNA-*Bse*B I) を除く 24 マーカーのうち、22 マーカーで余剰な増幅産物が減少して多型バンドが明瞭になった。この 22 マーカーのうち、18 マーカーは disomic 遺伝する座を特異的に検出しているような多型パターンを示したが、4 マーカーは 3 種以上の PCR 産物を増幅しているように見えた。改良によって全く明瞭にならなかった 2 マーカー (DFR-*Hin*6 I, APX2-*Dra* I) は、ターゲット遺伝子のクラスター間での配列差異が小さく、特定のクラスターを特異的に増幅するプライマー設計が困難であったことが原因と思われる。

c 考察

本節では、遺伝子の PCR 増幅産物を塩基配列に基づいて分類し、特定のクラスターに特有の配列を選択的 PCR に利用することにより、既存のマーカーをクラスター特異的マーカーへ改良した。

クラスター分析による増幅産物の分類では、対象とした 13 の遺伝子座全てにおいて、クローンが 3~4 のクラスターに分類できた。同一品種から生じたクローンは複数のクラスターに散在しており、由来する品種とクラス

Table 4 Effect of improvement of CAPS markers for strawberry, and markers used to investigate inheritance.

Marker	Effect of improvement	Investigation of inheritance
APX- <i>Mlu</i> I		Done in next section.
APX3- <i>Dra</i> I(N)		
APX4- <i>Taq</i> I(N)		
CHI- <i>Pvu</i> II		
F3H3- <i>Acc</i> I(N)		
CT11- <i>Hinf</i> I		
MSR- <i>Alu</i> I		
AUB- <i>Hin</i> 6 I(N)		
PGPB- <i>Rsa</i> I	Clarified.	
OLP- <i>Dde</i> I	Appear to be specific to single disomic locus.	
PYDA- <i>Cfr</i> 13 I		
PYDA- <i>Hae</i> III		
PYDB- <i>Hae</i> III(N)		
F3H- <i>Nco</i> I(N)		
F3H- <i>Eam</i> 1104 I(N)		
CTI2- <i>Mbo</i> I(N)		
CTI2- <i>Bsh</i> 1236 I(N)		
CYT- <i>Bsa</i> B I(N)		
PGPA- <i>Acc</i> I(N)		Done in next section.
PGPA- <i>Rsa</i> I(N)	Clarified.	
F3H2- <i>Hpa</i> II(N)	Appear to amplify more than two alleles	
F3H2- <i>Dde</i> I(N)		
DFR- <i>Hin</i> 6 I		
APX2- <i>Dra</i> I	Failed to be clarified.	Done in next section.
tRNA- <i>Bse</i> G I	No effect. (Because it was derived from Chloroplast DNA)	

ターの間には明確な関連が見出せなかった。そこで我々は、各クラスターが八倍体イチゴを構成するゲノムに対応していると考えた。言い換えれば八倍体は、3~4種類の異なるゲノムで構成されていると仮説を立てた。

一方で、PYD-*Hae* IIIをはじめとするいくつかのCAPSで一度に検出されていた2種の多型は、改良によって完全に別のクラスター特異的のマーカースに分離された。このことは、PYD等の遺伝子が少なくとも独立した2つの座を保有していることを意味しており、クラスター特異的のマーカースはこれらの座を個別に検出していると言える。これらの座は独立したゲノムに座乗した同祖遺伝子である可能性が高いと考えられる。

更に、クラスター特異的のマーカースでは、大部分において余剰増幅産物の消失が起り、多型が明瞭に検出できるようになった。改良前のCAPSで問題になっていたマーカースの再現性も大幅に向上し、たとえPCR増幅量が十分でなくとも正確な多型が検出できるようになった。特筆すべきは、多くのマーカースが、disomic遺伝をする座を特異的に検出していると推定できる電気泳動像を示したことである。

以上の状況を勘案すると、開発した「クラスター特異的のマーカース」は計画通り「ゲノム特異的のマーカース」である可能性が強く示唆されたが、結論を出すには至らなかった。

た。そこで次節では、改良型マーカースの後代への遺伝様式を観察することで、開発した「クラスター特異的のマーカース」が単一ゲノムに特異的な「ゲノム特異的のマーカース」であるか否か、検証を試みた。

技術上の補足になるが、多くのクラスター特異的のプライマーは3'末端に鍵となる特異的の配列を有している。したがって3'-5'エキソヌクレアーゼ活性のあるポリメラーゼ(ExTaq, LATaq等)をPCR増幅に用いると、特異的の配列の選択性が低下し、非特異的の増幅を起こすことが予備試験で判明している。また、Tm値が55℃より低くなった場合も同様に選択性が低下し、非特異的の増幅をもたらす。

4 ゲノム特異的のDNAマーカースの遺伝様式

*F. × ananassa*の遺伝解析では、後代への遺伝観察で、明確なdisomic遺伝が観察されたという報告がほとんどない。一方、分離比が3:1や1:1に最も適合したという報告は頻りにされている。門馬ら(1990)は四季成形質の分離比が3:1に適合することから、四季成性遺伝子が単一で、メンデル遺伝に従うことを提唱した。Lerceteau-Köhlerら(2003)はマッピングにあたって、1:1に分離するDNAマーカースのみを選抜している。しかしこれらの分離比は、単一の座がメンデル遺伝に従って遺伝することを示唆してはいるが、disomic遺伝の根拠とはならない。同質四倍体または同質八倍体性遺伝であっても、単一の座であればこの分離比に適合するからである。遺伝様式の決定に必要なのは、disomicまたはpolysomic遺伝にそれぞれ特有の分離比を示すことである。また、disomic遺伝の立証法としては、3つ以上の複対立遺伝子が決して同時に検出されないことを示す方法もある(Ashley et al., 2003)。ゲノム特異的のマーカースは理論上、栽培イチゴで初めての実質的の共優性マーカースであり、従来の優性マーカースとは異なる分離特性を示すことが予想される。これまで困難であった遺伝様式観察にとって本マーカースは、新しい解析ツールとなることが期待される。

本節では、開発した「クラスター特異的のマーカース」の遺伝様式を調査し、これらが「ゲノム特異的のマーカース」であるか否かを検証した。更に得られた結果を総合して、最終的に*F. × ananassa*のゲノム構成について言及した。

ただし、本研究では便宜上、マーカースの遺伝様式を検討するに当たり、polysomicであるか、disomicであるかの両極端なケースに限定して検証した。しかし倍数体

の中には、これらの中間に位置する種も存在する。これらの種は、選択的対合により特定の相同染色体と二価対合を起し、概ね disomic な遺伝を示す傾向にあるが、選択性の度合いによっては他の相同染色体と対合する場合もある。本研究では、このような中間的な遺伝様式は考慮していないことを留意しなければならない。

a 材料および方法

1) 植物材料

後代へのマーカーの遺伝様式の検定には5つの交配集団を用いた。各96個体から成る‘さちのか’および‘とちひめ’の自殖集団、各48個体から成る‘女峰’および‘Cesena’の自殖集団、そして96個体から成る‘さちのか’×‘とちおとめ’の交配集団である。‘さちのか’×‘とちおとめ’の交配集団は、APX-*Mlu* I, PYDA-*Hae* IIIの複対立遺伝子の遺伝様式、および「ヘテロ接合型×ホモ接合型」となるマーカーの遺伝様式の検定にのみ用いた。

分離比から disomic と octosomic な遺伝様式を区別するには、優性マーカーの場合、duplex マーカー（それぞれ Aa/Aa/aa/aa, AAaaaaa）を用いて 3:1 と 11:3 の分離比を区別する必要がある。これらを 80% の正確性で区別するには、およそ 1,000 個体を分析しなければならない。本研究においてもこれに相当する規模の解析が望まれるが、実験規模の制約上実施できなかった。したがって、分離比からの遺伝様式の推定は、正確性が劣ることを踏まえた上で行った。

2) 使用した CAPS マーカー

開発したマーカーのうち、分離比観察に供試したマーカーを Table 4（および Table 8）に示した。第3節において、電気泳動像から二倍体の座に特異的と推察された18マーカーのうち、ランダムに選んだ13マーカーを試験に用いた。また、3つ以上の産物を増幅すると推察される4マーカー、および非特異的な2マーカーは全て分離比を観察した。マーカー名に (N) が付随しているものは原著論文 (Kunihisa et al., 2005) 発表後にプライマー配列に再改良を加えたものであるが、本分析には原著論文で報告したマーカーを用いた。分析に供試したマーカーについては、この改良の前後で検出する多型に差がないことを確認しているため、特に問題はない。

3) CAPS マーカーによる分析

本章第2節の「a 材料および方法/5) CAPS 分析法」

に従った。

4) 遺伝様式の推定

disomic, tetrasomic, octosomic の各遺伝様式において、考え得る全てのヘテロ接合型について、自殖後代の期待分離比を算出した (Table 5)。これらの期待値と実際の観測値について χ^2 検定を行い、適合する遺伝様式を抽出した。複数の遺伝様式が適合した場合、後代において、分離比以外に現れると思われる、各遺伝様式の特徴 (Table 7) について検証し、総合的に判断した。

5) 対立遺伝子の比率がマーカー検出に及ぼす影響の検定

disomic polyploid で検出されるヘテロ接合体の遺伝子型はシンプルで、対立遺伝子型が2種 (A, B) であれば (AB) のみである。これに対し polysomic polyploid では、例えば四倍体の場合は少なくとも (AAAB) (AABB) (ABBB) の3タイプがあり、それぞれ対立遺伝子数が異なる。アイソザイムや RFLP マーカーでは、これらの対立遺伝子数がバンド強度に反映されることが分かっており (Martinez-Zapater et al., 1984; Da Sivla, 1996), Truong ら (2005) は SSR マーカーのピーク強度を比較することにより、四倍体であるシラカバの遺伝子型を決定している。こうした対立遺伝子数の違いが CAPS マーカーにより検出可能であるかを検定するため、擬似的に各対立遺伝子の含有比率が異なる鋳型 DNA を作成した。OLP-*Dde* I マーカーで対立遺伝子 A のみが検出される‘とよのか’の DNA と、B のみが検出される‘章姫’の DNA を混合し、2種のバンド強度が等しく検出されるよう DNA 濃度を調整した。これを基準に、混合比率を変化させ、これらを鋳型にマーカー解析を行った。OLP-*Dde* I マーカー以外に3マーカーで同様の試験を行った。

b 結果

1) disomic 遺伝する座に特異的と推察されるマーカーの遺伝様式

本節では、クラスター特異的プライマーによって増幅されたゲノム領域を「増幅座」と称する。第3節では、15の増幅座から生じる18マーカーが、二倍体の座に特異的と推察された (Table 4)。そこで、これらが本当に二倍体的に後代に遺伝するかを検証するため、13マーカーをランダムに選んで交配集団での分離比を観察した。基本的に4つの自殖系統で分析を行った。APX-*Mlu* I

と PYDA-*Hae* III の 2 マーカーについては、3 複対立遺伝子の関係を検証するため、‘さちのか’ × ‘とちおとめ’ の交配系統での分析を付加した。この交配系統で「ヘテロ接合型 × ホモ接合型」となる CHI-*Pvu* II, F3H3-*Acc* I (N), PGPA-*Acc* I (N), APX4-*Taq* I (N), PYDB-*Hae* III (N) の 5 マーカーについても分析を付加した。

MSR-*Alu* I の分析結果を Table 5 に示す。縦軸に、八倍体において考え得るヘテロ接合体の遺伝子型を列挙し、それぞれを自殖した場合の期待分離比を示した。これに対し、4 つの自殖集団で実際に観察された分離比を横軸に示し、 χ^2 検定の結果を *P* 値で示した。 $P > 0.05$ で適合した検定を太字で表している。その結果、例として ‘さちのか’ 自殖集団では、(AB, nn, nn, nn) が $P = 0.24$ で最も高い適合度を示し、増幅座が単一の disomic 遺伝子座を増幅している可能性を示唆した。しかし、tetrasomic または octosomic 遺伝子座の 2 つの染色体のみを増幅している可能性 (ABnn, nn (,) nn/ $P=0.13$,) (ABnnnnn/ $P=0.04$) も、少なからずあった。‘とちひめ’ および ‘女峰’ の自殖集団でも ‘さちのか’ と同様、(AB, nn, nn, nn) が最も適合したが、‘Cesena’ の自殖集団では (ABnn, nn (,) nn) が最も適合度が高くなっており、tetrasomic および octosomic

遺伝の可能性を却下することはできなかった。これら 3 つ以外の仮説は全く適合せず却下できた。他の 12 マーカーも同様の傾向を示し (Table 6 に 8 マーカーの分析結果を例として示した)、大多数の集団で disomic 遺伝に最も適合していたが、他の 2 つの可能性も十分に考えられる *P* 値を示した。

分離比の χ^2 検定からは、disomic, tetrasomic, octosomic の 3 つの遺伝様式の可能性が示されたが、いずれの場合であっても、検定した全てのマーカーが、ヘテロ接合を示す全ての自殖系統親において、8 本の染色体のうち 2 本のみを増幅対象としていることが明らかとなった。これらのマーカーが、polysomic 遺伝子座の一部のみを増幅対象としているならば、3 ないし 4 本の染色体を増幅するケースがあってもいいものだが、そのような増幅を示唆する分離は見られなかった。

候補となる 3 つの遺伝様式について、後代でのマーカー遺伝子型の特徴を Table 7 にまとめた。第一に自殖後代での分離比であるが、これは先述したとおり、 χ^2 検定で disomic 遺伝が比較的高い適合性を示したが、他の 2 つの遺伝様式も十分に適合する *P* 値を示した。

第二に、Null となる個体、つまり増幅対象となる染色体が存在しないためにマーカーが増幅しない個体 (遺伝子型 nnnn (,) nnnn) であるが、理論上自殖後代で

Table 5 Expected segregation ratios of disomic and polysomic inheritance of heterozygotic markers in a self-crossed strawberry population, and chi-squared goodness-of-fit testing of these ratios for the MSR-*Alu* I marker.

Inheritance	Parental configuration of heterozygote ^a	Expected segregation ratio (A:H:B:N) ^b	Observed segregation in each population, and <i>P</i> -values calculated by the test			
			MSR- <i>Alu</i> I			
			Sachinoka-self ^d 28:51:17(:0)	Tochihi me-self 19:52:25(:0)	Nyoho-self 13:25:10(:0)	Cesena-self 10:30:8(:0)
Disomic ^c	AB, nn, nn, nn	1:2:1(:0)	0.24	0.49	0.80	0.21
	An, Bn, nn, nn	3:9:3:1	<i>0.01</i>	<i>0.03</i>	0.17	0.31
	AB, An, nn, nn	4:11:1(:0)	<i>5.4E-06</i>	<i>1.2E-14</i>	<i>1.0E-04</i>	<i>1.1E-02</i>
	An, Bn, An, nn	15:45:3:1	<i>4.9E-09</i>	<i>2.6E-21</i>	<i>1.4E-06</i>	<i>1.1E-03</i>
	An, Bn, An, Bn	15:225:15:1	<i>4.8E-27</i>	<i>5.7E-24</i>	<i>1.8E-13</i>	<i>6.2E-07</i>
	AB, An, Bn, nn	1:14:1(:0)	<i>1.9E-25</i>	<i>1.5E-22</i>	<i>5.3E-13</i>	<i>7.9E-07</i>
	AB, AB, nn, nn	1:14:1(:0)	<i>1.9E-25</i>	<i>1.5E-22</i>	<i>5.3E-13</i>	<i>7.9E-07</i>
Tetrasomic ^c	ABnn, nn(,)nn	8:19:8:1	0.13	0.31	0.60	0.41
	ABnn, An(,)nn	35:100:8:1	<i>9.4E-07</i>	<i>1.2E-16</i>	<i>4.6E-05</i>	<i>0.01</i>
	ABnn, ABnn	80:1135:80:1	<i>5.6E-25</i>	<i>4.4E-22</i>	<i>1.9E-12</i>	<i>2.5E-06</i>
	ABnn, AB, nn	1:14:1(:0)	<i>1.9E-25</i>	<i>1.5E-22</i>	<i>5.3E-13</i>	<i>7.9E-07</i>
Octosomic ^c	ABnnnnnn	40:107:40:9	<i>0.04</i>	0.12	0.35	0.38
	AABnnnnn	48:139:8:1	<i>1.1E-10</i>	<i>1.6E-25</i>	<i>8.3E-08</i>	<i>2.0E-04</i>
	AABBnnnn	224:4451:224:1	<i>2.0E-38</i>	<i>2.1E-34</i>	<i>3.7E-19</i>	<i>2.9E-10</i>

Test results are presented by *P*-value. *P*-values above 0.05 are shown in bold.

^a n = undetected chromosome. A and B are exchangeable.

^b H = heterozygous genotype of A and B. N = null (no polymorphism detected).

^c Segregation ratios of H:B higher than 20:1 are not considered.

^d “-self” means the progeny of the self-crossed population.

Table 6 Segregation ratios of heterozygotic CAPS markers in the strawberry progeny, and goodness-of-fit testing against expected ratio in three probable configurations.

Marker	Population ^a	Genotype of parents used for cross	Observed	Segregation ratio of progeny's genotypes and <i>P</i> -values calculated by the test			
				Expected (self-crossed population)			Expected (Sachinoka ×Tochiotome)
				Disomic AB, nn, nn, nn 1:2:1(:0)	Tetrasomic ABnn, nn ₁ ,nn	Octosomic ABnnnnnn 40:107:40:9	Disomic AB, nn, nn, nn 1:1 or 1:1:1:1
MSR- <i>Alu</i> I	Sachinoka-self	H	28:51:17	0.24	0.13	0.04	-
	Tochihime-self	H	19:52:25	0.49	0.31	0.12	-
	Nyoho-self	H	13:25:10	0.8	0.6	0.35	-
	Cesena-self	H	10:30:8	0.21	0.41	0.38	-
APX- <i>Mlu</i> I	Sachinoka-self	BC	31:38:27	0.11	0.01	5.0E-04	-
	Tochihime-self	AA	96	-	-	-	-
	Nyoho-self	AB	11:24:13	0.92	0.59	0.31	-
	Cesena-self	AC	4:33:11	0.01	0.05	0.06	-
	Sachinoka×Tochiotome	BC×AA	50:46	-	-	-	0.68
APX3- <i>Dra</i> I(N)	Sachinoka-self	H	28:44:24	0.61	0.11	0.02	-
	Tochihime-self	H	18:59:19	0.08	0.19	0.15	-
	Nyoho-self	A	48	-	-	-	-
	Cesena-self	A	48	-	-	-	-
APX4- <i>Taq</i> I(N)	Sachinoka-self	H	16:47:33	0.05	0.01	2.0E-03	-
	Tochihime-self	B	96	-	-	-	-
	Nyoho-self	H	16:22:10	0.4	0.21	0.08	-
	Cesena-self	H	11:20:17	0.24	0.1	0.03	-
	Sachinoka×Tochiotome	H×B	51:45	-	-	-	0.54
CHI- <i>Pvu</i> II	Sachinoka-self	H	22:46:28	0.63	0.16	0.03	-
	Tochihime-self	A	96	-	-	-	-
	Nyoho-self	A	48	-	-	-	-
	Cesena-self	A	48	-	-	-	-
	Sachinoka×Tochiotome	H×A	42:54	-	-	-	0.22
F3H3- <i>Acc</i> I(N)	Sachinoka-self	H	28:50:18	0.33	0.15	0.04	-
	Tochihime-self	H	17:51:28	0.24	0.13	0.04	-
	Nyoho-self	A	48	-	-	-	-
	Cesena-self	H	18:19:11	0.13	0.05	0.01	-
	Sachinoka×Tochiotome	H×A	57:39	-	-	-	0.07
OLP- <i>Dde</i> I	Sachinoka-self	H	23:55:18	0.28	0.3	0.15	-
	Tochihime-self	H	24:47:25	0.97	0.27	0.06	-
	Nyoho-self	H	9:27:12	0.57	0.6	0.43	-
	Cesena-self	H	16:26:6	0.11	0.11	0.06	-
PYDA- <i>Hae</i> III	Sachinoka-self	BC	17:51:28	0.24	0.13	0.04	-
	Tochihime-self	AB	28:46:22	0.63	0.16	0.03	-
	Nyoho-self	AC	10:29:9	0.35	0.54	0.46	-
	Cesena-self	BC	9:22:17	0.22	0.12	0.04	-
	Sachinoka×Tochiotome	BC×AB	25:22:24:25	-	-	-	0.97

Test results are presented by *P*-value. For genotypes, refer to Table 3.

^a “-self” means the progeny of the self-crossed population.

Table 7 Differences between disomic and polysomic inheritance observed in crossed populations of octoploid strawberry.

	Disomic AB, nn, nn, nn	Tetrasomic ABnn, nn ₁ ,nn	Octosomic ABnnnnnn
1 The segregation of heterozygote marker (self-crossed population)	A:H:B=1:2:1	A:H:B:N=8:19:8:1	A:H:B:N=40:107:40:9
2 The offspring genotyped as "Null" (self-crossed population)	None	Generated with probability 1/36	Generated with probability 9/196
3 The variation of heterozygote (self-crossed population)	only AB	AABB: AABn: ABBn: ABnn =1:4:4:10	AABBnnnn:AABnnnnn :ABBnnnnn:ABnnnnnn =9:24:24:50
4 The offspring with 3 multiple alleles ('Sachinoka'×'Tochiotome' population)	None	Generated with probability 5/36 (e.g in BC×AB cross)	Generated with probability 33/196 (e.g in BC×AB cross)
5 The offspring genotyped as "B" in A×H cross ('Sachinoka'×'Tochiotome' population)	None	Generated with probability 1/6 (when A is simplex), 1/18 (Duplex), None (Others)	Generated with probability 1/7 (when A is simplex), 3/49 (Duplex), 1/49 (Triplex), 1/245 (Quadruplex), None (Others)

は、disomic 遺伝では全く出現せず、polysomic 遺伝では一定の確率で出現する。今回検定した 13 マーカーは、いずれの自殖集団でも Null となる個体を検出することはなかった。tetrasomic 遺伝の場合、Null の出現確率は $1/36$ であり、48 個体中に Null 個体が全く含まれない確率は 25.8%、96 個体中に含まれない確率はわずか 6.7% である。このことから、これらのマーカーは disomic 遺伝をする可能性が高いと言える。しかし、Null の遺伝子型を持つ個体が、特異的 PCR により正確に Null として検出できるか否かは議論の余地がある。プライマーの特異性が不十分であった場合には、増幅対象となる遺伝子座が存在しなければ、配列が多少異なる同祖遺伝子座であっても誤って増幅してしまう可能性がある。本研究では、特異的 PCR 用プライマーの設計にあたり、単一の SNP (一塩基多型) のみに頼ることを可能な限り回避し、2~4 塩基多型や Indel を利用したり、Forward・Reverse プライマー共に特異的配列を利用しているため、特異性は高いと思われる。しかし Null は仮定の遺伝子型であり、適切な *F. × ananassa* のサンプルを入手することは困難であるため、この特異性を検証することはできない。

第三に、ヘテロ接合体の多様性の差異が挙げられる。自殖後代で出現するヘテロ接合体の遺伝子型は、disomic 遺伝の場合は (AB) のみであるが、例えば tetrasomic 遺伝の場合は (AABB) (AABn) (ABBn) (ABnn) の 4 通りが考えられる。対立遺伝子の比率は、disomic 遺伝では $A : B = 1 : 1$ のみであるが、tetrasomic 遺伝の場合では、 $11/19$ は $A : B = 1 : 1$ 、 $4/19$ は $A : B = 2 : 1$ 、 $4/19$ は $A : B = 1 : 2$ となる。つまり、ヘテロ接合体の約 $2/5$ が、非対称的な遺伝子型を持つ。そこで、CAPS マーカーにより、対称的遺伝子

型と非対称的遺伝子型を区別できるか否か、擬似的に検証を行った (Fig. 7-A)。その結果、鋳型の対立遺伝子比率がバンド強度に反映されることは明らかとなったが、バンド強度の比較により、各個体を正確に $A : B = 2 : 1$ 、 $A : B = 1 : 1$ 、 $A : B = 1 : 2$ に識別するのは困難であると思われた。しかし、 $A : B = 2 : 1$ の場合と $A : B = 1 : 2$ の場合には明らかにバンド強度比に差があり、このような個体が各 $1/5$ もの高頻度で出現すれば、全体の傾向として判断は可能と考えられた。実際の自殖後代の分析例を Fig. 7-B に示すが、いずれのマーカー分析においてもバンド強度比は概ね一定で、非対称的遺伝子型を示唆するような個体が高頻度で観察されることはなかった。ただし、非常に稀にはあるが、低分子側のバンド強度が低くなる個体も出現することもあった。おそらく制限酵素処理が不十分であったためと思われる。以上のことは、マーカーの disomic 遺伝を示唆しているが、本法は目視と主観に頼っているため、客観的データとするためには定量のための技術改善が必要である。

第四に、複対立遺伝子を同時に保有する個体の出現である。disomic 遺伝ではそのような個体は生じないが、polysomic 遺伝ではかなりの高頻度で出現する。例えば PYDA-*Hae* III は、「さちのか」×「とちおとめ」交配集団で BC×AB となり、tetrasomic 遺伝に従う場合は、後代で「ABC」となる個体が $5/36$ の割合で出現する。しかし実際はそのような個体は全く観察されず、disomic 遺伝に適合した (Table 6)。APX-*Mlu* I でも同様に、3 複対立遺伝子を同時に保有する個体は見られなかった。以上より、この 2 マーカーは、disomic 遺伝に従うことが明らかとなった。

第五に、「ホモ接合体 (A)」×「ヘテロ接合体 (H)」の交配集団の遺伝子型であるが、disomic 遺伝では「B」

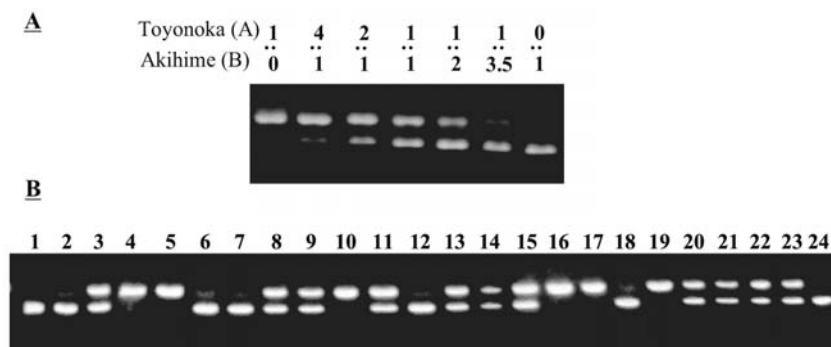


Fig. 7 Bands of varying intensities, reflecting the dosage of template for PCR in strawberry.

