

## 研究 成 果 報 告 書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		コムギ種間雑種の生育を阻害する遺伝因子の高密度連鎖地図の作製			
研究テーマ (欧文) AZ		High resolution linkage map of genetic loci related to growth inhibition in interspecific wheat hybrids			
研究氏 代 表 名 者	カカナ CC	姓) タクミ	名) シゲオ	研究期間 B	2010 ~ 2011 年
	漢字 CB	宅見	薫雄	報告年度 YR	2012 年
	ローマ字 CZ	Takumi	Shigeo	研究機関名	神戸大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		神戸大学大学院農学研究科・准教授			
概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。) <p>育種において近縁種からの有用遺伝子の導入は、困難な育種目標を達成するために必要である。しかし、実際には種間の生殖隔離等の問題から技術的困難が伴い、必ずしも有効に遺伝資源が利用されているわけではない。本研究は、種間交雑でできた雑種第一代でしばしば認められる雑種致死と雑種弱勢を引き起こす遺伝因子に緊密に連鎖する分子マーカーを開発して、近縁種との交雑による効率的な有用遺伝子の導入法の確立に寄与するものである。本研究では、パンコムギの2つの祖先種、二粒系コムギとタルホコムギの種間雑種においてみられる type 2 ネクロシスとハイブリッドクロロシスについて、それぞれのタルホコムギ側の原因遺伝子 <i>Net2</i> と <i>Hch1</i> の高密度連鎖地図を作製することを目的とした。</p> <p>タルホコムギの大きく分化した2つの lineage 間において、高信頼度の条件下で少なくとも 1,500 の cDNA について SNP を見いだしている。この SNP データベースに、オオムギなどとのシンテニーをもとにした GenomeZipper を用いることで、目的の染色体領域に SNP マーカーを配置する方法を確立した。SNP は、リアルタイム PCR を用いた High Resolution Melting 法で検出することで、タルホコムギではヘテロまで確実に検出でき、6 倍性合成パンコムギでも多くの SNP について連鎖地図上にマップできた。この方法により、<i>Net2</i> は 2D 染色体短腕の 8.2cM の領域に2つの SNP マーカーで挟み込むことができ、さらに完全に連鎖する1つの SNP マーカーを見つけることができた。<i>Hch1</i> については 7D 染色体短腕の 4.4cM の領域に2つの分子マーカーによって挟み込むことができた。以上により、これら2つの雑種生育阻害遺伝子の単離に向けて有効な分子マーカーを開発できた。</p>					
キーワード FA	生殖隔離	倍数性進化	遺伝資源	種間雑種	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>	Application of real-time PCR-based SNP detection for mapping of <i>Net2</i> , a causal D-genome gene for hybrid necrosis in interspecific crosses between tetraploid wheat and <i>Aegilops tauschii</i>							
	著者名 <sup>GA</sup>	R. Matsuda, J. C. M. Iehisa and S. Takumi	雑誌名 <sup>GC</sup>	Genes and Genetic Systems					
	ページ <sup>GF</sup>	137~143	発行年 <sup>GE</sup>	2	0	1	2	巻号 <sup>GD</sup>	87
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>	H. Hatano, N. Mizuno, R. Matsuda, N. Shitsukawa, P. Park and S. Takumi (2012) Dysfunction of mitotic cell division at shoot apices triggered severe growth abortion in interspecific hybrids between tetraploid wheat and <i>Aegilops tauschii</i>							
	著者名 <sup>GA</sup>	H. Hatano, N. Mizuno, R. Matsuda, N. Shitsukawa, P. Park and S. Takumi	雑誌名 <sup>GC</sup>	New Phytologist					
	ページ <sup>GF</sup>	1143~1154	発行年 <sup>GE</sup>	2	0	1	2	巻号 <sup>GD</sup>	194
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	

#### 欧文概要<sup>EZ</sup>

Common wheat (*Triticum aestivum* L.) is an allohexaploid species (AABBDD genome), derived through endoreduplication of an interspecific triploid hybrid between cultivated tetraploid wheat *Triticum turgidum* L. (AABB genome) and a wild diploid relative, *Aegilops tauschii* Coss. (DD genome). In the process of synthetic wheat production, we found several types of hybrid abnormalities including hybrid necrosis and hybrid chlorosis. Here, we report on application of high resolution melting (HRM) analysis using a real-time PCR apparatus to develop single nucleotide polymorphism (SNP) markers linked to a hybrid necrosis gene, *Net2*, and a hybrid necrosis, *Hch1*. *Net2* and *Hch1* were located on short arms of wheat chromosomes 2D and 7D, respectively. Based on genomic information on barley chromosome 2H and wheat expressed sequence tag libraries, we selected wheat cDNA sequences presumed to be located near the *Net2* chromosomal region, and then found SNPs between the parental *Ae. tauschii* accessions of the synthetic wheat mapping population. HRM analysis of the PCR products from F<sub>2</sub> individuals' DNA enabled us to assign 44.4% of the SNP-representing cDNAs to chromosome 2D despite the presence of the A- and B-genomes. In addition, the designed SNP markers were assigned to chromosome 2D of *Ae. tauschii*. The order of the assigned SNP markers in synthetic hexaploid wheat was confirmed by comparison with the markers in barley and *Ae. tauschii*. Similarly, several molecular markers linked to *Hch1* were mapped near the *Hch1*-chromosomal regions. Thus, the SNP-genotyping method based on HRM analysis is a useful tool for development of molecular markers at target loci in wheat.