

全角 6 文字目から

3 cm

右寄せ

○○○○○ナシのマイクロサテライトマーカー 2. ナシとリンゴの SSR の相同性
 ○ 園芸太郎¹・学会花子^{2*}・園芸次郎²(¹○○園研, ²△△農総研, *○○大農学部)

○○○○○ Microsatellite marker of *Pyrus* spp. 2. Sequence similarity of SSRs between pear and apple
 Engei, T., H. Gakkai and J. Engei

本文の句読点は「,」および「.」

全角 4 6 文字程度

右寄せ

[目的] ナシのマイクロサテライトマーカー (別名 SSR: Simple Sequence Repeat) に関する知見は限られている。そこで、我々は同じバラ科に属するリンゴの SSR マーカー (Guilford ら, 1997, Gianfranceschi ら, 1998) をナシに適用し・・・**表題および本文のフォントは明朝体 (和文)、9 ポイント**・・・ナシとリンゴにおいて、SSR プライマーで増幅した PCR 産物の塩基配列を決定し、両者の相同性を明らかにしたので報告する。

品種名は「'」と「'」で囲む

[材料および方法] 9 種類の SSR プライマーで増幅したナシ '幸水' と リンゴ 'ゴールデンデリシャス' の PCR 産物についてビオチンでラベルした (GA)₁₅ オリゴヌクレオチドをプローブとしてサザン分析を行い、反復配列の有無を確認した。同様に、SSR プライマー CH01H01 で増幅したナシ 36 品種の PCR 産物についてサザン分析を行った。次に、SSR 増幅産物の塩基配列を決定するため、ナシ 8 品種 ('豊水', '幸水', '長寿', '長十郎', '晩三吉', '紅梨', 'バートレット', 'イワテヤマナシ') とリンゴ 2 品種 ('コックスオレンジピッピン', 'ゴールデンデリシャス') のゲノム DNA について 9 種類の SSR プライマーを用いて PCR を行った。PCR 産物の塩基配列は、産物を pCR2.1 ベクター (TA cloning kit (Invitrogen)) にクローニングし、Big Dye terminator cycle sequencing kit (ABI) を用いて決定した。

2 cm

2 cm

[結果および考察] これまでに、ナシにおいてもリンゴ SSR プライマーから明瞭な増幅断片が得られ、品種識別等に有効であることを明らかにしてきた。そこで、'幸水' と 'ゴールデンデリシャス' について 9 種類の SSR プライマーを用いた PCR 産物中における反復配列の存在を確認したところ、CH01B12 の '幸水' 以外はすべてポジティブなシグナルを示した (Fig. 1)。'幸水' の CH01B12 を用いた PCR 産物における塩基配列は A4(GA)3A3(GA)A2(GA)A12(GA) であり、不完全な SSR であった。また、ナシ 36 品種のサザン分析では、77bp の断片以外はすべてポジティブな結果を示した。77bp の断片における反復回数は (GA)₄ と少なかった。次に、ナシとリンゴ由来の SSR 増幅産物の塩基配列を比較したところ、両者では反復配列の回数が異なり、反復配列の近傍における配列がかなり保存された SSR (28f4, CH01E12, CH02B12) および反復配列領域やその両側において欠失 (又は挿入) の認められた SSR (02b1, CH01H01) が存在した。以上のことから、今回検討したナシとリンゴの SSR 塩基配列は、概して相同性が高く、属を越えて保存されていることが明らかとなった。

4 6 行程度

3 cm

Fig. 1 Southern blots of SSR fragments amplified from Kousui (n3) and Golden Delicious (a8) probed with 5'-biotin-(AG)₁₅