A. OLP-*Dde* I marker. The template for PCR was prepared by mixing, in various ratios, DNA extracted from 'Toyonoka' (genotype=A) and 'Akihime' (genotype=B).
B. Progeny of the self-crossed population of 'Tochihome' analyzed by OLP-*Dde* I marker.

と検出される個体は全く出現しないのに対し、polysomic 遺伝では出現する可能性が高い。tetrasomic 遺伝の場合、ホモ接合体の遺伝子型が simplex (Annn)、または duplex (AAnn) であった場合、それなりの確率で「B」となる個体が出現する。ただし、triplex (AAAn) か quadruplex (AAAA) であった場合は、disomic と同様、1:1 の分離比を示す。検定した5つのマーカーは、すべて1:1 に分離し、「B」となる個体は見られなかった (Table 6)。5 マーカー全てについて、ホモ接合体が triplex または quadruplex であるとは確率的に考えにくく、少なくとも一部のマーカーは真に disomic 遺伝に従っているものと思われた。

2) 3 種以上の産物を増幅すると推察されるマーカーの遺伝様式

第3節では、2つの増幅座から生じる4マーカーが、改良によって多型は明瞭化した。disomic な遺伝子座に特異的とは考えにくい電気泳動像を示した (Table 4)。これらは、2つ以上の座を同時に増幅しているか、もし

くは tetrasomic 遺伝子座を増幅していると予想された。

分析の結果、調査したほぼ全ての集団において、PGPA-*Rsa* I (N)、F3H2-*Hpa* II (N)、F3H2-*Dde* I (N) の3マーカーは3:1 に分離した。PGPA-*Acc* I (N) は、検出される400 bp、288 bp、288- α bp の3種のバンドのうち、288- α bp のバンドを無視してタイピングを行えば、前項の13マーカーと同様に1:2:1 の分離比に最も適合し、Null もなく、「ホモ接合体」×「ヘテロ接合体」の交配集団では polysomic 遺伝を示唆する遺伝子型も見られなかった。288- α bp のバンドは3:1 の分離比で遺伝していた (データ省略)。以上から、PGPA-*Acc* I (N) は単一の disomic 遺伝子座に加えて、異なる座の対立遺伝子のひとつを増幅している可能性が高いと考えられた。残りの3マーカーは、3:1 の分離を示したため、遺伝様式は特定できなかった。

3) ほぼ全ての同祖遺伝子を増幅すると推察されるマーカーの遺伝様式

第3節では、2つの増幅座から生じる2マーカーが、

Table 8 Characteristics of loci amplified from strawberry by the improved CAPS method.

Marker	Amplified locus	Appearance	Target of amplification, considered from the inheritance
APX- <i>Mlu</i> I	APX		
APX3- <i>Dra</i> I(N)	APX3		
APX4- <i>Taq</i> I(N)	APX4		
CHI- <i>Pvu</i> II	CHI		
F3H3- <i>Acc</i> I(N)	F3H3		
CTI1- <i>Hinf</i> I	CTI1		
MSR- <i>Alu</i> I	MSR		single disomic locus
AUB- <i>Hin</i> 6 I(N)	AUB		
PGPB- <i>Rsa</i> I	PGPB	specific to single disomic locus	
OLP- <i>Dde</i> I	OLP		
PYDA- <i>Cfr</i> 13 I	PYDA		
PYDA- <i>Hae</i> III			
PYDB- <i>Hae</i> III(N)	PYDB		
F3H- <i>Nco</i> I(N)	F3H		
F3H- <i>Eam</i> 1104 I(N)			
CTI2- <i>Mbo</i> I(N)	CTI2		
CTI2- <i>Bsh</i> 1236 I(N)			
CYT- <i>Bsa</i> B I(N)	CYT		
PGPA- <i>Acc</i> I(N)	PGPA	amplify more than two alleles	single disomic locus + allele independent from it
PGPA- <i>Rsa</i> I(N)			
F3H2- <i>Hpa</i> II(N)			
F3H2- <i>Dde</i> I(N)			almost all homoeologous loci
DFR- <i>Hin</i> 6 I	DFR	amplify almost all homoeologous loci	
APX2- <i>Dra</i> I	APX2		
tRNA- <i>Bse</i> G I	tRNA	Chloroplast DNA	Chloroplast DNA

非特異的にほぼ全ての同祖遺伝子座を増幅していると推察された (Table 4). 分析の結果, これらのマーカーは調査した全ての集団において 3:1 の分離を示し, 遺伝様式は特定できなかった (Table 8).

c 考察

開発した 24 の染色体 DNA 由来 CAPS マーカーのうち, 13 マーカーが, 後代の分離比から, disomic 遺伝子座に特異的である (AB, nn, nn, nn) か, tetrasomic 遺伝子座のうち二つを増幅している (ABnn, nn, (,) nn) か, octosomic 遺伝子座のうち二つを増幅している (ABnnnnnn) ことが明らかとなった. 分離比に基づいてこれらの可能性を正確に識別するためには, 最低でも 1000 個体の自殖集団が必要である.

しかし, APX-*Mlu* I と PYDA-*Hae* III の 2 マーカーについては, 後代で 3 複対立遺伝子を同時に検出する個体が全く見られなかったことから, disomic 遺伝子座特異的, つまり二倍体ゲノム特異的マーカーであることが明らかとなった. これまでに *F. × ananassa* の遺伝解析で disomic 遺伝を観察できたのは 1:2:1 に分離したホスホグルコイソメラーゼアイソザイムの一例だけであったが (Arulsekhar et al., 1981), 本研究により, 更に二つの遺伝子座で disomic 遺伝を観察することができた. これにより, *F. × ananassa* を構成するゲノムのうち少なくとも 1 つは二倍体であり, したがって *F. × ananassa* が同質八倍体ではないことが確実となった. また, 「クラスター特異的 PCR」が「ゲノム特異的マーカー」の作成に有効であり, クラスター分析により分類された各クラスターが, ゲノム構成を反映する傾向にあるという仮説が正しいことが証明された. ただし厳密には, クラスターは, 特に相同性の高い染色体群を反映しているに過ぎず, これらの染色体群が必ずしも独立ゲノムとは限らないことを留意せねばならない.

八倍体野生種である *F. virginiana* では, 開発された SSR の一部が disomic 遺伝を示したという報告が既にある (Ashley et al., 2003). しかし *F. × ananassa* で disomic 遺伝する DNA マーカーの報告は初めてであり, しかも計画的手法に基づいて開発されたものは, *Fragaria* 属全体でも例がない. *F. × ananassa* で SSR マーカーを開発すると, 通常, 非特異的増幅により 3 つ以上のピークが検出されることが知られている (Nourse et al., 2002; Shimomura et al., 2006). 偶然にゲノム特異的な SSR が得られる確率は非常に低く, 94 個の SSR マーカーを開発して, 二倍体的なものは

口であったとの報告もある (田崎ら, 2007). このことから, 計画的なゲノム特異的マーカー作出の意義は大きい.

残りの 11 マーカーについては, 1) 検定した全ての自殖系統親で, 2 本の対立遺伝子のみを増幅していたこと, 2) χ^2 検定で disomic な遺伝様式に最も適合する傾向にあったこと, 3) polysomic 遺伝を示唆する Null の個体が全く見られなかったこと, 4) 自殖後代のヘテロ接合体に非対称性が見られなかったこと, 5) A×H (ホモ接合体×ヘテロ接合体) の後代で B タイプを示す個体が全くなかったこと (5 マーカー) などの事実から総合的に判断すると, これらが disomic 遺伝子座に特異的である可能性が最も高いと考えられた. ただし, 3) および 4) は手法の確実性が証明できておらず, 1), 2), 5) は polysomic 遺伝の可能性を否定しきれないため, 断定することはできない. しかし少なくとも, 検定した全マーカー/全集団において, 上記の 5 つの観点から polysomic 遺伝を示唆するものは全く見られなかった.

Table 8 で各 CAPS マーカーが増幅対象とする座について, 整理した. 各増幅座について遺伝特性をまとめると, APX, APX3, APX4, CHI, F3H3, CTI1, MSR, AUB, PGPB, OLP, PYDA, PYDB の 12 増幅座は, 後代への遺伝様式から二倍体ゲノムに特異的に座乗している可能性が最も高いと考えられた. また PGPA 増幅座は, PGPA-*Acc* I (N) の分離比から, 余分な対立遺伝子を増幅しているため「特異的」ではないが, 基本的には二倍体ゲノムに座乗していると思われた. F3H2, DFR, APX2 の 3 増幅座は, マーカーが 3:1 に分離したことから, 座乗するゲノムの遺伝様式は不明であった.

総合すると, 染色体 DNA に由来する 19 の増幅座のうち 16 増幅座の遺伝様式を観察し, 13 が disomic 遺伝に最も適合していると思われた. これらの増幅座が polysomic 遺伝をする可能性を完全に否定できたわけではないが, 少なくとも 50 近くの全検定において, polysomic 遺伝を示唆する現象は全く見られなかったことから, *F. × ananassa* は高度に複二倍体化していると考えられる. ゲノム構成が AAA'A'BBBB (部分四倍体) か AAA'A'BBB'B' (完全複二倍体) のいずれかであると仮定するならば, 本研究は AAA'A'BBB'B'説を支持する.

しかし, 倍数体は, 両者の中間的性質を取ることもある. 倍数体は進化の過程で複二倍体化すると言われており, その途上にある植物種では, 染色体の選択的対合や

遺伝子制御により特定の相同染色体との二価対合が促進される (Sybenga, 1973; Avraham et al., 2002). そのため、主に disomic な遺伝様式に従うが、低い確率で他の相同染色体とも対合することも考えられる。複二倍体化の途上にあるのか、完全に複二倍体化しているのかの判断は非常に難しい。したがって、*F. × ananassa* が高度に複二倍体化しているとは言っても、完全複二倍体であるのか、それとも進化の途上にあり、ごく稀に polysomic な対合を起こすのかは不明である。この後の研究で、Rousseau-Gueutin ら (2008) は、新たに作成した連鎖地図が、相引・相反マーカーを整理することにより、28 連鎖群に概ね収束できることを根拠に、*F. × ananassa* では disomic 遺伝が優勢であると述べている。これらのことから、最近では AAA'A'BBB'B'説が有力といえる。しかし彼らも、複二倍体化の完全性については結論を保留している。

F. × ananassa が完全複二倍体であれば、イチゴのゲノム研究者にとって大きな励みとなる。完全複二倍体であれば基本的に従来法で連鎖地図が描けることを意味し、また様々な遺伝様式を考慮して幾通りもの解釈をする必要がなくなる。ゲノム研究者のみならず育種研究者にとっても、*F. × ananassa* の遺伝様式が未知であることは大きな障害であり、単純な遺伝モデルに従った育種計画を躊躇せざるを得ない現状がある (Folta et al., 2006). しかし、確固とした論拠に基づいてゲノム構成が明らかにされるのは、もう少し先のことになるであろう。

本研究で開発したゲノム特異的マーカーは、その共優性的な性質から、従来の優性 DNA マーカーにはなかった観点からの解析が可能であった。今後一層の技術改善が必要ではあるが、ヘテロ接合体の出現頻度、ヘテロ接合体の多様性、および複対立遺伝子の関係を検証する上で、本マーカーは有用なツールとなり得るであろう。

5 ゲノム特異的 DNA マーカーを利用した *Fragaria* 属野生種の分析

F. × ananassa は八倍体であるため、連鎖地図で作成される連鎖群の数が多く、また遺伝様式も確定していないため、解析に大きな困難を伴う。このため *Fragaria* 属のゲノム研究では、モデルとして二倍体野生種を用いることが主流となっており、Sargent ら (2006) によって、*F. vesca × F. nubicola* 種間交雑を用いた SSR マーカーによる完成度の高い連鎖地図が発表されている。モデルの決定で重要なのは、*F. ×*

ananassa の構成ゲノムにより近い種を選択することであり、祖先となる二倍体種の特定が強く望まれている。

昨今、分子生物学的手法により多様な *Fragaria* 属野生種の分類が行われており、*F. × ananassa* の祖先種についてもいくつかの知見が得られている。Harrison ら (1997) は葉緑体 DNA の RFLP 解析により、*F. virginiana* と *F. chiloensis* が共通の八倍体野生種から派生したと推測した。また Potter (2000) は、葉緑体ゲノムの *trnL-trnF* 領域および rDNA のスペーサー領域の塩基配列に基づくクラスター分析から、*F. vesca* (2×), *F. nubicola* (2×), *F. orientalis* (4×), *F. moschata* (6×), *F. virginiana* (8×), *F. chiloensis* (8×) が近縁であり、*F. nipponica* (2×), *F. gracilis* (2×), *F. pentaphylla* (2×), *F. daltoniana* (2×), *F. nilgerrensis* (2×) が別の群を形成し、*F. iinumae* (2×) は全野生種と共通性を持つと報告した。これにより、*F. vesca* および *F. nubicola* (2×) が倍数体の有力な祖先種候補であり、*F. iinumae* (2×) も祖先である可能性が示された。一方、*F. × ananassa* 由来の SSR マーカーの互換性は *F. vesca* が 98.4% と最も高いことが報告され (次いで *F. nubicola*, *F. iinumae* が 93.8%, *F. vilidis* の 73.4% が最低) (Davis et al., 2006), やはり *F. vesca* が祖先種であることを示唆した。

しかし、*F. vesca* が第一の祖先種候補であることは疑いないが、第二候補である *F. nubicola* や *F. iinumae* の位置づけは難しい。*F. × ananassa* のゲノム構造が AAA'A'BBB'B'であり、A ゲノムが *F. vesca* と共通と仮定すると、*F. nubicola* や *F. iinumae* のゲノムは A ゲノムの第 2 候補であるのか、それとも A' (または B, B') ゲノムと近縁であるのか判断できない。また、A' ゲノムは A ゲノムと類似性が高いとされているが、やはり *F. vesca* が祖先種であるのか、それとも別の種とより近縁であるのかも判断が難しい。これは、種の近縁度を、構成ゲノムを区別することなく総合的に算出せざるを得ないためである。しかし、より詳細に構成ゲノムの祖先種・近縁種を特定するためには、ゲノムごとに野生種との近縁度を算出するのが最良であり、ゲノム特異的マーカーはこの重要なツールとなることが期待できる。第 3 節で開発した大部分のマーカーは二倍体ゲノム特異的マーカーであると考えられたが、四倍体ゲノムの一部を増幅している可能性も完全には否定できなかった。しかしいずれの場合でも、単一ゲノムに特異的な配列を検出している点では共通しており、ゲノムごとの近縁種探索にはある程度有効であると考えられた。本節では、開

発したゲノム特異的プライマーペアによる野生種での PCR 増幅の有無により, *F. × ananassa* の各構成ゲノムと共通性の高い野生種ゲノムの探索を試みた (Fig. 8).

a 材料および方法

1) 植物材料および使用したプライマー

解析に使用した *Fragaria* 属は, *F. × ananassa* を含めて 13 種である (Table 9). 可能な限り, 同一種について複数の系統を供試した. 抽出した DNA を鋳型として, 染色体 DNA 由来のゲノム特異的プライマーペア 15 組 (うち 3 組は後代で分離比検定を行っていないが, 電気泳動像からゲノム特異的であると判断した), およびゲノム非特異的プライマーペア 4 組を用い, 計 19 の増幅座 (Table 10) について, 野生種で増幅の有無を観察した. ただし, 各ゲノム特異的プライマーが, A, A', B, B' ゲノムのいずれに特異的であるかは不明である.

2) DNA 抽出および PCR 増幅

本章第 2 節の「a 材料および方法/5) CAPS 分析法」に従った.

b 結果

F. × ananassa ゲノム特異的および非特異的プライマーペアによる, *Fragaria* 属での増幅の例を Fig. 9 に示した. *F. × ananassa* をはじめ, *F. virginiana* と *F. chiloensis* の八倍体種では全てのプライマーペアが目的サイズのバンドを明瞭に増幅した. しかし, 六倍体, 四倍体および二倍体ではプライマーペアによって増幅の様子が異なり, 特異性に違いが見られた. そこでこれらを,

特異性の高さに基づいて 1) 高特異性—CHI, F3H3, MSR のように *F. × ananassa* および一部の野生種でのみ明瞭な増幅を示すもの, 2) 低特異性—DFR のように大部分の野生種で増幅を示すもの, 3) 非特異性—APX2 のように全ての供試種で増幅を示すものの 3 つに分類した.

全てのプライマーペアの分析結果を Table 10 にまとめた. 15 のゲノム特異的プライマー (Table 10, S) のうち, 12 は高特異性を示した. このうち, F3H3, MSR の 2 つは, 八倍体種以外に *F. moschata* (6×), *F. vesca* (2×), *F. nubicola* (2×) で明瞭な増幅を示した. 残る 3 つの特異的プライマーは, 2 つが低特異性, 1 つが非特異性を示した. *F. × ananassa* においてゲノムを特異的に増幅していたプライマーが, 野生種で特異性を低下させた原因は, 次の 2 つが考えられる. ひとつは, プライマーの選択性の低さである. *F. × ananassa* では複数の同祖遺伝子が増幅の競合を起こした結果, プライマー配列が一致する同祖遺伝子だけが選択的に増幅された. しかし野生種では, プライマー配列に一致する同祖遺伝子が存在しない場合, プライマーの選択性が弱ければ, 多少配列が異なるものでも増幅してしまうのであろう. もうひとつ考えられるのは, 特異性が低下したのではなく, 供試した野生種が真にプライマーと同じ特異的配列を保有している場合である. 八倍体の祖先種の大部分が既に絶滅しており, 供試した野生種が全て単一ゲノムの近縁種であった場合, こういったことも起こり得るのであろう. 4 つのゲノム非特異的プライマー (Table 10, M) は全て低特異性, または非特異性を示した. DFR および PGPA プライマーからは, 予想と異

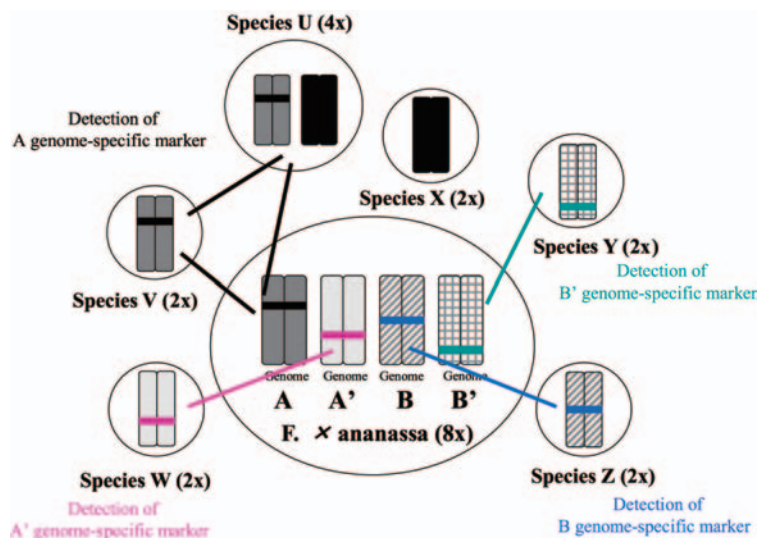


Fig. 8 Search for ancestral species of *F. × ananassa* by using genome-specific markers.

Table 9 Materials used for genome analyses using genome-specific primers developed in *F. × ananassa*.

Species	Ploidy level	Origin	Source ^a	Accession No.
<i>F. × ananassa</i>	8	Japan	AFFRC	Toyonoka
<i>F. × ananassa</i>	8	Japan	AFFRC	Tochiotome
<i>F. × ananassa</i>	8	Japan	AFFRC	Benihoppe
<i>F. × ananassa</i>	8	Italy	AFFRC	Cesena
<i>F. virginiana</i> subsp. <i>patypetala</i>	8	U.S.	NCGR	CFRA 176
<i>F. virginiana</i> subsp. <i>glauca</i>	8	U.S.	NCGR	CFRA 436
<i>F. chiloensis</i>	8	-	Shizuoka, Japan	- ^b
<i>F. chiloensis</i>	8	-	Tochigi, Japan	-
<i>F. chiloensis</i> subsp. <i>c. forma. c.</i>	8	Chile	NCGR	CFRA 1484
<i>F. moschata</i>	6	Russia	NCGR	CFRA 541
<i>F. moschata</i>	6	-	EMR	-
<i>F. orientalis</i>	4	China	NCGR	CFRA 1612
<i>F. nipponica</i>	2	-	Tochigi, Japan	-
<i>F. nipponica</i>	2	Japan	IPK	98134-09.K
<i>F. nipponica</i>	2	Japan	AFFRC	-
<i>F. pentaphylla</i>	2	China	NCGR	CFRA 1198
<i>F. pentaphylla</i>	2	China	IPK	94059-01.P
<i>F. pentaphylla</i>	2	China	IPK	99116-02.K
<i>F. vilidis</i>	2	Germany	IPK	92046-01.P
<i>F. vilidis</i>	2	China	IPK	96148-01.P
<i>F. nubicola</i>	2	Pakistan	IPK	94056-33.K
<i>F. vesca</i>	2	-	Shizuoka, Japan	-
<i>F. vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	2	Japan	AFFRC	-
<i>F. vesca</i> subsp. <i>vesca</i>	2	Probably U.K.	EMR	FDP805
<i>F. vesca</i>	2	-	EMR	FDP815
<i>F. daltoniana</i>	2	-	EMR	FDP001
<i>F. iinumae</i>	2	Japan	NCGR	CFRA1008
<i>F. iinumae</i>	2	Japan	AFFRC	-
<i>F. nilgerrensis</i>	2	Yunnan, China	IPK	94056-12.K
<i>F. nilgerrensis</i>	2	Hubei, China	NCGR	CFRA1610

^a EMR: East Malling Research, UK; AFFRC: National Institute for Vegetable Research, Japan; IPK: Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Fruit Gene-Bank, Dresden-Pillnita, Germany; NCGR: National Clonal Germplasm Repository, Corvallis, USA

^b -: unknown

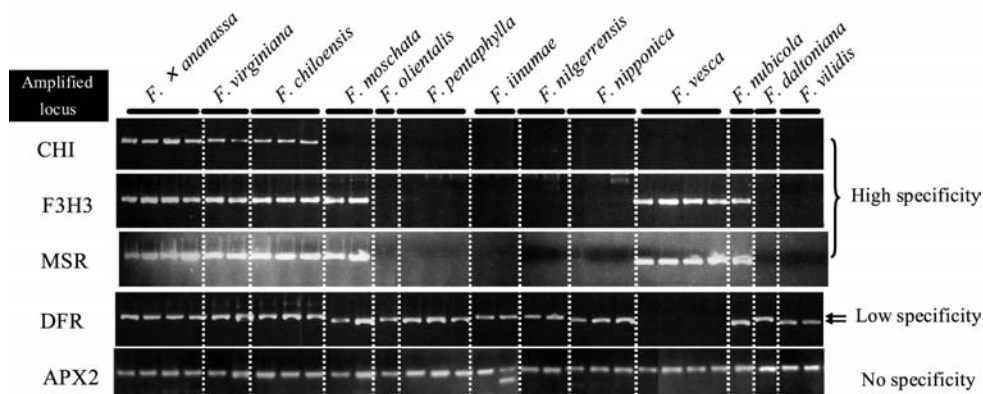


Fig. 9 Amplification of loci with genome-specific primers in *Fragaria* species. Arrows show the fragments of two sizes amplified from DFR locus.

