

Development of a Genetic Marker Linked to the Tendril Trait of Sweet Pea (*Lathyrus odoratus* L.)

Hiroimi Hanada*¹⁾ and Masashi Hirai²⁾

¹⁾ Horticultural Experiment Center, Wakayama Research Center of Agriculture, Forestry and Fisheries, 724 Minami-Shioya, Shioya, Gobo, Wakayama 644-0024, Japan

²⁾ Faculty of Agriculture, Kyoto Prefectural University, Kita-Inayazuma Seika, Kyoto 619-0244, Japan

Abstract

A sweet pea (*Lathyrus odoratus* L.) cultivar, 'Grace', which has tendrils, was crossed with 'Snoopea purple' lacking tendrils. The resultant F₂ population was used to identify RAPD (random amplified polymorphic DNA) markers linked to a tendril gene. The presence of tendrils was found to segregate in a dominant fashion. A total of 302 random primers were used to screen a pair of bulked DNA samples of the F₂ plants. Only two primers, WB32 and WB67, showed polymorphism between the bulked samples. The former generated a DNA fragment specific to the bulked sample with tendrils, while the latter amplified a fragment in the bulked sample without tendrils. Segregation of these RAPD markers was examined in the F₂ population. One of them, WB32a was found to be linked to the tendril gene. The marker was then cloned and sequenced. A pair of primers was designed for specific amplification of this marker. The primer pairs amplified a clear and dominant band, SWB32a, and the band was specific to individuals with tendrils. The linkage between the marker, SWB32a and the gene for tendrils was demonstrated in the F₂ population in a distance of 7.7 cM. Use of this genetic marker in the breeding of sweet pea cultivars without tendril was discussed.

Key Words: *Lathyrus odoratus* L., sweet pea, tendril, Sequence-tagged site (STS), RAPD, Sequence-characterized amplified region (SCAR), marker-assisted selection (MAS).

スイートピー (*Lathyrus odoratus* L.) の切り花用品種「グレース」と巻きひげが無い露地栽培用品種「スノーピー紫」の交雑 F₂ 集団において、巻きひげの有無について調査した。その結果、巻きひげのある形質は優性の 1 遺伝子座支配であった。巻きひげ形質と連鎖した RAPD マーカーを開発するため、バルク法により 302 種類のランダムプライマーを用い RAPD を検索したところ、2 種類のプライマー、WB32 および WB67 で DNA 多型が確認された。WB32 では巻きひげのあるバルクで特異的な DNA 断片が確認され、WB67 では巻きひげの無いバルクで特異的断片が検出された。交雑 F₂ 集団において、これらの RAPD マーカーの有無と巻きひげ形質の関係について調査した結果、WB32 では巻きひげ形質との連鎖が確認されたが、WB67 では確認されなかった。そこで、WB32 で検出された多型 DNA 断片(1kb)をクローニングし、塩基配列情報に基づき、特異的プライマーを合成した。このプライマーでは、RAPD 分析から期待された優性バンド SWB32a が巻きひげ有り個体で明確に増幅された。F₂ 集団に置いて、SWB32a と巻きひげの有無について調査した結果、SWB32a と巻きひげ遺伝子座は地図距離 7.7cM で連鎖していることが確認された。今後、この SCAR マーカーはスイートピー育種において巻きひげの無い切り花用品種を育成する際の選抜マーカーとして有用であると考えられる。