

Microsatellite Marker Development and Population Structure Analysis in Japanese Apricot (*Prunus mume* Sieb. et Zucc.)

Koji Numaguchi^{1,3}, Shogo Ishio², Yuto Kitamura³, Kentaro Nakamura², Ryo Ishikawa¹ and Takashige Ishii¹

¹Graduate School of Agricultural Science, Kobe University, Kobe 657-8501, Japan

²Tsukuba Research Institute, Sumitomo Forestry Co., Ltd., Tsukuba 300-2646, Japan

³Japanese Apricot Laboratory, Wakayama Fruit Tree Experiment Station, Minabe, Wakayama 645-0021, Japan

Japanese apricot (*Prunus mume* Sieb. et Zucc.) is one of the major fruit tree crops in Japan. However, a paucity of molecular tools has limited studies on the species' genetic diversity and clone identification. Therefore, we newly designed 201 microsatellite markers using the *P. mume* reference genome and selected 20 highly polymorphic markers. The markers showed higher polymorphism detectability than those previously developed using peach and apricot genomes. They were used successfully for fingerprinting most of the *Prunus* cultivars examined (124 *P. mume* accessions and one accession each of *P. armeniaca*, *P. salicina*, *P. persica*, and *P. dulcis*), and the resulting genotype data were used to examine the genetic differentiation of six Japanese apricot cultivar groups, including those producing normal fruit, small-fruit, and ornamental flowers, as well as Taiwanese cultivars, putative hybrids of *P. armeniaca* and *P. mume*, and putative hybrids of *P. salicina* and *P. mume*. Phylogenetic cluster analysis showed three clades with high support values; one clade comprised the putative *P. armeniaca* × *P. mume* hybrids, and the two others included Taiwanese and ornamental cultivars. The rest of the accessions were grouped into two wide clusters, but not clearly divided into the respective cultivar groups. These complex relationships were supported by the principal coordinate and STRUCTURE analyses. Since Japanese apricot is thought to have originated in China, many factors such as human preference, geographical separation, introgression, and local breeding, may have been involved to form the present complex genetic structure in Japanese apricot.

ウメ (*Prunus mume* Sieb. et Zucc.) におけるマイクロサテライトマーカーの開発および集団構造解析

ウメ (*Prunus mume* Sieb. et Zucc.) は日本の主要果樹の一つであるが、分子マーカーの開発が遅れていたために、その遺伝的多様性やクローン識別に関する研究は未だ少ない。そこで本研究ではウメゲノム塩基配列を基に 201 個のマイクロサテライトマーカーを新規に設計し、20 個の高多型性マーカーを選抜した。本マーカーセットは、過去にモモおよびアンズゲノムから開発されたマーカーセットよりも高い多型検出能を示し、これらを用いることで供試したサクラ属果樹（ウメ 124 系統、アンズ、スモモ、モモおよびアーモンドそれぞれ 1 系統）のうちほとんどの識別が可能であった。本マーカーセットによる遺伝子型データを用いて 6 系統群（実ウメ、小ウメ、花ウメ、台湾系統、アンズとウメの種間交雑由来とされる系統、およびスモモとウメの種間交雑由来とされる系統）における遺伝的分化の程度を調査した。系統解析の結果、高いブートストラップ値によって支持される 3 クレードが見いだされた。そのうちの 1 つのクレードは、アンズとウメの種間交雑由来とされる系統群からなり、残りの 2 つのクレードはそれぞれ台湾系統群および花ウメ品種群からなった。その他の系統は大まかに 2 つのクラスターに分類されたが、はっきりと系統群に対応するものではなかった。このような複雑な系統関係は主座標分析および STRUCTURE 解析においても支持されるものであった。日本のウメ品種群はもともと中国に由来するものとされているため、日本のウメ集団における現在の複雑な遺伝構造の形成には、人々の好み、地理的隔離、遺伝子移入、品種育成などの多くの要因が関与していると考えられた。