なるサイズのバンドが多く種の増幅された。そこで、各プライマーによる増幅の有無を基本データとして、増幅バンドのサイズも考慮して *Fragaria* 属の近縁関係の考察を行った。

c 考察

Fragaria 属の DNA マーカー開発はここ 2, 3 年で大きく進歩している。公開 Database で検索可能な *Fragaria* 属の遺伝子配列は、2004 年時点でわずか 58 であったが、2007 年現在では、2 万近くの EST 情報が公開されている。このうち SSR を含むものは約 4 千あ

Table 10 Results of genome-specific amplification in *Fragaria* species.

Species (): number of tested sample	Ploidy level	Amplified locus																		
		High specificity												Low specificity		No specificity				
		F3H3 ^a	MSR	APX	APX4	F3H	PYDB	PGPB	CHI	OLP	CTH1	CTH2	CYT	DFR	F3H2	APX3	AUB	PGPA	APX2	PYDA
<i>F. × ananassa</i> (4)	8x	○ ^b	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
<i>F. virginiana</i> (2)	8x	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
<i>F. chiloensis</i> (3)	8x	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○
<i>F. moschata</i> (2)	6x	○	○										● ^b	△ ^b	○	△	○	○	○	
<i>F. orientalis</i> (1)	4x												●		○	△	●	○	○	
<i>F. nipponica</i> (3)	2x												●		○	△	●	○	○	
<i>F. pentaphylla</i> (3)	2x												●		○	△	●	○	○	
<i>F. vilidis</i> (2)	2x												●	△	△	△	○	○	○	
<i>F. nubicola</i> (1)	2x	○	○										●	△	△	△	○	○	○	
<i>F. vesca</i> (4)	2x	○	○												△		○	○	○	
<i>F. daltoniana</i> (1)	2x												○			△	○	○	○	
<i>F. iinumae</i> (2)	2x												○	△		△	○	○	○	
<i>F. nilgerrensis</i> (2)	2x												○	△			●	○	○	

^a S: Single locus in *F. × ananassa*, M: Multilocus in *F. × ananassa*.

^b ○ indicates amplification of an intense band of the expected size, △ indicates amplification of a weak band of the expected size, ● indicates amplification of an intense band of unexpected size.

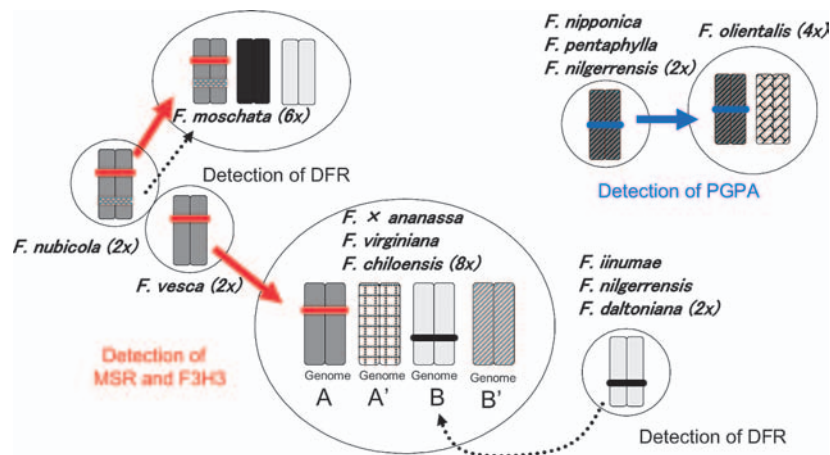


Fig. 10 Assumption of genome flow among *Fragaria* species.

Solid arrows show the flow of the common genome; dotted ones show the flow of related genomes.

り, *Fragaria* 属内や Rosaceae 科内での互換性検定も多く行われている (Sargent et al., 2004b; Davis et al., 2006; Lewers et al., 2005; Gil-Ariza et al., 2006; Hadonou et al., 2004). しかし, *F. × ananassa* に由来する SSR の種間での互換率は 73.4 (*F. vilidis*) -98.5 (*F. vesca*) % と比較的高く, 直接的な祖先種探索には適していなかった. 一方, 本研究で開発した改良型 CAPS マーカーの互換性は予想通り低く, 26.3 (*F. daltoniana*) -47.4 (*F. moschata*/*F. nubicola*) % であった.

F. virginiana および *F. chiloensis* では, 供試した全プライマーペアで *F. × ananassa* と同サイズの増幅産物が得られたことから, *F. × ananassa* と等しいゲノム構成を持っていると考えられた. この結果は, これら 2 つの八倍体野生種の交雑が *F. × ananassa* の起源であるという定説を裏付けている (Fig. 10).

八倍体ゲノムの祖先種 (ゲノムドナー) の推定には, 基本的に高特異性の 12 プライマーペアでの分析結果を用いた. このうち F3H3 と MSR の 2 つが *F. vesca*, *F. nubicola* および *F. moschata* で特異的増幅を示したた

め、これらの種が *F. × ananassa* と等価のゲノムを持つことが示唆された。過去の知見を踏まえると、*F. vesca* が *F. × ananassa* のゲノムドナーであると推定できた (Fig. 10)。Senanayake ら (1967) は、AA'B B'ゲノムのうち、A ゲノムを *F. vesca* のものと仮定している。本分析で新たに得た知見は、1) Potter (2000) のデータと反して *F. orientalis* は A ゲノムを保有していないであろうこと、2) *F. nubicola* は A ゲノム特異的プライマーペアでのみ検出されることから、*F. vesca* の次に A ゲノムに近縁なのであって、A'BB'ゲノムのドナーである可能性は低いこと、の 2 点である。残り 10 プライマーペアでは、供試したいずれの野生種でも増幅は見られなかったことから、ターゲットゲノムを共有する野生種は供試した以外にあるか、既に絶滅したか、またはターゲットゲノム自体が八倍体中で進化 (分化) したものであるため、そもそも直接的な二倍体ドナーが存在し得ないと考えられた。

高特異性のマーカーはゲノムドナーの推定には有用であるが、特異性が高すぎるため、等価ゲノムのみを検出し、近縁関係にあるゲノムは全く検出できない。このため、A ゲノム以外のゲノムについては、ゲノムドナーとなる種が供試材料中になくは明らかになったが、近縁ゲノムの推定も不可能であった。そこで、近縁ゲノムの推定には低特異性のプライマーペアのデータを用いた。非特異的プライマーによる DFR は、*F. vesca* でのみ増幅が見られなかった。*F. vesca* ゲノムは A ゲノムと等価であると考えられるため、DFR は A ゲノム以外の 3 ゲノムを特異的に増幅しており、A', B または B' ゲノムの近縁種の推定に使用できると考えられた。*F. daltoniana*, *F. iinumae*, *F. nilgerrensis* の DFR 増幅産物のサイズが *F. × ananassa* のものと等しかったことから、これらが第 2 のゲノムの近縁種である可能性が示唆された。

A ゲノム以外のゲノム近縁種の推定は、今後の大きな課題である。A'ゲノムは *F. vesca* と近縁であるとする説が有力であるが、これを立証するためにも、ゲノム別の近縁解析を更に進める必要がある。しかしゲノム特異的マーカーを用いる本法は、数塩基の特異的配列を有するか否かで結果が大きく変動し、多様に分化していると考えられる近縁種の推定には限界がある。今後はマーカー増幅の有無によるのではなく、特定の遺伝子について、八倍体に含まれる 3~4 種の同祖遺伝子全ての塩基配列を決定し、それぞれについて野生種の配列と直接比較することで、各ゲノムに最も近縁な種を決定するのが

効果的と思われる。

最近では、新しいイチゴ育種法として、野生種からの有用形質導入を目的とした種間雑種の作成が報告されている。Mochizuki ら (2002) は、栽培イチゴ (8×) と野生種 (2×) を交雑し、倍加することにより十倍体イチゴを作出している。しかし作成した十倍体の稔性は交配に用いた野生種によって左右され、例えば *F. vesca* との種間雑種では花粉稔性が非常に低いことが知られている (森下ら, 1996)。これは、交配した野生種ゲノムと *F. × ananassa* ゲノムとの相同性によって染色体対合に攪乱が生じているためと思われる。構成ゲノムの由来する祖先種の特定は、今後の種間交雑育種を理論的にサポートする上でも有用な知見となることが予想される。

III DNA マーカーを利用したイチゴの品種識別技術の開発

1 緒言

栽培イチゴ (*F. × ananassa*, 以下「イチゴ」とする) は収益性が高く、国内でも重要作物のひとつである。最近では「さちのか」、「とちおとめ」、「章姫」、「さがほのか」、「あまおう」等、多種多様な品種が育成されているが、これらはいずれも育成者の権利保護のために品種登録されている。登録品種は種苗法上、育成者の許諾がなければ販売用に苗を増殖することはできず、許諾のない苗から果実を栽培・出荷することもできない。また、植物の新品種の保護に関する国際条約 (UPOV 条約) により品種保護が成されていない海外へ苗を出荷する際、およびその収穫物を日本に輸入する際には再度許諾が必要である。

ところが 2001 年、野菜茶業研究所で育成された「さちのか」の果実が韓国から日本国内に流入し、販売されているという情報が寄せられた。当時韓国ではイチゴは品種保護の対象ではなく、かつ許諾契約もなかったため、この情報が事実とすれば、無断で「さちのか」の苗が持ち出された上、その収穫物が日本に出荷されたものと考えられ、種苗法に違反する。同様の事例は栃木県農業試験場が育成した「とちおとめ」に関しても懸念されており、輸入イチゴの育成者権侵害対策が急務となった。しかし当時は、侵害事実を立証する検査技術がなく、侵害は「推測」の域を出ることはなかった。そこで、法律の整備と併せて、侵害事実を立証する検査技術の開発が求められた。

こういった背景から、我々は DNA 多型を用いたイチ

ゴ品種識別技術の開発に着手した。DNA 多型による品種識別のメリットは、栽培試験により植物形質を比較する従来法と比較して迅速かつ正確で、短時間で結果が得られること、また市場に流通している果実やがく片等、わずかな切片からでも識別が可能なことである。イネでは既に品種識別技術が確立されている (Ohtsubo et al., 2002)。

第Ⅲ章では、国内育成のイチゴ品種を簡易かつ安定に識別できる信頼性の高い普及技術の開発についてまとめた。第2節では、前章で開発した CAPS マーカーを用いて、可能な限りの国内流通品種の多型タイピングおよび識別を試みた。第3節では、品種検出技術の再現性を保証するため、Association of Official Agricultural Chemists (AOAC) International の指定する定性分析法の妥当性確認試験基準を参考に、研究室間共同試験を設計・実施し、本技術の感度・特異性を明示した。第4節では、科学的に信頼性ある品種識別技術とするために、品種同定理論に基づいて、偶然に全ての DNA 多型が一致する品種が別に存在する可能性、つまり誤判定の危険性を算出した。第5節では、韓国からの輸入イチゴの分析事例を記した。

2 DNA マーカーによるイチゴの品種識別

研究に着手した時点で、DNA マーカーを利用したイチゴの品種識別に関してはいくつかの報告があった。Degani ら (1998) は 10 の RAPD マーカーを用いて 41 品種を識別し、イタリアでは RAPD 法を用いた DNA 品種識別法が、品種 'Marmolada' の育成者権侵害裁判において侵害事実立証の一助として用いられた (Congiu et al., 2000)。その後、AFLP マーカーや ISSR マーカーによる品種識別法も報告されたが (Tyrka et al., 2002; Arnau et al., 2003)、日本国内で育成された品種の識別に関する研究は報告されていなかった。また RAPD, AFLP, ISSR のいずれの手法も、多型検出力は格段に優れ、開発も容易であるが、再現性がやや劣る・操作が煩雑である・高度な分析技術を要するなどの欠点もあり、各地に散在する税関検査所や育種現場での普及を目的とした簡易・簡便な技術開発には適さないと考えられた。そこで我々は、多型検出効率・開発労力面からはやや劣るが、簡易な分析機器と分析手順で、安定した結果が得られる CAPS 法を利用してイチゴの DNA 品種識別を試みた。

a 材料および方法

1) 植物材料

品種登録されているものを主体として、公立農業研究機関や品種育成者から可能な限りのイチゴ品種の葉を収集した。このうち、複数機関から入手できて多型の整合性が確認できる品種、または育成者本人から入手した品種 (Table 11 に示した 125 品種) のみを分析に用いた。

2) CAPS 分析法

各品種から抽出した DNA をもとに、Table 2 の改良前の 21 マーカーおよび Table 3 の改良型 25 マーカーで多型タイピングを行った。

本章では、PCR に使用するポリメラーゼの種類および添付バッファーのみ、第2章と変更した。PCR 溶液組成は、抽出 DNA 10 倍希釈液 2 μ L, AmpliTaq Gold (Applied Biosystems) 1U, 添付 dNTPs 2 μ L, 添付バッファー 2 μ L, プライマー各 20 pmol を蒸留水で 20 μ L に調整したものとした。これに伴い PCR プログラムは、94°C 10 分、(94°C 30 秒・55°C 30 秒・72°C 30 秒) \times 35 サイクル、72°C 7 分とした。制限酵素処理方法は第Ⅱ章第2節の方法に従った。

b 結果

改良前の 21 マーカーで品種の多型タイピングを行ったところ、Fig. 2 で観察されたように、検出される多型バンドが不明瞭で判定に躊躇する品種が多々見られた。特に PCR 産物の増幅量が十分でない場合には、検出するべき多型バンドが視覚的にほとんど見えないことから誤判定を招く傾向にあり、再試が必須であった。そこで改良型の 25 マーカーを用いてタイピングを行ったところ、Fig. 6 で観察されたように明瞭な多型が検出でき、さらに改良前のマーカーでは識別不可能であったホモ接合体とヘテロ接合体が識別可能となったことで、マーカーあたりの識別の効率が大きく向上した。例を挙げると、APX-*Mlu* I (Fig. 6-B) では、改良前には4つのタイプしか検出できなかったが、改良によって6つのタイプが検出可能となった。

改良型マーカーにより決定した 125 品種の多型タイプを Table 12 に示した。突然変異や葯培養により育成された 'アンテール', '新女峰', 'びいひゃらどんどん' は親である '女峰' と全く同一の多型タイプを示したため互いに識別できず、同様に 'ひまつり' は 'とよのか' と、'アキタベリー' は '盛岡 16 号' と識別不可能であった。これら 8 品種を除く 117 品種については、多型タイ

ブが完全に一致するものではなく、最低 11 マーカーを用いることにより識別可能であった。F3H および CTI2 の 2 増幅座は、特定の 4~5 品種で増幅が見られなかったため、「N (null)」とタイピングした。これらの品種を識別する場合には、F3H と CTI2 由来の 4 マーカーは有効ではない。

本研究で決定した品種の多型タイプは、今後技術が普及した場合に、分析結果を照会するプロトタイプとなることが予想された。そこで確実を期すため、育成者本人から入手した品種を除いては、同一品種を複数機関から入手して分析結果が一致するか検証した。その結果、多くの機関で品種維持株の他品種との混入が検出された。

Table 11 Strawberry cultivars used in this study, and their parents and origins.

Cultivar name	Parents ^{abcd}	Origin
Aiberry (アイベリー)	—	Japan
Aiko	CAL 46.5-1 × CAL 59.51-11	USA
Aistro (アイストロ)	[(Rindamore × Cruz) × Nyoho] × Reiko	Japan
Akanekko (あかねっ娘)	[(Aiberry × Hokowase) × Toyonoka] × (Aiberry × Hokowase)	Japan
Akashanomitsuko (あかしやのみつこ)	Aiberry × Nyoho	Japan
Akihime (章姫)	Kunowase × Nyoho	Japan
Akita Berry (アキタベリー)	MS of Morioka 16	Japan
Amaterasu (アマテラス)	Kinuama × Toyonoka	Japan
Anther (アンテール)	MS of Nyoho	Japan
Aroma (アロマ)	—	Japan
Asuka Ruby (アスカルビー)	Asuka Wave × Nyoho	Japan
Asuka Wave (アスカウェイブ)	[Uzushio × {(Kurume Sokusei-3 × Hokowase) × (Donner × Hokowase)}] × [(Kurume Sokusei-3 × Hokowase) × {Donner × (Kobe-1 × Hokowase)}]	Japan
Awanatsuka (あわなつか)	Tokukei 5 × (Sweet Chamy × Ikeko)	Japan
Belle Rouge (ベルルージュ)	(Huxley × Albriton) × Morioka 19	Japan
Beniatago (べにあたご)	Toyonoka × (Nyoho × Shuko)	Japan
Beni hoppe (紅ほっぺ)	Akihime × Sachinoka	Japan
Beniyutaka (べいゆたか)	Toyonoka × Haruyoi	Japan
Berry Star (ベリースター)	Harunoka × Shikinari	Japan
Chizuru (千鶴)	[(Donner-s)-s × (Harunoka-s)-s] × Harunoka-s	Japan
Coinche (クワンシエ)	Progeny of Akanekko (Female parent is unpublished)	Japan
Deco Rouge (デコルージュ)	Pajaro × Morioka 26	Japan
Diamond Berry (ダイヤモンドベリー)	Sagahonoka × Kurume 54	Japan
Donner	CAL 145.52 × CAL 222	USA
Echigohime (越後姫)	(Belle Rouge × Nyoho) × Toyonoka	Japan
Elsanta	Gorella × Holiday	Netherlands
Enrai (円雷)	Donner × CN-18	Japan
Ever Berry (エバーベリー)	Oishishikinari 2 × Haruyoi	Japan
Fukuayaka (ふくあや香)	[(Osuzu × Aiberry) × Chandler] × (Akihime × Sachinoka)	Japan
Fukuba (福羽)	Progeny of General Chanzy	Japan
Fukuharuka (ふくはる香)	Akihime × Sachinoka	Japan
Fukuoka S 6 (福岡S 6号)	Kurume 53 × (Kurume 49 × Sachinoka)	Japan
Fukuoka S 7 (福岡S 7号)	Kurume 53 × (Kurume 49 × Sachinoka)	Japan
Fusanoka (ふさの香)	Kiharu × Tochtotome	Japan
Hanagasatome (花笠おとめ)	Serenata × Aiberry	Japan
Harunoka (はるのか)	Kurume 103 × Donner	Japan
Haruyoi (はるよい)	Hokowase × Harunoka	Japan
Hatsukumi (はつくに)	Uzushio × 47-1-12 (※)	Japan
Himatsuri (ひまつり)	MS of Toyonoka	Japan
Himesodachi (媛育)	—	Japan
Himiko (ひみこ)	Kurume 34 × Hokowase	Japan
Hinomine (ひのみね)	Terunoka × Harunoka	Japan
Hitachi-hime (ひたち姫)	Tochtotome × Akihime	Japan
Hogyoku (芳玉)	Progeny of Fukuba	Japan
Hokowase (宝交早生)	Kogyoku × Tahoe (※)	Japan
Hotta Wonder (堀田ワンダー)	Fukuba × Shikinari	Japan
HS138 (エッチェス138)	(Tribute × Ever Berry) × Morioka 16	Japan
Iwao 1 (いわお1号)	MS of Aiberry, probably	Japan
Johong (早紅)	—	Korea
Junberry 2 (純ベリー2)	Junberry × Nyoho	Japan
Kanamihime (かのみひめ)	Tochtotome × (Akihime or Tochtotome)	Japan
Keiki wase (けいきわせ)	Asuka Wave × Akihime	Japan
Kentaro (けんたろう)	Kita-ekubo × Toyonoka	Japan
Kita-ekubo (きたえくぼ)	(Aiko × Morioka 19) × Reiko	Japan
Kitanokagayaki (北の輝)	Belle Rouge × Pajaro	Japan
Kiyoka (清香)	(Progeny of Akashanomiharu) × (MS of Akashanomitsuko)	Japan
Kofuku (紅福)	—	Japan
Kogyoku (幸玉)	Progeny of Fairfax	Japan
Koju (紅寿)	Shuka × Reiko	Japan
Kumaken-I-548* (熊研い548)	(Sachinoka × Tochinomine) × (Kurume 54 × Tochinomine)	Japan
Kunowase (久能早生)	(Hokowase × Kurume 103) × Reiko (※)	Japan
Kurume IH-1 (久留米IH1号)	Toyonoka × <i>F. nilgerrensis</i> (var. Yunnan), followed by diploidization	Japan

(continued)

Cultivar name	Parents ^{abcd}	Origin
Kurume IH-4 (久留米IH4号)	Strawberry parental Line Nou - 1 × Red Ruby	Japan
Kurume 49 (久留米49号)	Toyonoka × Nyoho	Japan
Kurume 56 (久留米56号)	Sachinoka × (Hokowase × Meiho)	Japan
Kurume 57 (久留米57号)	Sachinoka × (Douglas × Toyonoka)	Japan
Kurume 103 (久留米103号)	(Miyazaki × The Sun) × Fukuba	Japan
Kyoko (京虹)	Tochiotome × (Shizutakara × Nyoho)	Japan
Maehyang (莓香)	Tochinomine × Akihime	Korea
Malach	Dorit × Chandler	Israel
Megumi (めぐみ)	(Toyonoka × Aiberry) × Toyonoka	Japan
Meiho (明宝)	Harunoka × Hokowase (※)	Japan
Minomusume (美濃娘)	(Nyoho × Hokowase) × (Toyonoka × Nou-Hime)	Japan
Miranche (ミランシエ)	Progeny of Akanekko (Female parent is unpublished)	Japan
Miyoshi (みよし)	Himesodachi × Oishishikinari 2	Japan
Morioka 16 (盛岡16号)	(Fairfax × Etters burg) × Chiyoda	Japan
Nou-Hime (濃姫)	Aiberry × Nyoho	Japan
Nyoho (女峰)	[Donner × (Harunoka × Donner)] × Reiko	Japan
Oishishikinari 2 (大石四季成2号)	InstituteX2 × Oishishikinari 1	Japan
Osuzu (大鈴)	[(Donner-s)-s × (Harunoka-s)-s] × Harunoka-s	Japan
Otomegokoro (おとめ心)	Sakyu S 2 × Kitanokagayaki	Japan
Ouko (王香)	—	Japan
Ozcharuka (尾瀬はるか)	Tonehoppe × Kitanokagayaki	Japan
Pajaro	Sequoia × CAL 63.7-101	USA
Pechika (ペチカ)	Oishishikinari 2 × Summer Berry	Japan
Piyaradondon (びいひやらどんどん)	MS of Nyoho	Japan
Pistro (ピーストロ)	(Akanekko × Aiberry) × (Rindamore × Toyonoka)	Japan
Redpearl (レッドパール)	Aiberry × Toyonoka	Japan
Reiko (麗紅)	Harunoka-s × Fukuba-s	Japan
Rindamore (リンダモール)	Aiberry × Hokowase	Japan
Rouge TM (ルーージュテーエム)	(Progeny of Pajaro) × Shizuoka 4	Japan
Sachinoka (さちのか)	Toyonoka × Aiberry	Japan
Sagahonoka (さがほのか)	Osuzu × Toyonoka	Japan
Sanchiiigo (サンチーゴ)	(Aiberry × Hokowase)-s × Toyonoka-s	Japan
Sanrei (讃麗)	—	Japan
Sanukihime (さぬき姫)	(Sachinoka × Tochiotome) × Sagahonoka	Japan
Satohoro (サトホロ)	Tioga × Fairfax	Japan
Satsumaotome (さつまおとめ)	8821-11 × Sachinoka	Japan
Sawaberry (サワベリー)	Himiko × Nyoho	Japan
Sequoia	CAL 52.16-15 × CAL 51.51-1	USA
Serenata	No. 82/12-10 × Pink Panda (<i>Fragaria</i> × <i>Potentilla</i>)	UK
Shinnyoho (新女峰)	MS of Nyoho	Japan
Shizuchikara (しずちから)	Shizutakara × Hokowase	Japan
Shizunoka (しずのか)	(Kurume 103 × Hokowase) × Hokowase	Japan
Shizutakara (しずたから)	(Kurume 103 × Hokowase) × Hokowase	Japan
Strawberry Parental Line Nou - 1 (いちご中間母本農1号)	[(Aiberry-s)-s] × [(Toyonoka-s)-s]-s	Japan
Strawberry Parental Line Nou - 2 (いちご中間母本農2号)	(Florida693 × Hinomine) × Dover	Japan
Summer Berry (サマーベリー)	Kaho × Reiko	Japan
Summer Princess (サマープリンセス)	(Reiko × Kaho) × Nyoho	Japan
Suruga ace (するがエース)	—	Japan
Suruga red (スルガレッド)	Nyoho × Aiberry	Japan
Shuko (しゅうこう)	Shizutakara × Haruyoi	Japan
Shunho (春訪)	Toyonoka × Chizuru	Japan
Tioga	Lassen × CAL 42.8-16	USA
Tochihime (とちひめ)	Tochinomine × Kurume 49	Japan
Tochihitomi (とちひとみ)	(Progeny of Celine) × Sachinoka	Japan
Tochinomine (栃の峰)	(Florida69-266 × Reiko) × Nyoho	Japan
Tochiotome (とちおとめ)	Kurume-49 × Tochinomine	Japan
Tonehoppe (とねほっぺ)	Kei 56 × Nyoho	Japan
Toshihime (としひめ)	Hokowase × Akihime	Japan
Toyonoka (とよのか)	Himiko × Harunoka	Japan
Tsuburoman (つぶろまん)	Donner × Chiyoda	Japan
Vivarosa	Progeny of Frel (<i>Fragaria</i> × <i>Potentilla</i>) (Male parent is unpublished)	France
Yayoihime (やよいひめ)	(Tonehoppe × Tochiotome) × Tonehoppe	Japan
Yumeamaka (夢甘香)	[(Hokowase × Reiko) × Meiho] × Aiberry	Japan
Yumenoka (ゆめのか)	Kurume 55 × [(Nyoho × Pistro) × Aistro]	Japan

^a-s: The progeny of self-crossed population.^b—: Unable to be investigated.^cMS: Mutator strain^d※: Unclear which is the female and which is the male parent.

