

Short Report

秋田県伝統野菜に関する研究

丸ナス三品種の系統解析

櫻井健二¹, 高橋秀和¹, 吉田康徳², 神田啓臣², 椿信一³¹ 秋田県立大学生物資源科学部生物生産科学科² 秋田県立大学生物資源科学部アグリビジネス学科³ 秋田県農林水産部農業試験場

秋田県には「あきた伝統野菜」として 30 品目の野菜が選定されており、ナスが三品種含まれ、いずれも丸ナスである。これらの秋田県の丸ナス‘新処ナス’、‘関口ナス’および‘仙北丸ナス’に着目し、栽培試験および DNA マーカーを利用した系統解析を行い、国内の在来丸ナス品種との類縁関係を探索した。栽培試験では果実形と草姿を比較した。‘新処ナス’では中長果が結実したことから、品種の安定性を再確認する必要があると考えられた。10 種類の SSR マーカーによる対立遺伝子型の検出では、‘関口ナス’および‘仙北丸ナス’は、供試株の間で対立遺伝子は一致し、すべてのマーカーでホモ接合を示した。‘新処ナス’では、供試株の間で異なる対立遺伝子が検出された。これらのことから、‘関口ナス’および‘仙北丸ナス’は固定度が高く、‘新処ナス’は固定度が低いことが推察された。系統解析では、供試した丸ナス品種は大きく 4 グループに分類された。‘新処ナス’は‘会津丸ナス’、‘畑ナス’および‘賀茂ナス’と近縁となり、‘関口ナス’および‘仙北丸ナス’と近縁な品種は供試品種の中には存在しなかった。

キーワード: 伝統野菜, 秋田県, 在来種, *Solanum melongena*, 丸ナス, SSR マーカー, 系統解析

古くから各地域で栽培されている野菜は「在来種」として発達し、ブランド化するために「伝統野菜」と呼ぶことがある。秋田県には「あきた伝統野菜」として 30 品目の野菜が選定されており、ナスが三品種含まれている。ナス (*Solanum melongena* L.) のわが国への導入は奈良時代といわれ、各地の気候や土質、嗜好に合った品種群が成立したと考えられている。東北から北陸の日本海側では卵形と丸形の小～中果が、関東以北の太平洋側では卵形の小～中果が、東海以西では卵形と中長形の中～大果が、九州では長形と大長形の大果が多いことが知られている。秋田県のナス品種はいずれも丸形である。本研究では、秋田県の伝統野菜の丸ナス三品種に着目し、栽培試験および DNA マーカーを利用した系統解析を行い、国内の在来丸ナス品種との類縁関係を探索した。

材料および方法

栽培試験

供試材料の来歴および接ぎ木の有無を表 1 に示した。苗はすべて購入し、実験圃場の南側砂地圃場で露地栽培を行った。畝幅 1m×畝長 21m の畝を 4 畝（通路幅 1m）設けた。土壌改良材として、牛糞堆肥約 1.6t を全層施肥し、苦土石灰 3kg/畝およびようりん 1.2kg/畝を施用した。基肥として 10-13-10 の化成肥料 3kg/畝を施用した。追肥として、16-4-16 を 2kg/畝で 8 月 17 日および 9 月 7 日に施用した。株間 70cm の 1 条植として、一品種あたり 10 株（3 品種/畝）を 5 月 21 日（新処ナス以外）および 6 月 5 日（新処ナス）に定植した。第一花房の上下の脇芽を残して 3 本仕立てとし、防風対策として、幅 60cm のパオパオ（不織布）で畝全体を囲った。7 月

3日から9月4日まで適宜収穫を行った。

表1 供試品種の来歴

品種名	来歴
会津丸ナス	福島県会津若松市
新処ナス	秋田県横手市
薄皮丸ナス	山形県米沢市
小布施丸ナス	長野県上高井郡小布施町
賀茂ナス	京都府京都市北区上賀茂
黒十全ナス	新潟県長岡市
関口ナス	秋田県湯沢市
仙北丸ナス	秋田県大仙市
長岡巾着ナス	新潟県長岡市
梵天丸ナス・秋田系	交配種
梵天丸ナス・山形系	交配種