Table 12 Genotypes of 125 strawberry cultivars detected by 25 markers.

Serial number for markers	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
Cultivar	DFR- <i>Hin 6 I</i>	APX- <i>Mlu I</i>	APX2- <i>Dra I</i>	APX3- <i>Dra I(N)</i>	APX4- <i>Taq I(N)</i>	CHI- <i>Pvu II</i>	F3H- <i>Nco I(N)</i>	F3H- <i>Lam I104 I(N)</i>	F3H2- <i>Hpa II(N)</i>	F3H2- <i>Dde I(N)</i>	F3H3- <i>Acc I(N)</i>	CTI1- <i>Hinf I</i>	MSR- <i>Mlu I</i>	PGPA- <i>Acc I(N)</i>	PGPA- <i>Rsa I(N)</i>	PGPB- <i>Rsa I^r</i>	AUB- <i>Hin 6 I(N)</i>	OLP- <i>Dde I</i>	CTI2- <i>Mbo I(N)</i>	CTI2- <i>Bsh I236 I(N)</i>	CYT- <i>Bsa B I(N)</i>	tRNA- <i>Bse CI</i>	PYDA- <i>Cfr I3 I^r</i>	PYDA- <i>Hae III^b</i>	PYDB- <i>Hae III(N)</i>
Aiberry (アイベリー)	A	BC	A	A	A	H	A	B	X	X	H	A	H	B	X	A	H	H	A	B	H	A	B	B	H
Aiko	A	BB	A	H	A	H	A	B	X	X	B	A	H	B	A	X	H	H	A	B	B	A	B	B	H
Aistro (アイストロ)	X	BB	X	A	H	A	B	X	X	H	A	H	B	X	X	H	B	A	B	A	B	A	H	H	B
Akanekko (あかねつ娘)	A	BC	A	A	A	A	B	A	X	H	A	H	B	X	X	H	H	A	B	B	A	H	H	B	
Akashanomitsuko (あかしゃのみつこ)	A	AB	A	A	H	H	A	B	X	X	H	A	A	B	X	A	B	H	A	B	A	A	B	H	H
Akihime (章姫)	X	BB	X	A	A	H	H	X	X	H	B	A	B	X	X	B	B	A	H	H	A	H	H	A	
Akita Berry (アキタベリー)	A	AB	A	A	H	B	A	X	X	B	A	A	A	X	X	B	H	A	A	B	A	A	A	A	A
Amaterasu (アマテラス)	X	BC	X	H	A	H	A	H	X	A	B	A	H	B	A	X	H	H	H	H	H	A	H	A	B
Anther (アンテール)	X	AB	X	A	H	A	H	X	X	A	B	H	H	X	A	B	H	A	H	H	A	B	H	H	H
Aroma (アロマ)	A	BC	A	B	H	A	H	X	X	H	A	A	H	X	X	H	H	A	H	B	A	H	A	H	H
Asuka Ruby (アスカルビー)	X	AB	X	H	B	A	H	H	X	X	A	A	H	B	X	X	H	H	A	H	H	A	B	H	A
Asuka Wave (アスカウェイブ)	X	AB	X	H	A	A	B	A	X	H	A	A	B	A	X	A	A	B	A	B	B	X	B	B	H
Awanatsuka (あわなづか)	X	AB	A	H	A	B	N	N	X	X	B	A	H	H	X	A	B	H	N	N	B	A	B	B	H
Belle Rouge (ベルルージュ)	A	AB	A	A	A	H	A	B	A	X	B	A	A	A	X	X	B	H	A	B	B	A	A	A	A
Beniatago (ベにあたご)	X	BB	X	A	H	A	A	B	A	H	A	B	H	A	X	B	H	A	B	B	X	B	B	H	A
Beni hoppe (紅ほっぺ)	X	BB	X	A	H	B	A	H	A	A	B	A	A	B	X	X	B	H	H	B	A	A	A	A	A
Beniyutaka (べにゆたか)	X	AC	A	A	H	A	H	A	A	H	A	H	H	A	X	H	H	A	H	X	H	H	H	H	A
Berry Star (ベリースター)	A	BB	X	A	H	A	A	X	A	H	A	A	B	X	X	B	H	B	A	H	A	H	A	B	A
Chizuru (千鶴)	X	BC	X	A	H	A	H	A	A	X	B	A	H	H	X	A	B	A	A	A	H	A	H	A	H
Coinche (クワンシエ)	A	BC	A	A	A	A	H	X	A	B	A	H	H	A	X	H	H	B	A	B	X	A	A	H	H
Deco Rouge (デコルージュ)	A	AA	X	A	A	H	A	B	X	X	B	A	A	B	X	X	A	H	A	B	B	A	B	B	H
Diamond Berry (ダイヤモンドベリー)	X	BB	X	H	B	A	H	A	X	A	H	A	A	H	A	X	B	H	H	A	H	X	H	A	H
Donner	A	AC	A	A	A	A	H	A	X	A	H	B	H	A	X	X	H	A	H	A	B	A	H	H	H
Echigohime (越後姫)	X	BB	A	H	B	A	A	H	A	A	B	A	A	H	A	X	B	A	H	H	B	A	H	H	A
Elsanta	X	AB	A	A	A	H	A	B	X	X	B	A	A	A	X	A	B	H	H	B	X	A	A	A	A
Enrai (円雷)	A	AC	X	H	A	A	H	H	X	X	H	B	H	H	X	X	A	H	H	A	B	A	B	B	B
Ever Berry (エバーベリー)	X	BC	A	A	H	H	A	A	X	A	H	A	H	H	X	A	B	H	B	A	H	A	H	H	B
Fukuavaka (ふくあや香)	X	CC	X	A	H	A	H	H	X	X	H	A	A	B	X	A	B	H	A	H	B	A	B	B	A
Fukuba (福羽)	A	BB	X	H	H	A	A	A	A	H	A	A	B	B	A	A	B	B	A	A	H	X	H	A	B
Fukuharuka (ふくはる香)	X	BC	A	H	A	A	H	A	X	A	H	H	A	B	X	A	B	H	H	A	B	A	H	H	A
Fukuoka S 6 (福岡S 6号)	X	AA	X	B	B	A	A	A	A	H	A	H	H	X	A	H	A	B	A	H	X	H	H	H	H
Fukuoka S 7 (福岡S 7号)	X	AA	A	H	B	A	A	B	A	X	H	A	H	H	X	A	H	H	A	B	B	X	A	A	B
Fusanoka (ふさの香)	X	AB	X	H	B	A	A	H	A	X	A	H	A	A	X	X	B	H	A	H	H	A	B	A	A
Hanagasaotome (花笠おとめ)	A	AC	X	A	A	B	A	X	X	A	B	A	B	X	X	H	H	A	A	B	A	H	A	B	A
Harunoka (はるのか)	A	BC	X	H	H	A	H	A	A	A	H	A	H	H	X	A	B	H	H	A	H	A	A	A	B
Haruyoi (はるよい)	A	BC	A	A	H	A	A	H	A	A	B	A	H	H	X	A	H	H	H	H	A	H	H	H	H
Hatsukumi (はつくに)	X	AB	X	A	B	A	A	H	X	A	B	A	A	H	A	X	H	A	H	H	B	X	H	H	H
Himatsuri (ひまつり)	X	BC	X	H	H	A	H	A	A	H	A	H	H	A	X	H	A	H	A	H	X	A	A	A	H
Himesodachi (嬉育)	X	BB	A	A	B	A	A	X	A	H	A	A	H	A	A	B	B	A	H	X	A	A	H	H	A
Himiko (ひみこ)	A	BC	A	H	A	A	A	H	X	A	B	A	H	H	A	X	A	A	H	H	B	X	H	H	A
Hinomine (ひのみね)	A	AC	X	A	H	A	H	A	X	H	A	H	A	X	A	B	H	A	H	H	A	H	H	H	H
Hitachi-hime (ひたち姫)	X	AB	X	A	H	H	A	B	X	X	A	B	H	H	X	X	B	B	A	B	H	X	A	A	A
Hogyoku (芳玉)	A	BB	A	A	H	A	A	A	A	B	A	B	H	A	A	H	B	B	A	H	X	H	A	H	H
Hokowase (宝交早生)	X	AB	A	A	H	H	A	B	X	B	A	A	H	A	X	A	H	A	B	B	A	H	H	A	B
Hotta Wonder (堀田ワンダー)	X	BB	X	H	H	H	H	A	A	A	H	A	B	B	A	A	B	H	H	A	H	A	H	A	B
HS138 (エッチェス138)	A	BB	A	A	A	B	A	X	X	H	A	A	A	X	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	H
Iwao 1 (いわお1号)	X	CC	A	A	H	A	A	X	A	B	A	B	A	X	X	A	H	B	A	H	A	A	A	H	H
Johong (早紅)	X	BB	X	A	A	A	H	H	X	X	H	A	H	H	X	A	B	B	A	H	B	A	B	B	A
Junberry 2 (純ベリー2)	X	AB	X	A	H	A	H	H	X	X	H	A	H	H	X	A	B	H	A	H	H	A	B	H	A
Kanamihime (かなみひめ)	X	AB	X	H	H	A	A	B	X	X	A	B	A	H	X	X	B	B	A	B	H	X	H	H	A
Keiki wase (けいきわせ)	X	BB	X	A	A	H	H	H	X	X	H	A	A	B	A	X	H	H	A	H	H	X	H	H	A
Kentaro (けんたろう)	X	AB	A	A	A	H	H	A	X	A	H	A	H	H	X	A	H	A	B	A	B	A	A	A	H
Kita-ekubo (きたえくぼ)	A	AB	A	A	A	H	A	A	A	B	B	A	H	X	A	H	H	H	A	B	A	A	A	A	A
Kitanokagavaki (北の輝)	A	AA	A	A	A	A	H	X	A	B	A	A	A	X	X	H	A	H	B	A	H	H	A	H	H
Kivoka (清香)	A	BB	X	A	A	H	A	B	X	X	A	A	A	B	X	A	B	H	A	B	A	A	B	B	H
Kofuku (紅福)	X	AB	A	A	H	H	A	B	X	X	B	A	H	A	X	A	H	H	A	B	H	X	A	A	A
Kogvoku (幸玉)	X	BB	A	A	A	N	N	X	X	B	A	H	H	X	X	H	H	N	N	B	A	H	H	A	B
Koju (紅寿)	X	BB	X	A	B	H	H	A	X	H	A	B	B	X	A	B	B	A	H	B	X	B	H	H	H
Kumaken-1-548* (熊研い548)	X	BB	A	A	H	A	A	H	A	A	B	A	X	X	B	B	H	H	X	X	A	A	H	A	H
Kunowase (久能早生)	X	BC	A	B	H	H	H	X	X	B	A	H	B	X	A	H	B	A	H	H	A	H	A	H	H
Kurume IH-1 (久留米IH1号)	X	BB	X	A	A	A	A	A	A	B	A	B	B	A	X	B	A	B	A	A	X	A	A	A	A
Kurume IH-4 (久留米IH4号)	X	BC	A	A	H	H	A	X	A	B	A	H	H	X	X	H	B	B	A	B	A	A	A	H	H
Kurume 49 (久留米49号)	X	AC	X	H	B	A	A	H	X	A	H	H	H	A	X	B	A	H	H	H	X	H	A	H	H
Kurume 56 (久留米56号)	X	BB	X	H	A	H	A	B	A	X	B	A	A	B	X	A	H	B	A	B	B	X	H	H	A
Kurume 57 (久留米57号)	A	AB	A	B	H	B	H	H	X	B	A	A	H	X	A	H	B	A	H	B	X	B	B	H	H
Kurume 103 (久留米103号)	A	BB	X	H	B	H	A	A	A	H	A	B	B	X	A	B	H	H	A	H	A	H	A	B	B
Kyoko (京虹)	A	AB	X	A	H	A	A	B	X	X	H	B	H	H	X	X	H	H	A	B	A	A	H	H	H
Maehyang (莓香)	X	BB	X	A	H	A	H	H	X	X	B	B	A	H	X	X	B	A	H	B	A	B	B	A	B
Malach	X	AC	A	A	A	H	A	B	X	X	B	H	B	H	X	X	B	H	H	H	B	A	B	B	H
Megumi (めぐみ)	A	BC	X	A	H	H	A	A	A	B	A	B	H	A	X	B	A	H	H	H	X	A	A	B	B
Meiho (明宝)	A	BC	A	A	H	A	B	A	X	B	A	A	B	X	A	H	B	A	A	H	A	A	A	A	H
Minomusume (美濃娘)	X	AB	X	A	H	A	A	H	X	A	H	A	A	B	A	X	B	A	H	H	A	B	B	H	H
Miranche (ミランシェ)	X	BB	A	A	A	H	N	N	X	X	B	A	H	B	X	A	B	H	B	A	X	A	A	A	A
Miyoshi (みよし)	X	AB	A	A	H	N	N	N	X	X	B	A	A	H	X	A	B	H	N	N	B	X	H	A	B

(continued)

Cultivar	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	
	DFR- <i>Hin</i> 6 I	APX- <i>Mfu</i> I	APX2- <i>Dra</i> I	APX3- <i>Dra</i> I(N)	APX4- <i>Taq</i> I(N)	CHL- <i>Pvu</i> II	F3H- <i>Nco</i> I(N)	F3H- <i>Exam</i> 1104 I(N)	F3H2- <i>Hpa</i> II(N)	F3H2- <i>Dde</i> I(N)	F3H3- <i>Acc</i> I(N)	CTII- <i>Hinf</i> I	MSR- <i>Alu</i> I	PGPA- <i>Acc</i> I(N)	PGPA- <i>Rsa</i> I(N)	PGPB- <i>Rsa</i> I ^a	AUB- <i>Hin</i> 6 I(N)	OLP- <i>Dde</i> I	CTI2- <i>Mbo</i> I(N)	CTI2- <i>Bsh</i> 1236 I(N)	CYT- <i>Bsa</i> B I(N)	IRNA- <i>Bse</i> G I	PYDA- <i>Cfr</i> 13 I ^b	PYDA- <i>Hae</i> III ^b	PYDB- <i>Hae</i> III(N)	
Morioka 16 (盛岡16号)	A	AB	A	A	A	H	B	A	X	X	B	A	A	A	X	X	B	H	A	A	B	A	A	A	A	
Nou-Hime (濃姫)	X	AC	X	A	H	A	A	B	X	X	H	B	H	H	X	A	B	H	A	B	A	A	B	B	H	
Nyoho (女峰)	X	AB	X	A	H	A	H	H	X	X	A	B	H	H	X	A	B	H	A	H	H	A	B	H	H	
Oishishikinari 2 (大石四季成2号)	X	AB	A	A	H	A	A	X	A	H	A	A	H	X	A	B	H	B	A	B	A	B	H	B		
Osuzu (大鈴)	X	BC	X	A	H	A	H	H	X	X	B	A	H	H	X	A	H	H	A	H	B	A	H	A	B	
Otomegokoro (おとめ心)	A	AB	A	H	A	A	A	H	X	A	B	A	A	H	X	A	H	A	H	H	B	X	H	H	A	
Ouko (王香)	X	AB	A	A	A	B	A	X	X	H	H	H	H	X	X	H	H	A	A	B	A	H	H	A	A	
Ozehiruka (尾瀬はるか)	A	AA	X	A	H	A	H	X	A	H	A	A	A	X	X	A	A	A	B	B	A	H	H	H	H	
Pajaro	A	AA	X	H	A	H	A	H	X	A	B	A	A	H	X	X	A	A	H	H	B	A	B	B	H	
Pechika (ペチカ)	A	AB	A	H	H	B	A	B	X	X	B	A	H	B	X	X	B	H	A	B	B	X	B	H	B	
Pihvaradondon (ひいひやらどんどん)	X	AB	X	A	H	A	H	H	X	X	A	B	H	H	X	A	B	H	A	H	H	A	B	H	H	
Pistro (ピーストロ)	A	BB	A	A	A	H	H	A	X	B	A	H	H	A	X	H	H	A	H	B	A	A	A	A	H	
Redpearl (レッドパール)	X	BC	X	H	A	A	H	A	A	H	A	B	H	X	A	H	A	H	H	A	H	A	H	H	H	
Reiko (麗紅)	X	BC	X	H	H	A	A	H	A	X	H	A	H	B	X	A	B	B	A	H	H	A	B	H	H	
Rindamore (リンダモール)	A	BC	A	A	A	H	A	B	X	X	B	A	H	B	A	X	H	H	A	B	H	A	B	B	H	
Rouge TM (ルージュターエム)	A	CC	X	A	A	A	A	X	A	B	A	A	H	A	X	A	A	H	H	B	A	H	H	H	H	
Sachinoka (さちのか)	X	BC	A	H	H	A	H	A	A	H	A	H	B	X	A	B	H	H	H	X	H	H	H	H	H	
Sagahonoka (さがほのか)	X	BB	X	A	H	A	A	H	X	B	A	A	H	A	A	B	A	H	H	B	X	A	A	H	H	
Sanchiigo (サンチーゴ)	X	CC	A	H	H	A	A	H	X	A	H	A	H	H	A	A	H	H	A	H	H	B	A	H	H	H
Sanrei (讃麗)	X	AB	A	A	H	A	B	X	X	H	A	H	H	A	X	H	B	A	B	B	X	H	H	H	H	
Sanukihime (さぬき姫)	X	AB	X	A	A	A	B	X	X	H	A	H	A	X	A	B	A	A	B	H	X	A	A	H	H	
Satohoro (サトホロ)	A	AB	A	A	H	B	A	B	X	X	B	A	A	A	X	A	B	A	B	B	A	H	H	A	A	
Satsumaotome (さつまおとめ)	X	BC	X	H	H	A	A	H	A	A	H	A	A	H	X	X	B	A	H	H	H	A	H	H	H	
Sawaberry (サワベリー)	A	AC	A	A	H	H	A	B	X	X	A	B	B	H	X	A	H	B	A	B	A	A	B	B	A	
Sequoia	A	AA	A	H	H	H	A	H	X	A	B	A	A	H	X	X	H	H	H	B	A	H	H	H	H	
Serenata	A	BB	A	A	A	A	H	A	X	A	B	A	A	H	X	X	B	H	B	A	A	X	A	A	A	
Shinnvoho (新女峰)	X	AB	X	A	H	A	H	H	X	X	A	B	H	H	X	A	B	H	A	H	H	A	B	H	H	
Shizuchikara (しずちから)	X	BB	A	A	H	B	A	B	X	X	B	A	H	A	X	X	A	B	A	B	B	A	H	H	A	
Shizunoka (しずのか)	A	BB	A	A	H	H	H	X	X	B	A	H	B	A	X	A	B	A	H	B	A	H	H	H	H	
Shizutakara (しずたから)	A	BB	A	A	H	B	N	N	X	X	B	A	H	H	X	X	A	B	N	N	B	A	H	A	A	
Strawberry Parental Line Nou - 1 (いちご中間母本農1号)	X	BC	X	A	H	H	A	H	X	A	H	A	H	H	X	X	H	B	H	H	H	A	H	H	H	
Strawberry Parental Line Nou - 2 (いちご中間母本農2号)	X	AB	A	A	A	A	B	X	X	B	A	H	A	X	A	B	B	A	B	H	A	H	H	A	A	
Summer Berry (サマーベリー)	A	BB	A	H	H	H	A	B	X	X	B	A	H	B	X	X	H	H	A	B	B	A	B	B	B	
Summer Princess (サマープリンセス)	A	BC	A	A	A	H	H	H	X	X	H	A	A	H	X	A	B	B	A	H	H	A	B	H	B	
Suruga ace (ずるがエース)	X	BB	A	A	H	H	H	A	X	A	B	A	B	H	X	A	H	H	H	A	A	X	A	A	A	
Suruga red (スルガレッド)	X	AC	A	A	A	H	H	X	X	H	A	B	H	X	A	B	H	A	H	B	A	B	B	B	B	
Shuko (しゅうこう)	X	BC	A	A	B	H	A	B	A	X	B	A	H	B	X	A	H	H	A	B	H	A	B	H	A	
Shunho (春訪)	X	BC	X	H	H	A	H	A	X	A	H	A	H	H	X	A	H	A	H	A	H	X	A	A	H	
Tioga	X	BB	A	H	A	B	A	H	X	A	B	A	B	H	A	X	B	B	H	H	B	A	H	H	H	
Tochihime (とちひめ)	A	AA	X	H	B	A	A	H	X	A	H	H	H	H	A	X	B	H	H	H	H	A	H	A	A	
Tochihitomi (とちひとみ)	A	AB	A	H	B	A	H	X	A	H	A	A	H	X	X	B	H	H	H	B	X	B	H	H	A	
Tochinomine (栃の峰)	A	AB	A	A	B	A	B	X	X	H	B	A	A	X	A	B	B	A	B	H	A	H	H	A	A	
Tochiotome (とちおとめ)	X	AA	X	H	B	A	A	B	X	X	A	B	H	H	X	X	B	H	A	B	A	X	H	A	A	
Tonehoppe (とねほっぺ)	X	AB	X	A	H	A	A	H	X	A	H	B	H	H	X	A	B	A	A	B	B	A	B	H	B	
Toshihime (としひめ)	X	BB	X	A	H	A	A	B	X	X	B	B	A	H	X	H	B	A	B	H	A	H	H	A	A	
Tovonoka (とよのか)	X	BC	X	H	H	A	H	A	A	A	H	A	H	H	A	X	H	A	H	A	H	X	A	A	H	
Tsuburoman (つぶろまん)	A	AB	A	A	A	A	A	X	A	B	H	H	A	X	X	H	H	A	A	B	A	A	A	A	H	
Vivarosa	X	BB	A	A	H	H	A	A	X	A	B	H	H	B	A	A	B	A	H	A	H	X	H	A	A	
Yavoihime (やよいひめ)	X	AA	X	H	A	A	B	X	X	H	A	B	H	X	X	B	A	A	B	H	A	B	H	H	H	
Yumeamaka (夢甘香)	X	CC	A	A	A	A	B	A	X	B	A	A	B	X	A	B	H	A	B	H	A	H	H	A	A	
Yumenoka (ゆめのか)	A	AB	A	A	H	A	A	H	X	A	H	A	H	H	X	X	B	A	H	H	B	X	B	H	B	

For genotypes, refer to Table 3.

^a At marker PGPB-*Rsa* I, genotype A (Table 3) is expressed as X in this chapter, and genotype B/H is expressed as A.^b At marker PYDA-*Cfr* 13 I and PYDA-*Hae* III, genotype AA/AB/BB (Table 3) is expressed as A in this chapter, genotype AC/BC as H, and genotype CC as B.

c 考察

改良した 25 の CAPS マーカーを利用することにより、突然変異体を除く全ての供試品種を識別することができた。改良前の 21 マーカーでも同様に識別は可能であったが、検出される多型の明瞭性およびマーカーの識別能力という点で、明らかに改良したマーカーが優れていた。高次倍数体における DNA 品種識別法としては、ゲノム特異的マーカーは、アレル特異的マーカー（例：Sequence Tagged

Site (STS) マーカー）と同様に安定で明瞭であるが、ポジティブコントロールを入れる必要がないという点でより便利であり、制限酵素処理を要するという点でより煩雑である。2009 年現在では、CAPS マーカーの他にも、SSR マーカーや RAPD-STS マーカーによる国産品種の識別法が開発されている (Shimomura et al., 2006; 田崎ら, 2006)。特に田崎らの RAPD-STS マーカーは、1 マーカーで ‘とちおとめ’、‘とちひめ’、‘栃の峰’の栃木系品種を他の

23 品種から識別することができ、目的によっては非常に有効である。ただし、従来の CAPS 法、RAPD 法、SSR 法のように全ての同祖遺伝子（または同祖 SSR）が PCR 増幅の対象となる手法を用いる場合には、同祖性の座が競合を起こすため、目的的多型バンドの増幅が不安定となる危険性を踏まえておく必要がある。

一方で、disomic 遺伝が想定されるゲノム特異的マーカーは、イチゴの親子関係の検証にも利用できる（森ら、2007）。ただし、F3H、CTI2 の 2 増幅座が‘みよし’、‘ミランシェ’、‘八雲’、‘しずたから’および‘あわなつか’の 5 品種で増幅しなかったことから、これら 2 増幅座には、厳密には増幅できない対立遺伝子が存在することが分かった。したがって、これらから生じる 4 マーカーは、後代で disomic 遺伝に従った分離をすることは限らないため、親子鑑定には不適である。

また本節の分析から、長年ランナーによる栄養増殖で維持されているイチゴ品種は、特に遺伝資源の管理圃場において他品種と入れ替わる危険性が高いことが示された。開発した DNA 品種識別法はこれら遺伝資源の正確な管理にも貢献することが期待される。

3 品種識別技術の妥当性確認

開発した品種識別技術は、育成者権の保護や偽装表示防止だけでなく、遺伝資源の管理や品種登録制度への利用が期待されており、税関検査所、イチゴ生産県、民間分析センター、種苗管理センター等へ広く技術移転することが望まれていた。そのため、本識別技術をマニュアル化し、分析技術の再現性（妥当性）を証明する必要性が生じた。本技術は、野菜茶業研究所の設備においては十分に高い再現性が実証されている。しかし DNA 分析技術は、分析設備や分析者が異なれば、大なり小なり結果が変動することが知られている（This et al., 2004）。技術を一般化するためには、分析マニュアルの作成、および研究設備や実験担当者の技術的な差異に結果が左右されない高い再現性の確保が求められる。再現性を確認するために必須であるのが研究室間妥当性試験である。

EU（欧州連合）の「Food Control Lab の要求事項（EU Additional Measures Directive 93/99 EEC）」と Codex（FAO/WHO 合同食品規格）の「国際的に通用する分析試験所のガイドライン（CAC/GL27-1999）」では、国際的に信頼される食品分析データを得るためには、「妥当性が確認された方法」、つまり、妥当性試験を経た分析法を用いなければならないとされている。また、この妥当性試験の実施方法についても、国際的なガイド

ラインに準拠しなければならない。国際的な妥当性試験のガイドラインとしては、国際純正・応用化学連合（IUPAC）の Harmonized protocol（1988）、国際標準規格（ISO）、AOAC International の Official Methods of Analysis—Appendix D&R が存在する。しかしいずれも、主に定量分析法を対象としたガイドラインであり、定性分析法の試験要件については ISO 16140（2003）および AOAC の Appendix D（2002）で若干触れられているのみである。イチゴの品種識別の研究室間共同試験に関しては、AOAC が定める要件（Table 13）に従うこととした。

これまでに AOAC で発表された定性分析法の妥当性試験は、主に食品中の毒素や菌の検出に関するものである（Feldsine et al., 1997, 2003）。陽性、陰性を判定するこれらの試験とは根本的に性質の異なった DNA 品種識別法については、要件を満たした妥当性試験の報告はない。本節では、国際基準に準拠した食品品種識別法の妥当性試験の初めての試みについてまとめた。

a 材料および方法

1) AOAC-Appendix D の解釈

妥当性試験は、基本的に共同研究ラボに複数の試料を配布して分析・判定してもらおうブラインド試験に基づき、対象技術の感度（A の試料を A と判定できる確率）および特異性（A でない試料を A でないと判定できる確率）を算出することが目的である。AOAC-Appendix D に記された定性分析法の妥当性試験の必要条件は 4 つあり、1) 共同試験に必要なラボ数は最低 10、2) 分析レベル数はマトリックスごとに最低 2、3) 分析試料数はレベルごとに最低 6、4) ネガティブコントロールはマトリックスごとに最低 6 を満たすことである（Table 13）。

必要ラボ数の解釈はどのような分析法であっても共通である。ただし、大きく逸脱した結果を出したラボは統計上棄却するため、有効ラボ数を 10 確保するためには 12 以上のラボで試験を実施するのが望ましいと言われている。これらの必要ラボ数と分析試料数は、算出される感度・特異性の信頼区間が 10% 以下になるように設定されており（McClure, 1990）、ラボ数を増やせば分析試料数を減らすことも可能であるが、本試験では 12~13 のラボを設定した。

マトリックスとは通常、乳製品ならチーズやバター、加工乳等の各食品形態を示す。本試験の分析対象は「イチゴの生葉」のみであるため、マトリックスは単一である。

分析レベルとは、検出対象の濃度レベルが想定されてい

Table 13 Criteria used for validation of the method of qualitative analysis shown in AOAC OMA Appendix D, and interpretation of the criteria in three kinds of analysis.

Criteria	Appendix D		Detection of <i>Salmonella</i>	Cultivar identification	Detection of DNA polymorphism
Minimum number of laboratories	10	→	10	10	10
Analyte levels	2 analyte levels per matrix	→	High and low inoculation level per material	125 cultivars	2 to 6 genotypes per marker
Minimum number of test samples	6 samples per level	→	6 samples per level	6 samples per cultivar	6 samples per genotype
	6 negative controls per matrix	→	6 negative controls	needless	needless

Table 14 Collaborators in validation of DNA genotyping of strawberry in 2005 and 2006.

Research Institutes	2005	2006
Aichi Agricultural Research Center	A ^a	B
Central Customs Laboratory	C	D
Chiba Prefectural Agriculture Research Center	E	E
Fukuoka Agricultural Research Center	F	G
Fukushima Agricultural Technology Centre	- ^b	H
Gifu Agricultural Experiment and Research Facilities	I	J
Japan Food Research laboratories	K	L
Kumamoto Prefectural Agricultural Research Center	M	-
Mie Prefectural Science and Technology Promotion Center Agricultural Research Division	N	N
Miyagi Prefectural Agriculture and Horticulture Research Center	O	O
Nara Agricultural Experiment Station	P	-
National Center for Seeds and Seedlings	Q	Q
Tochigi Prefectural Agricultural Experiment Station	R	R
Visionbio Corporation	S	T
Total number	13	12

^a Capital letters represent the validation partners; that is, a change from A in 2005 to B in 2006 means a partner change within the same laboratory.

^b - represents non-participation in that year.

ると考えられ、サルモネラ菌検出技術 (Feldsine et al., 2003) では、「菌濃度の高いもの」と「菌濃度の低いもの」の2レベルが設定されている。これにネガティブコントロールとして「菌が存在しないもの」を加え、各6サンプル、合計18サンプルをブラインド試験の分析試料としている。しかし、菌等の陰陽判定技術の解釈が品種識別技術には適用できない。品種識別においては、検出すべきは菌の有無ではなく品種名であり、品種名には濃度レベルという概念はない。しかし本来、妥当性試験の設計基準を最初に定めた McClure (1990) は濃度レベルを設定しておらず、単に「positive」と「negative」の2レベルを設定しているのみである。これは、この2レベルが、想定されていた定性分析の判定結果として真に不可欠なものであったためと考えられる。したがって本試験では、判定結果として不可欠な「品種名」を分析レベルと捉え、品種の数(本研究では125)だけ分析レベルを設定すれば、統計的に問題はないと考えられた。異なる複数品種のサンプルを同時に供試すれば、互いにネガティブコントロールとしての役割を果

たすため、新たにネガティブコントロールを設定する必要はない。しかし、共同研究室に対して、各品種6サンプル、合計750サンプルからDNAを抽出し、25マーカーについて分析を行い、品種の特定を依頼するのは現実的に不可能であった。そこで、検出対象(分析レベル)を「品種名」ではなく「DNA多型」に設定した。25のマーカー分析の妥当性を個別に検討することで、分析レベルを多型の数(CHI-*Pvu* IIならばA, H, Bの3レベル)に減らし、分析サンプル数は各多型について6サンプル、合計12~36サンプル(CHI-*Pvu* IIならば18サンプル)とした。回答は「品種名」ではなく「検出されたDNA多型」を求めた。したがって本試験で妥当性確認の対象となるのは、厳密には「品種識別技術」ではなく、「イチゴのDNAタイピング技術」と言える。

2) 妥当性試験設計

本試験は25のマーカー分析の妥当性を個々に検証するものであり、多大な労力を要する。このため、試験を

マーカー	サンプルNo.																																						
F3H-Nco I(N)	3	4	5	6	8	10	15	16	17	20	21	22	23	26	28	32	34	36	38	39	計20																		
F3H2-Dde I(N)	1	2	7	13	14	16	17	23	24	27	29	31	32	35	計14																								
F3H3-Acc I(N)	2	4	5	9	10	11	13	14	18	20	25	26	27	29	30	31	34	38	39	40	計20																		
CT11-Hinf I	1	2	3	8	9	11	12	15	18	21	22	25	26	28	33	35	36	37	39	40	計20																		
PGPA-Acc I(N)	3	4	5	8	11	13	18	19	20	21	23	25	26	28	30	32	33	34	35	36	計20																		
AUB-Hin6 I(N)	3	5	6	8	12	14	17	18	19	20	21	22	24	27	29	31	33	34	37	40	計20																		
OLP-Dde I	2	4	5	6	7	13	14	15	17	19	22	24	27	29	31	33	36	38	39	40	計20																		
CT12-Mbo I(N)	1	3	4	7	9	10	11	17	19	20	22	24	25	26	28	31	32	34	37	39	計20																		
CT12-Bsh1236 I(N)	1	2	3	5	6	7	8	11	12	13	14	19	21	25	27	31	33	36	37	38	計20																		
PYDA-Cfr13 I	2	6	8	9	10	12	13	16	18	19	22	24	25	26	28	29	30	35	36	38	計20																		

マーカー	サンプル番号																																								多型ごとのサンプル数 (全解析数)
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	
F3H-Nco I(N)		B	A	H	B		A		H					A	B	H			A	A	A	B				A	X	H		X	H		B	A	H		B	A	H	6-8 (20)	
F3H2-Dde I(N)	A	X																																							7 (14)
F3H3-Acc I(N)				H	H			H	A	H	A	H	A			B										B	H	B		H	A	B		B	A		B	A	H	6-8 (20)	
CT11-Hinf I	H	B	A		A	H	A		H		A	H			B																										6-8 (20)
PGPA-Acc I(N)		A	H	A		B		B	A	H																															6-8 (20)
AUB-Hin6 I(N)		B		B	H	B																																			6-8 (20)
OLP-Dde I		H	A	H	B	B		A	H	H																															6-8 (20)
CT12-Mbo I(N)	H	A		A	H	B		H	A	B																														6-8 (20)	
CT12-Bsh1236 I(N)	H	H	A		H	A		B	A	B																														6-8 (20)	
PYDA-Cfr13 I		B			A		B	H	B																															6-8 (20)	

Fig. 12 Response sheet used for blind tests in 2006 (top chart), and correct answer with strawberry cultivar name (bottom chart).

目次

- DNA マーカーと CAPS について
- 該当性試験について
- 該当性試験の進め方
- イチゴ葉からの DNA 抽出
- PCR 法による目的 DNA 断片の増幅
- 制限酵素処理による増幅断片の消化
- アガロースゲル電気泳動による多型の検出
- トラブルシューティング
- 使用マーカー一覧表
- 本試験回答用紙 (PDF)
- 田舎中坐

1. DNA マーカーと CAPS について

ヒトがひと一人違う DNA 配列をもっているように、イチゴの種類もそれぞれ異なる DNA 配列をもっている。このような配列の違いを学術的に検出する手段が DNA マーカーである。DNA マーカーには、ハイブリダイゼーションを伴う RFLP、マーカーを用いる AFLP や RAPD、また生物に内蔵する酵素活性の違い (シライト) の発現の有無を検出する SSR 検査や多型のものがあるが、酵素処理により配列を検出する Cleavage Amplified Polymorphisms といった高感度の検出法を説明する。CAPS マーカーの利点は、全く、検査をする人やサンプルの状態、DNA 抽出方法などによって検出が異なることや、サンプル比較時サンプルで、異なる検出率や検出感度から、異なる検出結果で結果に誤差が生じることがあることと比べて、CAPS 法では、あらかじめ制限酵素で DNA を消化し、アガロースゲル電気泳動で検出する。イチゴが異なる品種の DNA の検出から、検出結果を比較する。

CAPS マーカーの検出法

制限酵素で DNA を消化し、アガロースゲル電気泳動で検出する。異なる品種の DNA は異なるサイズの断片を生じ、アガロースゲル電気泳動の結果として異なる位置にバンドが現れる。

プライマー	Sequence	Size	制限酵素	検出位置
APC-F	GTGAGGAGGATGTTG	18	NotI	312
APC-R	AGTATGAGGATGTTG	39	NotI	312

多型バンドサイズ (下欄の有無と判別)	制限酵素消化の検出 (多型が検出すれば OK)	制限酵素消化の検出 (多型が検出すれば OK)
多型 APC: 61 bp, 43 bp, 43 bp	6+1 サンプル分	39+6 サンプル分
多型 AB: 61 bp, 43 bp, 43 bp	6+1 サンプル分	39+6 サンプル分
多型 BC: 61 bp, 43 bp, 43 bp	6+1 サンプル分	39+6 サンプル分
多型 AA: 61 bp, 43 bp, 43 bp	6+1 サンプル分	39+6 サンプル分
多型 BB: 61 bp, 43 bp, 43 bp	6+1 サンプル分	39+6 サンプル分
多型 CC: 61 bp, 43 bp, 43 bp	6+1 サンプル分	39+6 サンプル分

Fig. 13 Excerpts from manual for collaborative study, "Detection of DNA Polymorphisms of Strawberry Cultivars".

キュベート法、3) マニュアルに従うとうまくいかなかった点、4) マニュアルを逸脱した点についても報告を依頼した。

4) 感度・特異性の算出

参画ラボから得た全回答から、マーカーごとに無効回答の選抜を行った。マニュアルを著しく逸脱した手順で

行われた分析、および対象サンプルを取り違えたことが明らかな分析のみ、無効とした。McClure (1990) によると Cochran の Q 検定を用いて外れ値検定を行い、極端に成績の悪いラボは棄却することが推奨されているが、本試験では、予備試験により各ラボの技術力は確認していたため、外れ値検定による棄却は行わなかった。残っ

た有効回答から各ラボについて感度および特異性を算出した。たとえば、「多型 A」の感度は「A と正しく判定されたサンプル数×100/A であることが既知のサンプル数」、特異性は「A ではないと正しく判定されたサンプル数×100/A ではないことが既知のサンプル数」の定義式より算出した。全データを総合して感度・特異性の平均値を算出し、データが正規分布に従わない場合は、最小値、25 パーセンタイル値（75%のラボがこれより高値となる値）も算出した。

b 結果

初年度、2 年目ともに、全参画ラボから期限内に回答を得た。まず、参画ラボの自己申告にしたがって、マニュアルを大きく逸脱した以下 4 点のマーカー分析を無効回答とした。すなわち、1) PCR 増幅量の少なかったマーカーに関して、PCR 産物を鋳型に再度同じプライマーで PCR を行った分析、2) 指定サンプルだけでなく、全サンプルの多型を決定した分析、3) 送付した AmpliTaq Gold 以外のポリメラーゼを用いて PCR を行った分析、4) PCR 反応溶液または制限酵素反応溶液の組成を変更した分析の 4 点である。抽出 DNA の希釈率を 10 倍から 20 倍へ変更して PCR の鋳型とした分析は許容範囲とした。

また、サンプルを取り違えたことが明らかな次の 2 点の分析は以下のように処理した。1) 分析試料のうち 1-8 番目と 9-16 番目の回答が完全に入れ替わっており、8 連チューブの取り違えが明らかな分析や、回答マスが 1 つずつずれており、ケアレスミスと解釈できた分析については、計算上マーカーの再現性に甚大な影響を与えるため、そのマーカー分析自体を無効とした。2) 2 つのラボに対して送付した合計 12 の「とちひめ」サンプルのうち、3 つが当方の手違いにより「とちおとめ」であったことが判明した（送付した葉の葉柄を手元に保管していたため、これを分析したことによって判明した）。これら 3 サンプルについての分析は全て無効とし、その結果、関係するマーカー分析では一部の多型で反復数が減少することとなった。しかし、選抜の結果、全てのマーカーについて、最低 10 の有効ラボ数は確保できた (Table 15)。

有効回答をもとに、マーカーの多型タイプごとに感度・特異性を計算し、全ラボの結果を総合して平均値を算出した (Table 15)。感度・特異性ともに大部分のラボが 100%を示したため、データが正規分布に従わず ($p < 0.00001$, Shapiro-Wilk test, データ省略), 標準誤差

や信頼区間が算出できなかった。そこで、25 パーセンタイル値および最小値を示した。各マーカーの多型レベルのうち、最も低成績の値をそのマーカーの代表値と見なすと、25 マーカーのうち、12 が感度・特異性 100%、12 が 95%以上、1 つが 90%以上となった。25 パーセンタイル値については、APX-Mlu I を除く全マーカーが 100%となった。最小値は MSR-Alu I, PGPA-Rsa I (N), tRNA-BseG I の 3 つ以外は 80%以上であった。

本試験ではマニュアルに記載されている事項以外は、参画ラボの常法に一任した。したがって、サンプル破碎方法は、液体窒素と乳鉢を用いる方法、海砂とペッスルを用いる方法、ビーズクラッシャー使用方法など様々であった。サーマルサイクラーの機種も、Biorad, ABI, TAKARA, ASTEC, MJ Research, Eppendorf と多様であった。

以上から本分析法は、マニュアルに従って遂行することにより、使用機器の機種や分析者の違いに関わらず、全マーカーで 90%以上の感度・特異性が確保されることが確認できた。

c 考察

本試験設計は、厳密には「品種識別法」ではなく「DNA 多型検出技術」の妥当性確認を目的として立てられた。したがって、「イチゴの DNA 多型を正確に検出できること」は検証されたが、「検出した多型から分析サンプルの品種を正確に特定できること」については未検証である。

本試験では各 DNA 多型について 6-8 反復ずつ検出されるように設計しているが、これらはできるだけ複数の品種から検出されるように留意した。単一の品種から反復をとると、一般性が欠け、品種が異なったときの多型検出技術に疑問が残るためである。また、一部のマーカーで検出された多型から品種が推定でき、他のマーカーのタイピングに先入観が入る恐れもある。多様な品種を組み合わせる反復をとることで、技術が様々な品種に対応していることを一般化でき、タイピングの先入観も防止でき、更には限られた DNA サンプル数から効率よく全マーカーの反復をとることが可能となった。

妥当性試験の結果から、MSR-Alu I を除く 24 マーカーの感度・特異性が 95%以上であることが確認された。一般に定性分析法は、感度・特異性が 95%であれば十分に高精度であるとされており、McClure (1990) は 80%が許容できる最低ラインであると述べている。このことから、本技術は、マニュアルに従うことにより、

Table 15 Results of validation of strawberry genotyping by collaborative study.

Marker	Genotype ^a	Result (%)						Available response / All response	Year to validate
		Sensitivity rate			Specificity rate				
		Mean	25 percentile	Minimum	Mean	25 percentile	Minimum		
1 DFR- <i>Hin6</i> I	A	98.5	100.0	83.3	100.0	-	-	11/13	2005
	X	100.0	- ^b	-	98.5	100.0	83.3		
2 APX- <i>Mlu</i> I	CC	97.0	96.3	83.3	100.0	100.0	96.7	11/13	
	BC	98.5	100.0	83.3	99.7	99.3	96.7		
	AC	100.0	-	-	100.0	-	-		
	BB	100.0	-	-	100.0	-	-		
	AB	100.0	-	-	100.0	-	-		
3 APX2- <i>Dra</i> I	A, X	100.0	-	-	100.0	-	-	12/13	
	A, B, H	100.0	-	-	100.0	-	-	10/13	
4 APX3- <i>Dra</i> I(N)	A	98.5	100.0	83.3	99.2	100.0	91.7	11/13	
	B	98.5	100.0	83.3	99.2	100.0	91.7		
	H	100.0	-	-	100.0	-	-		
5 APX4- <i>Taq</i> I(N)	A, X	100.0	-	-	100.0	-	-	12/13	
	A, B, H	100.0	-	-	100.0	-	-	12/13	
6 CHI- <i>Pvu</i> II	A	97.9	100.0	87.5	100.0	-	-	12/12	
	B	100.0	-	-	99.4	100.0	92.9		
	H	100.0	-	-	99.4	100.0	92.9		
7 F3H- <i>Nco</i> I(N)	A	100.0	-	-	100.0	-	-	12/13	
	B	98.6	100.0	83.3	99.3	100.0	91.7		
	H	98.6	100.0	83.3	99.3	100.0	91.7		
8 F3H- <i>Eam</i> 1104 I(N)	A, X	100.0	-	-	100.0	-	-	12/13	
9 F3H2- <i>Hpa</i> II(N)	A, X	100.0	-	-	100.0	-	-	12/12	
10 F3H2- <i>Dde</i> I(N)	A, X	100.0	-	-	100.0	-	-	12/12	
11 F3H3- <i>Acc</i> I(N)	A	99.0	100.0	87.5	100.0	-	-	12/12	
	B	100.0	-	-	100.0	-	-		
	H	100.0	-	-	99.4	100.0	92.9		
12 CTI1- <i>Hinf</i> I	A	100.0	-	-	100.0	-	-	10/13	
	B	90.0	100.0	0.0	100.0	-	-		
	H	100.0	-	-	95.0	100.0	50.0		
13 MSR- <i>Alu</i> I	A	100.0	-	-	98.8	100.0	92.9	12/12	
	B	100.0	-	-	100.0	-	-		
	H	97.9	100.0	87.5	100.0	-	-		
14 PGPA- <i>Acc</i> I(N)	A	95.8	100.0	50.0	98.6	100.0	83.3	12/13	
	B	98.6	100.0	83.3	95.8	100.0	50.0		
	H	100.0	-	-	100.0	-	-		
15 PGPA- <i>Rsa</i> I(N)	A, X	100.0	-	-	100.0	-	-	12/13	
16 PGPB- <i>Rsa</i> I	A, B, H	100.0	-	-	100.0	-	-	12/12	
17 AUB- <i>Hin6</i> I(N)	A	100.0	-	-	100.0	-	-	12/12	
	B	98.6	100.0	83.3	100.0	-	-		
	H	100.0	-	-	99.3	100.0	91.7		
18 OLP- <i>Dde</i> I	A, B, H	100.0	-	-	100.0	-	-	12/12	
	A	98.7	100.0	85.7	99.3	100.0	92.3		
	B	100.0	-	-	99.4	100.0	92.9		
19 CTI2- <i>Mbo</i> I(N)	A	98.7	100.0	85.7	100.0	-	-	11/12	
	B	100.0	-	-	99.4	100.0	92.9		
	H	98.7	100.0	85.7	100.0	-	-		
20 CTI2- <i>Bsh</i> 1236 I(N)	A, B, H	100.0	-	-	100.0	-	-	12/13	
21 CYT- <i>Bsa</i> B I(N)	A	97.2	100.0	66.7	98.6	100.0	83.3	12/13	
	B	98.6	100.0	83.3	97.2	100.0	66.7		
	H	100.0	-	-	99.3	100.0	91.7		
22 tRNA- <i>Bse</i> G I	A	98.6	100.0	83.3	100.0	-	-	12/12	
	B	100.0	-	-	100.0	-	-		
	H	100.0	-	-	99.3	100.0	91.7		
23 PYDA- <i>Cfr</i> 13 I	A, B, H	100.0	-	-	100.0	-	-	11/13	
	A	98.6	100.0	83.3	100.0	-	-	10/13	
	B	100.0	-	-	100.0	-	-		
H	100.0	-	-	99.3	100.0	91.7			
24 PYDA- <i>Hae</i> III	A, B, H	100.0	-	-	100.0	-	-	11/13	
25 PYDB- <i>Hae</i> III(N)	A, B, H	100.0	-	-	100.0	-	-	10/13	

The 25th percentile or minimum value was adopted as an index for distribution, because the data were not consistent with a normal distribution.

^a For genotypes, refer to Table 3. At marker PGPB-*Rsa* I, genotype A (Table 3) is expressed as X in this chapter, and genotype B/H is expressed as A. At marker PYDA-*Cfr*13 I and PYDA-*Hae* III, genotype AA/AB/BB (Table 3) is expressed as A in this chapter, genotype AC/BC as H, and genotype CC as B.

^b -, not calculated, because all laboratories correctly genotyped all tested samples.

DNA抽出法や使用機器、分析者の違いに左右されず、十分に高い再現性が得られると結論した。

回答で誤答があったマーカー分析については、試験終了後、参考データとして該当ラボに再試験を依頼した。その結果、DFR-*Hin6* I, APX-*Mlu* I, APX4-*Taq* I (N), PGPA-*Rsa* I (N), CTI2-*Bsh1236* I (N), tRNA-*BseG* I, PYDA-*Cfr13* I の7マーカーでは100%の正答率が得られた。本試験での誤答、再試験での正答、ともに電気泳動像が明瞭であったため、誤答の原因は単純なサンプル取り違えと推察された。分析サンプル数が多く、また初年度は虫食い式の回答表であったため、サンプルの取り違えが多発したものと思われる。F3H-*Nco* I (N), F3H-*Eam1104* I (N), CTI1-*Hinf* I, PGPA-*Acc* I (N), OLP-*Dde* I の5マーカーでは、再試験を行っても完全正答は得られず、誤答の原因は真にマーカー設計にあると思われた。

注意を要するのが、MSR-*Alu* I の「多型 B」の検出である。平均すると90%の感度を確保しているが、ひとつのラボにおいて6反復の「多型 B」が全て「多型 H」として検出された。本来ならば Q 検定で外れ値として棄却されるべきデータであるが、このラボの他のマーカー分析は順調に行われていたため、原因はラボではなくマーカーにある可能性が高いと考え、有効データとした。再試験では完全正答が得られたが、注意すべきマーカーとして特筆する。

農産物の品種育成者権侵害や偽装表示問題は、もはや国内に留まらず、国際的な問題に発展しかねない。このことから、今後の農産物品種識別技術は、国際的に信頼されるものでなければならない。既に、SSRマーカーを用いたブドウ品種の多型検出技術について10ラボで再現性の検証を試みた例があるが、これはブラインド試験の形式をとらずに、配布した46品種の多型を各々で決定するものであったため、統計的な感度・特異性の算出は行えなかった (This et al., 2004)。国際的なガイドラインに準じて妥当性が確認された食品のDNA品種識別技術は前例がなく、AOACの定める基準の解釈も含めて、本試験が初めてひとつのプロトタイプを示した。今後、本試験設計を叩き台に、様々な食品DNA鑑定法の妥当性が検証されることを期待する。

4 多型頻度に基づく品種同定精度の算出

本研究で開発した品種識別法は、厳密にはあくまで「識別」「区別」であって「同定」ではない。未知のサンプル(品種 'X' とする)が、リストアップされた117

品種の中のいずれかであると分かっている場合に限り、100%品種を特定できる。しかし、117品種以外にも 'X' の品種として考えられる候補が存在する場合には、仮に117品種の中に 'X' と多型が一致する品種 'Y' が存在しても、「Xの品種はYである」とは100%言い切れなくなる。'X' が117品種以外の品種である危険性を常に念頭に置かねばならないためである。言い換えれば、'X' とDNA多型が完全に一致する別の品種が偶然に存在する確率を、危険率として明示することによってのみ、品種を「同定」できる。

ヒトのDNA鑑定では、集団の無作為なサンプリングに基づいて算出した各DNA多型の頻度から、誤判定の危険率を算出し、法廷でも採用されている。植物のDNA鑑定でも、今後はヒトと同様、数値で鑑定結果の精度を示すことが要求されると考えられる。しかし現時点では、多くの植物で品種識別用DNAマーカーが開発されているにも関わらず、鑑定の精度を算出した例がない。そこで鶴飼(2004)は、誤判定の危険率を算出した上で植物品種を「同定」する「品種同定理論」を提案した。本節ではこの理論に則って、開発したCAPSマーカーによる品種同定精度の数値化を試みた。「品種同定理論」は、互いに独立したマーカーを使用することが推奨される。独立が完全でない場合は、同定精度が過剰に見積もられるためである。そこで最初に、全てのCAPSマーカーについて遺伝的な独立性検定を行った。次に国内イチゴ品種における各マーカーの多型頻度を算出し、117品種を同定する上での誤判定の危険率を算出した。

a 材料および方法

1) 利用データ

多型頻度の算出には、第III章第2節で分析した125品種の多型データを用いた。マーカーの独立性検定は基本的に、第II章第4節で分析した 'さちのか' と 'とちひめ' の自殖集団各96個体、'女峰' と 'Cesena' の自殖集団各48個体、および 'さちのか' × 'とちおとめ' の交配集団96個体の計5集団の多型データを用いて行った。これら5集団で検定不可能であった場合のみ、125品種を1つの集団とみなし、これらの多型データから検定を行った。

2) マーカーの独立性検定

「遺伝的に独立なマーカー」とは、「異なる染色体に座乗し、互いに影響を与えることなく後代に遺伝するマーカー」と同義であると定義できる。したがって、葉緑体

DNA に由来する tRNA-BseGI を除いた 24 マーカーについて、独立性検定を行った。想定される全てのマーカー組み合わせについて、5つの各交配集団の多型データに基づいて2元分割表を用いた χ^2 検定を行った。ただし χ^2 検定では、期待値が5以下となる遺伝子型が分割表の20%を超えた場合、または期待値1以下となる遺伝子型が存在した場合には、検定の信頼性が劣ると言われている (Cochran, 1954; 青木, 2002)。そこで、この条件に合致した場合には、 χ^2 検定ではなく Fisher の exact test を採用した。多型が分離しなかったため、5つの交配集団のいずれにおいても検定が不可能であったマーカー組み合わせについては、Table 11 の 125 品種をひとつの集団と捉え、この多型データを用いて独立性検定を行った。マーカー名に (N) が付随しているものは原著論文 (Kunihisa et al., 2005) 報告後にプライマー配列に再改良を加えたものであるが、本分析には原著論文で報告したマーカーを用いた。改良によってマーカーの増幅効率、または特異性が向上しているが、検出する多型の座上位置は変わらないことを確認しているため、独立性の検定には影響はない。

3) 同定精度の算出

同一多型の偶然の出現確率を算出するに際して、各マーカーで検出された DNA 多型の出現頻度を乗ずるためには、各マーカーが独立であることが望ましい。「品種同定理論」はこの前提に基づいて打ち立てられている。そこで互いに独立性の証明されたマーカーについてのみ、各多型頻度を 125 品種の多型データから算出した。

分析対象のサンプルを 'X' と仮定し、'X' の候補として想定しうる比較品種数を n 、分析に用いるマーカー数を k 、マーカー i で検出された 'X' の多型の頻度を f_i とする。任意の品種が、偶然に 'X' と完全一致する DNA 多型を示す確率を P_1 とすると、

$$P_1 = f_1 \cdot f_2 \cdot f_3 \cdot \dots \cdot f_k$$

n 個の比較品種中に 'X' と一致する品種が最低 1 つ出現する確率 (誤判定の確率) を P_n とすると、

$$P_n = 1 - (1 - P_1)^n$$

比較品種数 n が大きくなるほど P_n は 1 に近づき、誤判定の危険率は高くなる。現時点で品種登録または出願公表されているイチゴ品種は 218 であるため、本研究では $n=200$ とした。

b 結果

1) マーカーの独立性検定

本研究では、異なる染色体に座上するマーカーは遺伝的に独立であると定義した。したがって、葉緑体 DNA に由来する tRNA-BseGI は、問題なく他のマーカーと独立である。そこで他の 24 マーカーについて、全組み合わせで独立性検定を行った (Table 16)。ひとつのマーカー組み合わせについて、平均 2 個の交配集団で検定が可能であった。交配集団で検定不可能な組み合わせについては、125 品種を集団として検定を行った。その結果、No.14 と No.23 の組み合わせでは、検定した 3 集団全てで $P < 0.001$ となり、明らかに連鎖していた。一方、No.2 と No.5 の組み合わせでは、4 集団全てで $P > 0.05$ であり、独立と判断できた。No.2 と No.3, No.2 と No.16 のように、 $P < 0.05$ の集団が存在する一方で、他の集団では独立と判断できる P 値が得られている組み合わせも多かった。統計的には、たとえ独立であっても 5% の確率で $P < 0.05$ となるため、検定数が増加すると、このような歪みが生ずるのは妥当である。そこで、検定集団の全てで $P < 0.05$ である組み合わせ、またはひとつ以上の検定集団で $P < 0.001$ である組み合わせを、「独立でない可能性が高い」と判定した。その結果、No.7, No.8, No.10, No.19, No.20 は同一染色体上にあると推定でき、No.14, No.23, No.24 も同様に連鎖していると推定できた ($P < 0.001$)。No.14 と No.15 も連鎖を示したが、No.15 は No.23, No.24 とは完全に独立であった。No.15 と No.16, No.16 と No.17 はひとつの集団で $P < 0.001$ を示していたが、No.15 と No.17 は独立であった。これらの矛盾したマーカー組み合わせは、「独立でない可能性がある」と判定した。最終的に「独立でない可能性が高い」および「独立でない可能性がある」としたマーカー組み合わせを除き、16 の CAPS マーカーを選抜した (Table 17)。

2) 品種同定精度

独立な 16 マーカーにより検出される各多型の頻度を、125 品種の DNA 多型データ (Table 12) をもとに算出した (Table 17)。2006 年時点で登録または出願されていたイチゴ品種は 180 程度であり、これら 125 品種は、我々が入手でき、かつ異株混入の恐れのない最大限の数であった。このため、125 品種で国内のイチゴ品種を概ね反映していると仮定した。決定した多型頻度に基づき、比較品種中に偶然、主要な 5 品種と 16 マーカーの多型が一致する品種が出現する確率を計算し、Table 18

Table 16 *P*-values from goodness-of-fit tests of independence between two markers in strawberry genotyping.

Marker	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	23	24	25
Marker	APX-Mlu I	APX2-Dra I	APX3-Dra I(N)	APX4-Taq I(N)	CHL-Pvu II	F3H-Xco I(N)	F3H-Eam 104 I(N)	F3H2-Hpa II(N)	F3H2-Dde I(N)	F3H3-Acc I(N)	CTT1-Hinf I	MSR-Alu I	PGPA-Acc I(N)	PGPA-Rsa I(N)	PGPB-Rsa I	AUB-Hin 6 I(N)	OLP-Dde I	CTE2-Mbo I(N)	CTT2-Bst 1236 I(N)	CYT-Bsa B I(N)	PYDA-Cfr 13 I	PYDA-Hae III	PYDB-Hae III(N)
1	TT ^a	-	-	0.36	-	-	1.00	-	0.39	0.42	0.39	0.89	0.78	0.45	-	-	0.36	-	-	0.01	0.72	0.72	-
	125	0.64	0.00	-	0.02	0.46	0.05	-	0.59	-	-	-	-	-	0.05	0.02	-	0.95	0.56	-	-	-	-
2	SS	0.00	0.27	0.52	0.08	-	0.16	0.66	0.54	0.06	-	0.19	-	-	0.44	-	0.47	-	-	0.11	0.19	0.19	0.78
	NN	-	0.20	-	0.83	0.76	-	-	-	0.75	0.95	0.65	-	-	0.91	-	0.35	-	-	0.76	-	0.04	0.80
	CC	0.41	-	0.05	-	0.52	-	0.17	0.48	0.29	-	0.32	0.36	0.25	-	0.41	0.22	-	-	0.03	1.00	1.00	-
	ST	0.02	0.61	0.82	0.01	-	0.24	0.22	0.24	0.17	0.59	0.05	0.11	-	0.04	-	0.65	0.37	0.37	0.77	0.67	0.30	0.68
3	SS	0.91	0.81	0.32	-	0.73	-	0.29	0.75	0.27	-	0.36	-	-	0.38	-	0.47	-	-	0.08	0.03	0.03	0.55
	CC	-	0.21	-	-	0.73	-	0.29	0.75	0.27	-	0.90	1.00	0.24	-	0.27	0.29	-	-	0.47	0.46	0.46	-
	ST	0.99	0.23	0.05	-	0.47	0.54	0.47	0.03	0.56	0.75	0.47	-	-	0.03	-	0.09	0.23	0.23	0.75	0.95	0.69	0.15
4	SS	-	0.17	0.09	-	0.40	0.39	0.35	0.96	-	0.44	-	-	-	0.04	-	0.58	-	-	0.97	0.87	0.87	0.20
	TT	-	-	-	-	0.94	-	0.75	0.52	0.37	0.27	0.92	0.49	-	-	0.84	-	-	-	0.39	0.87	0.87	-
	ST	-	0.81	0.34	-	0.54	0.00	0.54	0.79	0.99	0.55	0.03	-	-	0.35	-	0.21	0.66	0.66	0.26	0.02	0.01	0.44
	125	-	-	-	-	0.14	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.20	-	-	-	-	-	-	-
5	SS	0.85	-	0.55	0.01	0.21	0.39	-	0.31	-	0.31	-	-	-	0.08	-	0.06	-	-	0.29	0.23	0.23	0.57
	NN	-	0.84	0.84	-	-	-	0.13	0.30	0.23	-	0.05	-	-	0.61	-	0.61	-	-	0.31	-	0.04	0.54
	CC	-	0.30	-	0.50	0.71	0.62	-	0.84	0.81	0.06	-	-	-	0.62	0.87	-	-	-	0.76	0.20	0.20	-
	ST	0.34	-	0.08	0.31	0.08	0.05	0.30	0.95	0.76	-	0.28	-	-	0.28	0.20	0.13	0.13	0.75	0.19	0.41	0.31	-
6	SS	-	0.40	0.94	0.62	0.90	-	0.53	-	0.53	-	-	-	-	0.22	-	0.27	-	-	0.01	0.12	0.12	0.61
	CC	-	0.53	1.00	0.53	0.10	0.32	0.71	0.06	0.35	-	0.35	-	-	0.35	-	0.09	0.68	0.68	0.78	0.03	0.02	0.10
	ST	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.07	-	-	-	-	-	-	-
	125	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	NN	0.02	-	-	-	0.74	0.56	0.38	-	0.91	-	-	-	-	0.91	-	0.26	-	-	1.00	-	0.72	0.09
	CC	-	0.08	0.00	0.18	-	0.80	0.56	0.11	-	-	-	-	-	0.05	0.82	-	-	-	1.00	0.27	0.27	-
	ST	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.16	0.00	-	-	-
	125	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8	SS	1.00	0.02	0.42	-	0.48	-	0.66	-	0.74	-	0.74	-	-	0.66	-	0.74	-	-	0.92	0.66	0.66	0.62
	TT	-	0.00	0.20	0.52	0.64	0.92	0.09	-	0.15	-	-	-	-	0.15	-	0.15	-	-	0.04	0.95	0.95	-
	NN	-	-	-	1.00	0.20	0.54	-	0.11	-	0.22	-	-	-	0.22	-	0.22	-	-	0.73	-	0.05	0.90
	ST	0.41	0.00	0.92	0.97	0.36	0.58	-	0.49	-	0.19	-	-	-	0.19	-	0.00	0.00	0.79	0.62	0.29	0.41	-
	125	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.71	-	-	-	-	-	-	-
9	SS	0.77	0.72	-	0.28	-	1.00	-	1.00	-	1.00	-	-	-	1.00	-	0.16	-	-	0.70	0.21	0.21	0.70
	CC	0.09	0.10	-	0.04	0.07	0.43	-	0.70	0.65	-	0.70	0.65	-	0.70	0.65	-	0.35	0.35	1.00	0.33	0.33	-
	ST	0.41	0.30	0.48	0.03	0.10	-	0.68	-	0.39	0.35	0.35	0.92	0.04	0.84	0.10	-	-	-	0.92	0.04	0.84	0.10
10	SS	0.37	-	0.75	-	0.88	-	0.88	-	0.17	-	-	-	-	0.84	0.25	0.25	0.46	-	0.84	0.25	0.25	0.46
	TT	0.72	0.60	0.94	0.93	0.55	-	0.51	-	0.51	-	-	-	-	0.36	0.26	0.26	-	-	0.36	0.26	0.26	-
	CC	0.80	-	0.62	0.73	0.71	-	0.57	0.91	-	-	-	-	-	0.29	0.52	0.52	-	-	0.29	0.52	0.52	-
	ST	0.92	0.97	0.36	0.58	-	0.49	-	0.19	0.00	0.00	0.79	0.62	0.29	0.41	-	-	-	-	0.79	0.62	0.29	0.41
11	SS	-	0.81	-	0.85	-	0.85	-	0.85	-	0.85	-	-	-	0.85	-	0.85	-	-	0.36	0.99	0.99	0.81
	TT	0.05	0.67	0.83	0.85	-	0.56	-	0.56	-	0.56	-	-	-	0.56	-	0.56	-	-	0.24	0.52	0.52	-
	CC	-	0.36	0.52	0.60	-	0.83	0.98	-	0.83	0.98	-	-	-	0.83	0.98	-	-	-	0.05	0.91	0.91	-
	ST	0.04	0.67	0.25	-	0.23	-	0.37	0.88	0.88	0.32	0.81	0.65	0.84	-	-	-	-	-	0.32	0.81	0.65	0.84
12	TT	0.77	0.12	0.13	-	0.01	-	0.89	0.88	0.88	-	-	-	-	0.89	0.88	0.88	-	-	0.89	0.88	0.88	-
	NN	0.35	0.24	-	0.82	-	0.28	-	0.68	-	0.68	-	0.28	-	0.68	-	0.68	-	-	0.68	-	0.28	0.25
	ST	0.87	0.95	-	0.44	-	0.07	0.98	0.98	0.17	0.12	0.27	0.80	-	-	-	-	-	-	0.17	0.12	0.27	0.80
13	SS	-	-	0.85	-	0.06	-	0.21	0.92	0.92	0.97	-	-	-	0.21	0.92	0.92	0.97	-	0.21	0.92	0.92	0.97
	TT	0.86	0.92	-	0.33	-	0.33	-	0.33	-	0.33	-	-	-	0.33	-	0.33	-	-	0.33	-	0.33	0.97
	NN	0.96	-	0.40	-	0.70	-	0.29	-	0.99	-	-	-	-	0.70	-	0.29	-	-	0.29	-	0.99	0.42
	CC	0.08	1.00	-	0.51	0.31	-	0.64	0.44	0.44	-	-	-	-	0.51	0.31	-	-	-	0.64	0.44	0.44	-
	ST	0.12	-	0.50	-	0.52	0.37	0.37	0.33	0.17	0.40	0.11	-	-	0.52	0.37	0.37	0.33	0.17	0.40	0.11	-	-
14	TT	0.00	-	0.11	-	0.28	0.00	0.00	-	-	-	-	-	-	0.28	0.00	0.00	-	-	0.00	0.00	-	-
	NN	-	0.29	0.65	-	0.04	-	0.04	-	0.00	0.97	-	-	-	0.29	0.65	-	-	-	0.04	-	0.00	0.97
	CC	0.04	-	0.08	0.73	-	0.34	0.00	0.00	-	-	-	-	-	0.08	0.73	-	-	-	0.34	0.00	0.00	-
	ST	-	0.58	-	0.25	0.33	0.33	0.96	0.00	0.51	0.21	-	-	-	0.58	-	0.25	0.33	0.33	0.96	0.00	0.51	0.21
15	TT	-	-	0.02	-	0.04	0.32	0.32	-	-	-	-	-	-	0.02	-	0.04	0.32	0.32	-	-	-	-
	CC	-	0.12	0.49	-	0.41	0.47	0.47	-	-	-	-	-	-	0.12	0.49	-	-	-	0.41	0.47	0.47	-
	ST	-	-	0.01	0.52	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.01	0.52	-	-	-	0.01	0.52	-	-
	125	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.28
16	SS	-	0.92	-	0.88	0.13	0.13	0.32	-	-	-	-	-	-	0.92	-	0.88	0.13	0.13	0.32	-	-	-
	NN	-	0.16	-	0.47	0.34	0.89	-	-	-	-	-	-	-	0.16	-	0.47	0.34	0.89	-	-	-	-
	ST	-	0.68	0.65	0.65																		

Table 17 The 16 independent markers and frequencies of the detectable genotypes.

	Marker	Frequency of each genotype ^{ab}					
		AA	BB	CC	AB	AC	BC
2	APX- <i>Mlu</i> I	0.08	0.28	0.04	0.30	0.08	0.22
3	APX2- <i>Dra</i> I	0.53	0.47				
4	APX3- <i>Dra</i> I(N)	0.67	0.30	0.03			
5	APX4- <i>Taq</i> I(N)	0.37	0.51	0.12			
6	CHI- <i>Pvu</i> II	0.58	0.34	0.08			
9	F3H2- <i>Hpa</i> II(N)	0.27	0.73				
10	F3H2- <i>Dde</i> I(N)	0.44	0.56				
11	F3H3- <i>Acc</i> I(N)	0.10	0.46	0.45			
12	CTI1- <i>Hinf</i> I	0.78	0.06	0.15			
13	MSR- <i>Alu</i> I	0.38	0.49	0.14			
16	PGPB- <i>Rsa</i> I	0.46	0.54				
18	OLP- <i>Dde</i> I	0.24	0.54	0.22			
21	CYT- <i>Bsa</i> B I(N)	0.09	0.42	0.49			
22	tRNA- <i>Bse</i> G I	0.67	0.33				
24	PYDA- <i>Hae</i> III	0.39	0.45	0.16			
25	PYDB- <i>Hae</i> III(N)	0.34	0.49	0.18			

^a Frequency was calculated on the basis of the genotypes of the 125 strawberry cultivars in Table 11.

^b For genotypes, refer to Table 3. At marker PGPB-*Rsa* I, genotype A (Table 3) is expressed as X in this chapter, and genotype B/H is expressed as A. At marker PYDA-*Hae* III, genotype AA/AB/BB (Table 3) is expressed as A in this chapter, genotype AC/BC as H, and genotype CC as B.

Table 18 Probabilities of accidental matching of strawberry genotypes.

Cultivar	Marker															P ₁ ^c	P ₂₀₀ ^c	
	2	3	4	5	6	9	10	11	12	13	16	18	21	22	24			25
Akihime	B ^b 0.28 ^b	X 0.47	A 0.67	A 0.37	H 0.34	X 0.73	X 0.56	H 0.46	B 0.15	A 0.38	X 0.54	B 0.22	H 0.42	A 0.67	H 0.45	A 0.34	6.2E-07	0.00012
Sagahonoka	BB 0.28	X 0.47	A 0.67	H 0.51	A 0.58	X 0.73	A 0.44	B 0.45	B 0.78	A 0.38	A 0.46	A 0.24	B 0.49	A 0.33	X 0.39	A 0.49	3.7E-06	0.00074
Sachinoka	BC 0.22	A 0.53	H 0.3	H 0.51	H 0.34	A 0.27	A 0.44	H 0.46	A 0.78	H 0.49	A 0.46	H 0.54	H 0.42	X 0.33	H 0.45	H 0.49	9.2E-07	0.00018
Tochiotome	AA 0.08	X 0.47	H 0.3	B 0.12	A 0.58	X 0.73	X 0.56	A 0.1	B 0.15	H 0.49	X 0.54	H 0.54	X 0.09	A 0.33	A 0.39	A 0.34	2.5E-09	5.0E-07
Fukuoka S6	AA 0.08	X 0.47	B 0.03	B 0.12	A 0.58	A 0.27	A 0.44	H 0.46	A 0.78	H 0.49	A 0.46	A 0.24	H 0.42	X 0.33	H 0.45	H 0.49	5.8E-09	1.2E-06

^a Upper row: genotype detected by each marker. For genotypes, refer to Table 3. In marker 16, however, genotype A (Table 3) is expressed as X in this chapter, and genotype B/H is expressed as A. In marker 24, genotype AA/AB/BB (Table 3) is expressed as A in this chapter, genotype AC/BC as H, and genotype CC as B.

^b Lower row: frequency of the genotype (abbr. $f_2, f_3, f_4, \dots, f_{25}$), as shown in Table 17.

^c $P_1 = f_2 \cdot f_3 \cdot f_4 \cdot \dots \cdot f_{25}$, $P_{200} = 1 - (1 - P_1)^{200}$

に示した。その結果、‘さちのか’と同一の多型が不特定の200品種中に偶然現れる確率は0.018%であった ($P_{200} = 0.00018$)。言い換えると、未知のサンプル‘X’の多型が‘さちのか’と一致し、‘X’として想定できる候補品種数が200であった場合、‘X’は99.982%の精度で‘さちのか’であると言える。調査した全125品種のうち、99品種は99.9%以上、12品種は99.8%以上、4品種は99.7%以上、2品種は99.5%の精度でそれぞれ同定可能であった。8品種は突然変異・薬培養品種もしくは

その親品種であったため、同定不可能であった。

c 考察

ヒトにおけるDNA鑑定では、鑑定に利用するDNAマーカーについて、以下に述べる2つの「独立性」が統計的に証明されていなければならない。ひとつは、対立遺伝子座がハーディ・ワインバーク (HW) 平衡にあること、もうひとつは、利用するマーカー座が連鎖関係がないことである。集団が十分に大きく、任意交配が成立

している場合にはHW平衡が成立するはずである。ところが実際は、集団内にいくつかの下位集団が存在し、互いの交流が少ない場合は全体として任意交配が成立せず、結果としてホモ接合頻度が上昇することが知られている。欧米では下位集団の問題は重要視されており、現在も議論となっている（青木，2002）。厳密な遺伝学的条件を適用すれば「独立」とは言えないマーカーが多すぎるため、集団遺伝学者は計算の便宜上、異なる染色体上にある座は「独立」とであると仮定する場合もある（Risch et al., 1992）。

一方、イチゴ品種集団は選抜育種で成り立っており、任意交配が前提のHW平衡はまず成立しないと言ってよい。そこでヒトの例にならって、マーカーが統計的に異なる染色体上にあれば、「独立」とみなすことにした。異なる染色体に座上するか否かを検定するには、後代検定による連鎖解析を行うのが最適であると考え、主に5つの自殖・交配集団を利用して検定を行った。

本節では、独立な16マーカーを利用すれば、約99.9%の精度で国内の117品種を同定することが可能であると見積もられた。今後さらに新品種が育成され、比較品種数の増加が想定されるが、本技術は当分適用可能である。例えば比較品種数が1000まで増加しても、「さちのか」の同定精度は単純計算で99.91%を維持できる。ただし、多型頻度は新品種が育成される度に変化するため、より正確な同定精度を算出するためには、マーカーの多型頻度を更新していく必要がある。本技術を海外で利用する際には、言うまでもなく、多型頻度の算出母体品種を見直す必要がある。

DNA品種識別技術は、育成者権侵害や偽装表示の摘発が主な利用目的であり、係争の資料となることが予想される。その際に品種同定の「確かさ」を数値で提示することが求められることも十分に考えられる。本節で明らかにした各マーカーの独立性と多型頻度は、本識別技術の有用な付帯情報となるであろう。

5 （事例）韓国産イチゴの品種識別

国内ではイチゴは、11月から6月にかけて市場に流通する。年間流通量は約20万tであり、端境期に当たる夏季には約4000tの輸入イチゴが製菓用に流通する。従来、冬季の需要は国産のイチゴでほぼ賄われていたが、1999年度を境に、年間200tあまりであった韓国からの輸入量が激増し、2001年度には1500tにまで達した。これらの輸入イチゴは量販店でも頻繁に目にできるようになったため、品種育成関係者らの目にも触れ、果実の

形態等から「さちのか」や「とちおとめ」ではないかとの疑惑が生じた。

韓国における栽培イチゴの品種構成については、公的統計資料を見出すことはできなかったが、中清南道農業振興院論山イチゴ試験場による2003年の推計によると、「レッドパール」60%、「章姫」30%、その他10%（「とちおとめ」、「さちのか」、「莓香」等）となっており、韓国育成品種「莓香」を除く大部分が日本品種であると想定されている（小林，2003）。本研究で識別可能となった117品種はこれらの品種を全てカバーしている。

そこで2001年度、2002年度の二年間にわたり、全国に分布する旧農業技術研究機構拠点の協力を得て、店頭で販売されている輸入イチゴをサンプリングし、開発途上であったDNA品種識別技術を用いて分析を行った。本節では2002年度（2003年初春）の分析についてまとめた。

a 材料および方法

1) 分析材料

供試材料は、近畿地方県内のスーパー2店舗で販売されていた韓国産表記の5パック計71果実である（Table 19）。2番パックは4個入りで、スーパーで小売り用に詰め直されたものと推定されるが、その他のパックはいずれも15個から20個入りであった。商品に貼付けられたバーコードの国番号は「880」であり、これは韓国の国番号と一致していた（Fig. 14）。品種名についてはいずれもパック自体に記載はなかったが、3パックは売り場の表示で「女峰」と記されていた。これらの果実のがく片をDNA抽出材料とし、第Ⅱ章第2節と同様の方法で抽出を行った。

2) CAPS マーカーによる品種分析

分析にはTable 2で挙げた改変前のCAPSマーカーのうち、9つを用いた（用いた9マーカーはTable 20に記載）。第Ⅱ章第2節と同様の方法により、全サンプルについて多型タイプを決定し、すでに確定している125品種の多型タイプと比較して一致する品種を検索した。

b 結果

Table 20に5番パックの分析結果を例として示した。これは15個の果実を9マーカーで分析し、得られた多型タイプを表にしたものである。その結果、tRNA-Bse G Iマーカー分析の泳動写真（Fig. 15）からも判断で

Table 19 Information on strawberry samples transported from Korea, and results of DNA analyses.

Package	Number of fruits	Buy date	Store	Labelled cultivar	Result of analyses	
					Sachinoka	Redpearl
1	20	2003. 1. 18	a	-	1	19
2	4	2003. 1. 18	a	Nyoho	0	4
3	15	2003. 1. 20	a	Nyoho	2	13
4	17	2003. 1. 20	a	Nyoho	11	6
5	15	2003. 1. 20	b	-	13	2
Total	71				27	44

a, b: Different two stores.

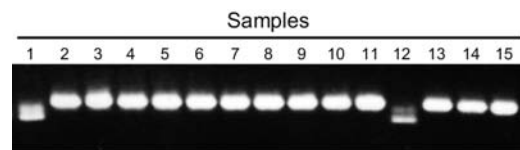
Table 20 Results of DNA analyses of strawberry pack No.5 using nine markers.

Sample No.	Markers									Cultivar having identical genotype to detected one
	APX- <i>Mlu</i> I ^a	CHI- <i>Pvu</i> II ^b	F3H- <i>Nco</i> I ^c	F3H- <i>Hpa</i> II ^b	F3H- <i>Acc</i> I ^c	APX2- <i>Dra</i> I ^a	APX2- <i>Taq</i> I ^d	OLP- <i>Dde</i> I ^c	tRNA- <i>BseG</i> I ^a	
1	B	X	X	A	C	X	X	A	A	Redpearl
2	B	A	X	A	C	A	A	H	X	Sachinoka
3	B	A	X	A	C	A	A	H	X	Sachinoka
4	B	A	X	A	C	A	A	H	X	Sachinoka
6	B	A	X	A	C	A	A	H	X	Sachinoka
7	B	A	X	A	C	A	A	H	X	Sachinoka
8	B	A	X	A	C	A	A	H	X	Sachinoka
9	B	A	X	A	C	A	A	H	X	Sachinoka
10	B	A	X	A	C	A	A	H	X	Sachinoka
11	B	A	X	A	C	A	A	H	X	Sachinoka
12	B	X	X	A	C	X	X	A	A	Redpearl
13	B	A	X	A	C	A	A	H	X	Sachinoka
14	B	A	X	A	C	A	A	H	X	Sachinoka
15	B	A	X	A	C	A	A	H	X	Sachinoka

^a For genotypes of APX2-*Dra* I, OLP-*Dde* I and tRNA-*BseG* I, refer to Table 3.^b For genotypes of APX-*Mlu* I, CHI-*Pvu* II, F3H-*Nco* I and F3H-*Hpa* II, refer to lanes 5 and 7 in Figure 2.^c F3H-*Acc* I: Genotype 'C' is heterozygous, with 620-, 455-, 320- and 300-bp bands.^d APX2-*Taq* I: Genotype 'A' is heterozygous, with 505- and 391-bp bands, and 'X' is homozygous, with a 505-bp band.

Fig. 14 Example of strawberry pack investigated (No. 5). This one was imported from South Korea.

きるように、このパックには2タイプの多型パターンを示す個体が混在していた。検出された多型タイプについて、候補となる125品種の中からそれぞれに一致する品

Fig. 15 Mixed genotypes detected in strawberries in pack No. 5 by tRNA-*BseG* I marker.

種を検索した結果、果実番号1, 12に該当する品種は‘レッドパール’, 残りの13果実が一致する品種は‘さちのか’のみであった。このパックの分析結果を含めて、全体の結果をTable 19に示す。本調査では解析した全ての果実が‘さちのか’または‘レッドパール’のいずれかの多型タイプと一致していた。また、2番パック以外の全てのパックにおいて、これら2種の果実が混在していた。

c 考察

本分析では、供試した38%の果実が‘さちのか’、62%が‘レッドパール’の多型タイプと一致した。韓国のイチゴ生産は大部分が日本品種に依存しており、特にレッドパールは6割を占める主要品種であること、また品種検索の際に対照とした125品種は主要な日本の流通品種だけでなく、最近韓国で育成された‘莓香’や‘早紅’も含んでいることを踏まえて、我々はこれらが‘さちのか’および‘レッドパール’であると判定した。本試験を実施した時点で品種同定理論に基づく同定精度算出は行っていない。

購入日（おそらく入荷日も）や購入店舗が異なっていたにもかかわらず、供試したイチゴは‘さちのか’と‘レッドパール’のみで構成されており、ほとんどのパックに2品種の混合が認められた。‘さちのか’の混合比率は5-87%と幅があるが、これは生産あるいはパック詰め作業の段階で混合されたものと考えられる。韓国産輸入イチゴから‘さちのか’が検出されたことから、育成者の許諾なく品種苗が国外へ持ち出された疑いが強まった。2003年当時、韓国ではイチゴは品種保護制度の対象となっていなかったため、種苗を持ち出す際、あるいはその収穫物を国内へ輸入する際には、育成者の許諾を得ることが義務づけられていた。したがって今回の事例は種苗法に違反する可能性が極めて高い。

本分析結果は輸入果実における種苗法違反の可能性を指摘しただけでなく、店頭における品種表示の不正も示唆した。2番、3番および4番パックは店頭で‘女峰’と表示され販売されていたにもかかわらず、実際には‘女峰’は一果実も含まれていなかった。この品種表示が生産者、輸出入関係者、販売店のいずれでなされたのかは不明であるが、品種の情報も重要な品質構成要素であることを考えると、種苗法違反に劣らず大きな問題である。

本分析は2002年度に行ったものであるが、2001年度にも同様の分析を行っており、輸入イチゴから‘とちおとめ’と‘さちのか’を検出している。韓国での栽培面積の広さにもかかわらず‘章姫’が全く検出されなかったのは、果実硬度が低いため、おそらく栽培時点から輸出向け品種として意図的に除外されていたためと考えられる。2001年度に開始した本分析の結果に基づいて、‘さちのか’育成者権者である野菜茶業研究所は違法果実を販売していた量販店に逐次警告を行い、再犯防止の念書を受領した。これらの対処が、種苗法と関税定率法の法律面の整備、‘レッドパール’育成者である西田朝

美氏の提訴と連動した結果、2001年度に1500tのピークに達した韓国産イチゴの輸入量は、2002年度には半減し、2003年度以降は200t前後で安定して現在に至っている。

IV 総合考察

1 栽培イチゴにおけるゲノム特異的DNAマーカーの開発

本研究では *F. × ananassa* でのゲノム特異的マーカーの作出に初めて成功し、これらの遺伝様式が disomic 遺伝に最も適合することを示した。disomic 遺伝するDNAマーカーの意図的な作出は *Fragaria* 属で初めてであり、Foltaら(2006)は総説で、将来のイチゴゲノム研究に有用なマーカーとして、SSRと並んでこのゲノム特異的マーカーを紹介している。また、これらのマーカーを利用して、八倍体種のゲノム構成や、ゲノムドナーとなる祖先野生種に言及した。

今後、ゲノム構成の完全解明や更なる祖先種の探索を行う上で、より多くの座におけるゲノム特異的配列の特定、およびマーカー化は有用であろう。その際、同一の同祖遺伝子群から各構成ゲノムに特異的な同祖性マーカー（それぞれA, A', B, B'ゲノムに特異的）を作出すること、および開発マーカーの遺伝特性が明確になるよう、複対立遺伝子を検出できるような設計にすることが望ましい。*F. × ananassa* の遺伝様式や祖先種の決定は、ゲノム研究分野と育種研究分野にとって長年の懸案であり、今後の展開が期待される。

また、ゲノム特異的マーカーは現時点で唯一、ホモ接合体とヘテロ接合体を区別できるマーカーであり、既に育種研究者らによって、種苗の親子鑑定（森ら、2007）、種子形成における自殖率の推定、自殖による遺伝的固定度の確認、野生種との種間交配における雑種性や遺伝様式の推定（野口ら、2008；柳ら、2008）等に利用されている。

F. × ananassa は $2n=8x=56$ の染色体構造を持ち、ヘテロ接合体であるため、作成される連鎖地図は理論上56に収束し、完全複二倍体と仮定すると28組のペアを形成すると予想される。これら28組は、1~7の同祖染色体別に分類でき、かつA, A', B, B'の4種の由来ゲノム別にも分類できるはずである。コムギの例に倣えば、1A染色体から7B'染色体までに整理できることになる（Fig. 16）。本研究が提示した手法により、同一の同祖遺伝子群に由来する同祖性ゲノム特異的マーカーを開発

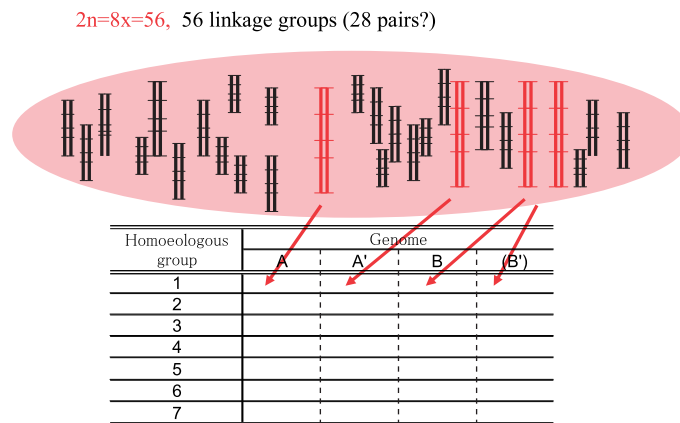


Fig. 16 Concept of identification of linkage groups in polyploid strawberry.

して利用すれば、連鎖群を1~7の同祖群に分類でき、更に、各マーカーが検出するゲノムの祖先種（近縁種）を配列等から特定できれば、ゲノム由来別に整理することも可能となろう。コムギのように全染色体が特定された連鎖地図が完成すれば、遺伝解析を行う上でも、異数体育種を行う上でも、大きなメリットとなる。

近年、ようやく、*F. × ananassa*においても基本染色体数 ($n=4x=28$) に収束しつつある連鎖地図が発表され (Rousseau-Guetin et al., 2008), 今後のイチゴゲノム研究の加速化が期待される。この研究では、同一プライマーペアから生じたSSRマーカーを同一の同祖染色体由来と仮定して連鎖群を分類すると、7グループに分けられたことも報告された。しかし、この方法は、同一同祖染色体群に属する4連鎖群の個別標識ができず、また、優性マーカーの使用が基本であるため、交配親が変わると、連鎖地図の比較や、各染色体の後代への遺伝様式の観察は困難となることが予想される。そのため、各連鎖群の標識が可能なゲノム特異的マーカーの開発が望まれる。

ゲノム特異的マーカーは作出に労力を要するため、通常の連鎖地図作成や連鎖マーカー開発には適していない。しかし、共優性という性質から、要所で利用するキーマーカーとしての価値は高い。今後一層のゲノム特異的マーカーの開発が望まれるが、CAPS法に基づくマーカー開発は手間がかかり現実的ではない。CAPSは品種識別のように、汎用性、経済性、簡易性を目的とした技術開発には最適であるが、今後のゲノム研究にはSSRを利用するのが得策であろう。本研究を開始した2001年にはイチゴでSSRの報告はなく、2004年時点でも58個の遺伝子配列情報が公開されているのみであったため、他に選択の余地はなかったが、2008年現在、EST情報

を利用したSSRマーカーの開発が進み (Bassil et al., 2006), *Fragaria* 属で一万弱、*F. × ananassa*でも約700のSSR情報が公開され、利用可能となっている。従来法 (CAPS) では、開発ターゲットとした同祖遺伝子群に品種間多型があるとは限らず、多型があったとしても制限酵素認識部位でなければならないという厳しい条件があった。したがってマーカーの開発効率は非常に低く、34の同祖遺伝子群を解析して25のマーカーしか作出できなかった。当然ながら、ひとつの同祖遺伝子群から複数のマーカーが作れることは稀であった。しかしSSRでは高確率で品種間多型が存在し、かつその多型はほぼ確実に検出できるため、マーカー作出効率は格段に上昇することが期待できる。1種の同祖SSR群から、A, A', B (B') ゲノムのそれぞれに対応するマーカーを作出できれば、単純にマーカー数を倍増できるだけでなく、前述したようにゲノム構成の解明、ゲノム祖先種の推定、連鎖地図の整理・統合を行っていく上で非常に有用なツールとなる。

倍数性植物は自然界では決して珍しくない。栽培植物においても、人為的操作や選抜により多くの倍数体が存在している。種間交雑や染色体倍加により生じた倍数体植物は、しばしば非常に複雑なゲノム構成をとり、遺伝学者を悩ませている。研究最先端のコムギでは染色体が全て同定されており、異数体の解析、種間交雑、その他多くの研究が確固たる理論に基づいて計画されており、研究勢力、研究材料、研究資金も充実している。その反面、他の倍数性植物研究は恵まれているとは言いがたく、二倍体作物と比較しても、特にゲノム研究面で遅れを取っていると云わざるを得ない。本研究で提示したゲノム特異的マーカー開発法が、倍数性植物研究で新たな知見を得る一助となることを期待する。

2 DNA マーカーを利用したイチゴの品種識別技術の開発

本研究で開発したイチゴの品種識別技術は、再現性が高く（感度・特異性 95%以上）操作も簡易であるため、既に種苗管理センター、関税中央分析所、地方税関、民間の食品分析センターに特許許諾や講習による技術移転をおこなっている。また 10 以上の県の農業試験場に技術移転を行っており、熊本県の‘ひのしずく’、鹿児島県の‘さつまおとめ’、茨城県の‘ひたち姫’等、各県で育成した品種の権利保護に利用されている（長井ら、2004；野田ら、2005；氏家ら、2007）。

農林水産省生産局種苗課では、将来、品種登録の際に DNA データを同時に登録するシステムを検討しているが、種苗管理センターでは既に、このシステムの導入に向けて、本識別技術を用いたイチゴ遺伝資源の DNA タイピングを開始している。一方、イチゴのみならず、他作物の DNA 品種識別法についても再現性確認を行う必要性が提起されており、現在種苗管理センターを中心に SSR マーカーの妥当性試験が進められ、試験設計に関して、本研究が唯一の前例として参考にされている。

これまで韓国は、UPOV 条約による育成者権保護対象作物に、イチゴを含めていなかった。したがって、韓国における日本品種の収穫物には権利は及ばず、輸入される果実についてのみ関税定率法で取り締まっていた。しかし 2009 年以降は、韓国もイチゴを育成者権保護対象とし、海外品種の栽培に許諾料を支払うこととなった。今後は国内だけでなく海外でも、品種の DNA 分析が求められると予想される。再現性が保証され、同定精度の算出が可能な本法の活用面はさらに広がる可能性がある。

関税定率法は、輸入される農産物加工品の原材料にまで、育成者権の及ぶ範囲を広げている。しかし本研究で開発した技術は、PCR 増幅のターゲットとなる DNA 領域のサイズが大きく、加熱・加工により DNA が断片化したイチゴには適用できない。現在、加工品へ適用可能な短鎖長のゲノム特異的マーカーの開発が進められている。

摘 要

栽培イチゴにおけるゲノム特異的 DNA マーカーの開発

栽培イチゴは高次倍数体（八倍体）で、ゲノム構成も未だ解明されておらず、マーカー解析や遺伝解析、またこれに基づく効率的育種の実施が困難である。そのため、栽培イチゴでは他作物に比べこれらの研究が大きく遅れ

を取っている。

そこで著者は、複数ゲノムの複合体であるとされる八倍体イチゴゲノムのうち、単一ゲノムのみを特異的に検出するゲノム特異的（DNA）マーカーの作出を試み、ゲノム構成解明の一助となることを目的に本研究を実施した。

第 II 章第 2 節では従来法に従って共優性マーカーである CAPS マーカーを開発したが、倍数体においてこれらはゲノム非特異的であり、実質的には優性マーカーと同等であることが明らかになった。第 3 節では、開発したゲノム非特異的マーカーをゲノム特異的マーカーに改変するため、同祖遺伝子群のクラスター分析を利用してプライマーの再設計を行った。その結果、二倍体ゲノムに特異的と推測されるマーカーが得られた。第 4 節では、自殖・交配系統を用いて、これらのマーカーの遺伝様式を解析し、大部分のマーカーが disomic 遺伝することから、推測どおり二倍体ゲノム特異的マーカーであることを確認した。また、polysomic 遺伝を示唆する遺伝様式が全く見られなかったことから、八倍体イチゴゲノムは AAA'A'BBB'B'（完全複二倍体）に近い構成をとっていると推測された。

第 5 節では、*Fragaria* 属野生種におけるゲノム特異的マーカーの増幅の有無を調査することにより、栽培イチゴを構成する個々のゲノムが由来する祖先種の探索を試みた。その結果、*F. vesca* が最低一組のゲノム祖先種であるという従来の知見と一致したが、その他の祖先種は供試種には見られなかった。

DNA マーカーを利用したイチゴの品種識別技術の開発

2001 年頃、栄養繁殖性であるイチゴが無断増殖され、品種育成者の許可を得ずに栽培、流通されているという事態が懸念され始めた。特に海外から輸入されたイチゴの中に、公的機関育成の‘さちのか’や‘とちおとめ’が混入している疑いが強く、事実であれば国内のイチゴ生産者にとって著しい不利益となる。このため、「育成者権侵害」を立証できる DNA 品種識別法の開発が強く望まれていた。

そこで著者らは、第 II 章で開発した 25 の DNA マーカーを利用して品種識別技術の確立を試みた。第 III 章第 2 節では、これらのマーカーを用いることで、突然変異系統を除く 117 品種が識別可能であることを明らかにした。

品種検出技術の再現性を保証するには、適正な試験に

に基づいて、感度・特異性を明示する必要がある。第3節では、AOAC Internationalの指定する定性分析法の妥当性確認試験基準を参考に、研究室間共同試験を実施し、ほぼ全てのマーカーで感度・特異性共に95%以上という良好な再現性を確認した。再現性の保証された品種識別技術は農作物では初めてである。

またDNA品種識別には、常に、偶然に、全てのDNA多型が一致する他品種が存在する可能性、つまり誤判定の危険性を考慮しなければならない。そこで第4節では、品種同定理論(鶴飼, 2004)に基づき、相互独立なマーカーを選出した上で、解析した全品種(125品種)の多型データから各マーカーの多型頻度を算出し、危険率を明示した。この結果、16マーカーを用いることで約99.9%の確率で品種判定が可能であることを示した。

最後に第5節において、2003年春に量販店より購入された韓国産‘女峰’イチゴについて本識別技術での分析を試みたところ、‘さちのか’と‘レッドパール’の混合であることが立証された。

引用文献

- 1) Albani, M.C., N.H. Battey and M.J. Wilkinson (2004): The development of ISSR-derived SCAR markers around the seasonal flowering locus (SFL) in *Fragaria vesca*. *Theor. Appl. Genet.*, **109**, 571-579.
- 2) AOAC Int. (2002): Appendix D- Guidelines for collaborative study procedures to validate characteristics of a method of analyses. *Official Methods of Analysis of AOAC Int.*, 17 ed. volume II, Gaithersburg, MD, USA.
- 3) 青木康博 (2002): DNA鑑定による法医学的個人識別の確率・統計学的背景. 岩手医学雑誌, **54**, 81-94.
- 4) Arnau, G., J. Lallemand and M. Bourgoin (2003): Fast and reliable strawberry cultivar identification using inter simple sequence repeat (ISSR) amplification. *Euphytica*, **129**, 69-79.
- 5) Arulsekar, S., R.S. Bringhurst and V. Voth (1981): Inheritance of PGI and LAP isozymes in octoploid cultivated strawberries. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.*, **106**, 679-683.
- 6) Asao, H., Y. Nishizawa, S. Arai, T. Sato, M. Hirai, K. Yoshida, A. Shinmyo and T. Hibi (1997): Enhanced resistance against a fungal pathogen *Sphaerotheca fumuli* in transgenic strawberry expressing a rice chitinase gene. *Plant Biotechnol.*, **14**, 145-149.
- 7) Ashley, M.V., J.A. Wilk, S.M.N. Styan, K.J. Craft, K.L. Jones, K.A. Feldheim, K.S. Lewers and T.L. Ashman (2003): High variability and disomic segregation of microsatellites in the octoploid *Fragaria virginiana* Mill. (Rosaceae). *Theor. Appl. Genet.*, **107**, 1201-1207.
- 8) Avraham, A.L. and F. Moshe (2002): The impact of polyploidy on grass genome evolution. *Amer. Soci. Plant Biol.*, **130**, 1587-1593.
- 9) Bassil, N.V., M. Gunn, K. Folta and K. Lewers (2006): Microsatellite markers for *Fragaria* from 'Strawberry Festival' expressed sequence tags. *Mol. Ecol. Notes*, **6**, 473-476.
- 10) Bringhurst, R.S. (1990): Cytogenetics and evolution in American *Fragaria*. *Hort. Sci.*, **25**, 879-881.
- 11) Bryan, G.J., P. Stephenson, A. Collins, J. Kirby, J.B. Smith and M.D. Gale (1999): Low levels of DNA sequence variation among adopted genotypes of hexaploid wheat. *Theor. Appl. Genet.*, **99**, 192-198.
- 12) Byrne, D. and G. Jelenkovic (1976): Cytological diploidization in cultivated octoploid strawberry *Fragaria × ananassa*. *Can. J. Genet. Cytol.*, **18**, 653-659.
- 13) Cochran, W.G. (1954): Some methods for strengthening the common χ^2 test. *Biometrics*, **110**, 417-451.
- 14) Congiu, L., M. Chicca, R. Cella, R. Rossi and G. Bernacchia (2000): The use of random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers to identify strawberry varieties: a forensic application. *Mol. Ecol.*, **9**, 229-232.
- 15) Da Silva, J.A.G., M.E. Sorrells, W.L. Burnquist and S.D. Tanksley (1993): RFLP linkage map and genome analysis of *Saccharum spontaneum*. *Genome*, **36**, 782-791.
- 16) Da Silva, J.A.G. and Sobral B.W.S. (1996): Genetics of polyploids. *The Impact of Plant Molecular Genetics*, pp3-38. Birkhauser, Boston.
- 17) Davis, T.M., L.M. DiMeglio, R. Yang, S.M.N. Styan and K.S. Lewers (2006): Assessment of SSR marker transfer from the cultivated strawberry to diploid strawberry species: functionality, linkage group assignment and use in diversity analysis. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.*, **131**, 506-512.
- 18) Degani, C., L.J. Rowland, A. Levi, J.A. Hortynski and G.J. Galletta (1998): DNA fingerprinting of strawberry (*Fragaria × ananassa*) cultivars using randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *Euphytica*, **102**, 247-253.
- 19) Degani, C., L.J. Rowland, J.A. Saunders, S.C. Hokanson, E.L. Ogden, A. Golan-Goldhirsh and G.J. Galletta (2001): A comparison of genetic relationship measures in strawberry (*Fragaria × ananassa* Duch.) based on AFLPs, RAPDs, and pedigree data. *Euphytica*, **117**, 1-12.
- 20) Fedorova, N. (1946): Crossability and phylogenetic relations in the main European species of *Fragaria*. *Comp. Rend. Acad. Sci. USSR*, **53**, 545-547.
- 21) Feldsine, P.T., A.H. Lienau, R.L. Forgey and R.D. Calhoun (1997): Visual immunoprecipitate assay (VIP) for *Listeria monocytogenes* and related *Listeria* species detection in selected foods: collaborative study. *J. AOAC Int.*, **80**, 791-805.
- 22) Feldsine, P.T., A.H. Lienau, S.C. Leung, L.A. Mui, F. Humbert, M. Bohnert, K. Mooijman, S. Schulten, P.I. Veld, P. Rollier, R. Leuschner and K. Capps (2003): Detection of *Salmonella* in fresh cheese, poultry products, and dried egg products by the ISO 6579 *Salmonella* culture procedure and the AOAC official method: collaborative study. *J. AOAC Int.*, **86**, 275-295.
- 23) Folta, K.M. and T.M. Davis (2006): Strawberry genes and genomics. *Crit. Rev. Plant Sci.*, **25**, 399-415.
- 24) Gil-Ariza, D.J., I. Amaya, M.A. Botella, J.M. Blanco,

- J.L. Caballero, J.M. Lopez-Aranda, V. Valpuesta and J.F. Sanchez-Sevilla (2006): EST-derived polymorphic microsatellites from cultivated strawberry (*Fragaria × ananassa*) are useful for diversity studies and varietal identification among *Fragaria* species. *Mol. Ecol. Notes*, **6**, 1195-1197.
- 25) Guyomarc'h, H., P. Sourdille, K.J. Edwards and M. Bernard (2002): Studies of the transferability of microsatellites derived from *Triticum tauschii* to hexaploid wheat and to diploid related species using amplification, hybridization and sequence comparisons. *Theor. Appl. Genet.*, **105**, 736-744.
- 26) Hadnou, A.M., D.J. Sargent, F. Wilson, C.M. James and D.W. Simpson (2004): Development of microsatellite markers in *Fragaria*, their use in genetic diversity analysis, and their potential for genetic linkage mapping. *Genome*, **47**, 429-438.
- 27) Hallden, C., M. Hansen, N.O. Nilsson, A. Hjerdin and T. Sall (1996): Competition as a source of errors in RAPD analysis. *Theor. Appl. Genet.*, **93**, 1185-1192.
- 28) Harrison, R.E., J.J. Luby and G.R. Furnier (1997): Chloroplast DNA restriction fragment variation among strawberry (*Fragaria* spp.) taxa. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.*, **122**, 63-68.
- 29) Hattori, K. (1991): Inheritance of carotenoid pigmentation in flower color of *Chrysanthemum*. *Jpn. J. Breed.*, **41**, 1-9.
- 30) Haymes, K.M., B. Henken, T.M. Davis and W.E. Weg (1997): Identification of RAPD markers linked to a *Phytophthora fragariae* resistance gene (*Rpfl*) in the cultivated strawberry. *Theor. Appl. Genet.*, **94**, 1097-1101.
- 31) Ibrahim, A.M.F., K. Sadanaga and E.L. Denisen (1981): Chromosomal behavior in octoploid strawberry progenies and their parental clones during meiosis. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.*, **106**, 522-526.
- 32) Ichijima, K. (1926): Cytological and genetic studies on *Fragaria*. *Genetics*, **11**, 590-604.
- 33) ISO (2003): Microbiology of food and animal feeding stuffs --Protocol for the validation of alternative methods. ISO 16140: 2003.
- 34) IUPAC (1988): Protocol for the Design, Conduct and Interpretation of Collaborative Studies. *Pure & Appl. Chem.*, **60** (6), 855-864.
- 35) Jimenez-Bermudez, S., J. Redondo-Nevado, J. Munoz-Blanco, J.L. Caballero., J.M. Lopez-Aranda, V. Valpuesta, F. Pliego-Alfaro, M.A. Quesada and J.A. Mercado (2002): Manipulation of strawberry fruit softening by antisense expression of a pectate lyase gene. *Plant Physiol.*, **128**, 751-759.
- 36) Kaundun, S.S. and S. Matsumoto (2003): Development of CAPS markers based on three key genes of the phenylpropanoid pathway in tea, *Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze, and differentiation between assamica and sinensis varieties. *Theor. Appl. Genet.*, **106**, 375-83.
- 37) Kim, I.J., B.H. Lee, J. Jo and W.I. Chung (2001): Sequence variability of nine cytosolic ascorbate peroxidases in polyploid strawberry. *DNA Sequence*, **11**, 475-484.
- 38) 小林彰一 (2003) : 韓国のイチゴ産業の現状と未来. 日本イチゴセミナー紀要, No.11, 33.
- 39) Kunihisa, M., N. Fukino and S. Matsumoto (2005): CAPS markers improved by cluster-specific amplification for identification of octoploid strawberry (*Fragaria × ananassa* Duch.) cultivars, and their disomic inheritance. *Theor. Appl. Genet.*, **110**, 1410-1418.
- 40) Lerceteau-Köhler, E., G. Guerin, F. Laigret and B. Denoyes-Rothan (2003): Characterization of mixed disomic and polysomic inheritance in the octoploid strawberry (*Fragaria × ananassa*) using AFLP mapping. *Theor. Appl. Genet.*, **107**, 619-628.
- 41) Lewers, K.S., S.M.N. Styán and S.C. Hokanson (2005): Strawberry GenBank-derived and genomic simple sequence repeat (SSR) markers and their utility with strawberry, blackberry, and red and black raspberry. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.*, **130**, 102-115.
- 42) Longley, A.E. (1926): Chromosomes and their significance in strawberry classification. *J. Agr. Res.*, **15**, 559-568.
- 43) MacKey, J. (1970): Significance of mating systems for chromosomes and gametes in polyploids. *Hereditas*, **66**, 165-176.
- 44) MacKey, J. (1987): Implication of polyploidy breeding. *Biol. Zent. bl.*, **106**, 257-266.
- 45) Martinez-Zapater, J.M. and J.L. Oliver (1984) Genetic analysis of isozyme loci in tetraploid potatoes (*Solanum Tuberosum* L.) . *Genetics*, **108**, 669-679.
- 46) McClure, F.D. (1990): Design and analysis of qualitative collaborative studies: minimum collaborative program. *J. AOAC Int.*, **73**, 953-960.
- 47) Mochizuki, T., K. Sone and Y. Noguchi (2002): Proceeding quality of decaploid strawberry lines derived from *Fragaria × ananassa* and diploid wild species. *Acta Hort.*, **567**, 239-242.
- 48) Mok, D.W.S. and W.D. Evans (1971): Chromosome associations at diakinesis in the cultivated strawberry. *Can. J. Genet. Cytol.*, **13**, 231-236.
- 49) 門馬信二, 興津伸二, 高田勝也 (1990) : イチゴの四季成り性の遺伝. 野菜茶試研報, C1, 21-29.
- 50) 森下昌三, 山川理, 望月龍也 (1996) : イチゴの種間雑種に関する研究. 野菜茶試研報 A (野菜・花き), **11**, 69-95.
- 51) 森利樹, 國久美由紀, 山本有子, 松元哲 (2007) : イチゴの品種識別用 DNA マーカーを活用した品種検索と親子関係判定プログラム. 園学雑, **6** (別 1), 126.
- 52) 長井純一, 大江正和, 國久美由紀, 松元哲 (2004) : CAPS マーカーを用いたイチゴ 'さつまおとめ' の品種識別. 九州農業研究, **66**, 215.
- 53) 野田孝博, 飯牟礼和彦, 國久美由紀, 松元哲 (2005) : CAPS マーカーを用いたイチゴ '熊研い 548' の品種識別. 九州農業研究, **67**, 156.
- 54) 野口裕司, 松元哲, 上田浩史, 室崇人, 森下昌三 (2008) : 倍加半数体法を応用したイチゴの育種素材開発—ゲノム特異的マーカーを用いた栽培種ゲノムと *F. nilgerrensis* ゲノム間における組換えの確認—. 園学雑, **7** (別 1), 117.
- 55) Nourse, S.M., E.W. Fickus, P.B. Cregan and S.C. Hokanson (2002): Development of simple sequence repeat (SSR) molecular markers in strawberry. *Strawberry research to 2001*, pp48-53. ASHS Press, Alexandria, USA.
- 56) 織田弥三郎 (2004) 栽培イチゴの起源と来歴. 農業技術大系野菜編 3-イチゴ—基礎編, pp3-10. 東京社団法人, 農山漁村文化協会.

- 57) Ohtsubo, K., S. Nakamura and T. Imamura (2002): Development of the primer sets for identification of a rice cultivar, Koshihikari, by PCR. [*Japanese*] *Nippon Nogeikagaku Kaishi*, **76**, 388-397.
- 58) Potter, D. (2000): Phylogenetic relationships among species of *Fragaria* (Rosaceae) inferred from non-coding nuclear and chloroplast DNA sequences. *Syst. Bot.*, **25**, 337-348.
- 59) Powers, L. (1944): Meiotic studies of crosses between *Fragaria ovalis* and *F. × ananassa*. *J. Agr. Res.*, **69**, 435-448.
- 60) Risch, N.J. and B. Devlin (1992): On the probability of matching DNA fingerprints. *Science*, **255**, 717-720.
- 61) Rousseau-Gueutin, M., E. Lerceteau-Köhler, L. Barrot, D. J. Sargent, A. Monfort, D. Simpson, P. Arus, G. Guerin and B. Denoyes-Rothan (2008): Comparative genetic mapping between octoploid and diploid *Fragaria* species reveals a high level of colinearity between their genomes and the essentially disomic behavior of the cultivated octoploid strawberry. *Genetics*, **179**, 2045-2060.
- 62) Sargent, D.J., T.M. Davis, K.R. Tobutt, M.J. Wilkinson, N.H. Battey and D.W. Simpson (2004a): A genetic linkage map of microsatellite, gene-specific and morphological markers in diploid *Fragaria*. *Theor. Appl. Genet.*, **109**, 1385-1391.
- 63) Sargent, D.J., A.M. Hadnou, M.J. Wilkinson, N.H. Battey and J.A. Hawkins (2004b): Cross-species amplification and phylogenetic reconstruction using *Fragaria* microsatellite primers. *Acta Hort.*, **649**, 87-92.
- 64) Sargent, D.J., J. Clarke, D.W. Simpson, K.R. Tobutt, P. Arus, A. Monfort, S. Vilanova, B. Denoyes-Rothan, M. Rousseau, K.M. Folta, N.V. Bassil and N.H. Battey (2006): An enhanced microsatellite map of diploid *Fragaria*. *Theor. Appl. Genet.*, **112**, 1349-1359.
- 65) Senanayake, Y.D.A. and R.S. Bringham (1967): Origin of *Fragaria* polyploids. I. Cytological analysis. *Amer. J. Bot.*, **54**, 221-228.
- 66) Shimomura, K. and K. Hirashima (2006): Development and Characterization of simple sequence repeats (SSR) as markers to identify strawberry cultivars (*Fragaria × ananassa* Duch.) . *J. Jpn. Soc. Hort. Sci.*, **75**, 399-402.
- 67) Soltis, D.E. and P.S. Soltis (1993): Molecular data and the dynamic nature of polyploidy. *Crit. Rev. Plant Sci.*, **12**, 243-273.
- 68) Stebbins, G.L. (1950): Variation and evolution in plants, pp298-369. Columbia Univ. Press, NY.
- 69) Sugimoto, T., K. Tamaki, J. Matsumoto, Y. Yamamoto, K. Shiwaku and K. Watanabe (2005): Detection of RAPD markers linked to the everbearing gene in Japanese cultivated strawberry. *Plant Breed.*, **124**, 498-501.
- 70) Swaminathan, M.S. (1954): Cytogenetic studies in *Solanum verrucosum* variety spectabilis. *Amer. J. Bot.* any, **41**, 645-651.
- 71) Sybenga, J. (1973): Allopolyploidization of autopolyploids. 2. Manipulation of the chromosome pairing system. *Euphytica*, **22**, 433-444.
- 72) 田崎公久, 柏谷祐樹, 天谷正行 (2006): マルチプレックス PCR 法による国内主要イチゴ品種識別法. 平成 18 年度 関東東海北陸農業研究成果情報.
- 73) 田崎公久, 飯村一成, 家中達広, 稲葉幸雄, 天谷正行 (2007): イチゴ SSR 配列の特徴. 育種学研究 **9** (別 1), 103.
- 74) This, P., A. Jung, P. Boccacci, J. Borrego, R. Botta, L. Costantini, M. Crespan, G.S. Dangi, C. Eisenheld, F. Ferreira-Monteiro, S. Grando, J. Ibáñez, T. Lacombe, V. Laucou, R. Magalhães, C.P. Meredith, N. Milani, E. Peterlunger, F. Regner, L. Zulini and E. Maul (2004): Development of a standard set of microsatellite reference alleles for identification of grape cultivars. *Theor. Appl. Genet.*, **109**, 1448-1458.
- 75) Truong, C., A.E. Palme, F. Felber and Y. Naciri-Graven (2005): Isolation and characterization of microsatellite markers in the tetraploid birch, *Betula pubescens* ssp. *tortuosa*. *Mol. Ecol. Notes*, **5**, 96-98.
- 76) Tyrka, M., P. Dziadczyk and J.A. Horthyński (2002): Simplified AFLP procedure as a tool for identification of strawberry cultivars and advanced breeding lines. *Euphytica*, **125**, 273-280.
- 77) 氏家有美, 宮城慎, 高津康正, 國久美由紀, 松元哲 (2007): CAPS (cleaved amplified polymorphic sequence) マーカーを利用したイチゴ系統「ひたち姫」「ひたち 3 号」「ひたち 4 号」の品種識別. 園学雑, **6** (別 1), 387.
- 78) 鶴飼保雄 (2004): 植物品種における品種同定理論. 農業および園芸, **79**, 194-198.
- 79) Vellicce, G.R., J.C.D. Ricci, L. Hernandez and A.P. Castagnaro (2006): Enhanced resistance to *Botrytis cinerea* mediated by the transgenic expression of the chitinase gene *ch5B* in strawberry. *Transgenic Res.*, **15**, 57-68.
- 80) Wall, A.M., R. Riley and M.D. Gale (1971): Position of a locus on chromosome 5B of *Triticum-Aestivum* affecting homoeologous meiotic pairing. *Genet. Res.*, **18**, 329-339.
- 81) Watanabe, K. and M. Orrillo (1994): Disomic behavior of polyploid tuber-bearing *Solanum* species. *Jpn. J. Genet.*, **69**, 637-643.
- 82) Watanabe, K. (1977): The control of diploid-like meiosis in polyploid taxa of *Chrysanthemum* (Compositae) . *Jpn. J. Genet.*, **52**, 125-131.
- 83) 柳智博, 曾根一純, ナスワット ブリーダ (2008): イチゴの *Fragaria vesca* と *F. × ananassa* の交雑で得られた 5 倍体系の CAPS マーカーを用いた DNA 分析による雑種性の検定. 園学雑, **7** (別 2), 202.

Development of Genome-specific DNA Markers in Strawberry (*Fragaria* × *ananassa* Duch.) and Their Use for Cultivar Identification

Miyuki Kuniyoshi

Summary

Development of genome-specific DNA markers in *F.* × *ananassa*

Analyses performed in octoploid *F.* × *ananassa* (strawberry) by using DNA markers and Mendelian predictions are confounded by the complex and incompletely understood genetic constitution of this species. Therefore, the breeding with genome analysis of *F.* × *ananassa* lags far behind other major crops.

In this study we tried to develop genome-specific DNA markers which can detect a single genomic locus among multiple homoeologous genomes in *F.* × *ananassa*, in order to clarify the genetic constitution of *F.* × *ananassa*.

In chapter II, section 2, we explain how we developed Cleaved Amplified Polymorphic Sequence (CAPS) markers in the usual way, and we show that they are non-genome-specific and are treated as dominant markers in practical analyses. In section 3, we describe how homoeologous genes amplified by PCR from the octoploid genome were divided into clusters based on their sequences, and primers with cluster-specific sequences were designed to improve the CAPS markers to make them genome-specific. Markers that seemed to be genome-specific were obtained. In section 4, we show how we investigated the inheritance of these improved markers, and we demonstrate that the manner in which they are inherited best suits the model of disomic Mendelian inheritance. Therefore, as expected, the improved markers were proven to be genome-specific. Moreover, the lack of detection of polysomic inheritance in any of the developed markers implied that *F.* × *ananassa* is a highly diploidized octoploid (AAA'A'BBB'B').

In section 5, we describe how a search for ancestral species that could have donated a genome to *F.* × *ananassa* was performed by detecting genome-specific markers in *Fragaria* species. At least one genome was thought to be derived from *F. vesca*. No other ancestral genomes were found among the species tested.

Identification of strawberry cultivars using DNA markers

The unregulated propagation and distribution of patented domestic strawberry cultivars was first suspected as a serious problem in 2001. Fresh strawberries had been imported from other Asian countries. However, there were strong suspicions that cvs. 'Sachinoka' and 'Tochiotome' might have been mixed with imported strawberries. If these cultivars were imported, the rights of breeders have been infringed, thus inflicting economic damage on domestic producers. In light of these concerns, the development of a practical technique for identifying strawberry cultivars is required.

In chapter III, section 2, we show how we tested the utility of the 25 markers we developed in chapter II for cultivar identification and confirmed their ability to distinguish among 117 cultivars, except for mutator

strains.

Validation of the genome-specific markers as a regulatory tool rests on the reproducibility of the technique as measured by sensitivity and specificity. In section 3, we explain how we performed a collaborative study according to the criteria which the AOAC International has established for qualitative analyses, and we show the high sensitivity and specificity of over 95% for most markers. This is the first report of a technique for cultivar identification with a reproducibility assured through collaborative study.

A false positive could possibly result from the accidental generation of a cultivar which has a completely identical genotype as one of the patented cultivars. In section 4, we describe how we calculated the probability of such an event based on the frequency of each genotype detected by independent markers (Ukai, 2004. *Theory of cultivar identification*). The theoretical accuracy of identification is about 99.9% with 16 independent markers.

As a practical test of the methodology, we show the example that imported strawberries from South Korea which were labeled 'Nyoho', were found to be a mixture of cvs. 'Sachinoka' and 'Redpearl', in section 5.