系統解析

栽培試験に用いた 11 品種に加え, ‘小布施丸ナス’ は入手先が異なる系統 (日光および鳥取), 山形県在来種 ‘畑ナス’ および ‘新処ナス’ から分離した長なす ‘新処ナス・長なす’ の合計 14 品種を供試材料とした。各品種あたり 2~3 株から葉組織または果実のへた (‘畑ナス’ のみ) を採取し, 葉組織 100 mg からガラス濾紙を用いて DNA を精製した。

久保ら (2014) を参考に 12 連鎖群毎に 2 種類の SSR マーカーを選び (表 2), 合計 24 種類の SSR マーカーを用いて, PCR 産物はポストラベル法で蛍光標識した。各 PCR 産物は 3130xl GeneticAnalyzer で電気泳動し, GenAlEx 6.5 で品種間の遺伝距離を算出した後 (Peakall ら, 2012), MEGA 7 を用いて, UPGMA 法による系統解析を行った (Kumar ら, 2016)。

表2 解析に用いたナスのSSRマーカー連鎖群 マーカー名

連鎖群	マーカー名	
LG01	emg11M09	eme03H10
LG02	emf11G04	emj05M23
LG03	emk01J09	emk01C06
LG04	emh11I06	emj03E23
LG05	emh05H12	ecm040
LG06	emk03O04	emf01O04
LG07	emf11K21	emh11H03
LG08	emg21J23	eme08D09
LG09	emj02F08	emf11H23
LG10	emi02I01	emh11L01
LG11	emi02E03	emk02K24
LG12	emj02M05	emi03B14

結果および考察

栽培試験

定植約 2 ヶ月後 (7 月 28 日) の草姿および果実の



図1 ‘会津丸ナス’



図2 ‘新処ナス’



図3 ‘薄皮丸ナス’



図4 ‘小布施丸ナス’



図5 ‘賀茂ナス’



図6 ‘黒十全ナス’



図7 ‘関口ナス’



図8 ‘仙北丸ナス’



図9 ‘長岡巾着ナス’



図10 ‘梵天丸ナス・秋田系’



図11 ‘梵天丸ナス・山形系’

形状を図 1～11 に示した。

草姿を比較すると、‘薄皮丸ナス’、‘小布施丸ナス’および‘賀茂ナス’は開張性、‘新処ナス’、‘黒十全ナス’、‘関口ナス’、‘長岡巾着ナス’、‘梵天丸ナス・秋田系’および‘梵天丸ナス・山形系’は立性、‘会津丸ナス’および‘仙北丸ナス’は中間であった。収穫果については、‘梵天丸ナス・秋田系’および‘梵天丸ナス・山形系’は他品種と比較して収穫期が早く（7月3日初収穫）、果実が均一で収量も高かった。‘梵天丸ナス’はF₁品種のため、果実形および収量が安定していたと考えられる。病害虫の発生状況は、いずれの品種でもうどんこ病とタバコガが頻発した。‘新処ナス’では10株中3株において中長ナス状の果実が結実したことから、品種の安定性を再確認する必要があると考えられた。

系統解析

供試したすべての SSR マーカーで PCR 増幅がみられ、多型の有無や PCR 増幅の安定性などから 12 種類の SSR マーカーを選抜し、蛍光標識をして GeneticAnalyzer で検出を行った。その結果、

GeneticAnalyzer でフラグメントが検出できなかったマーカーが 1 種類あり、11 種類の SSR マーカーにおいて多型の検出を行った（表 3）。emh11I06 マーカーでは供試品種間で多型が検出されなかった。‘会津丸ナス’、‘小布施丸ナス’、‘賀茂ナス’、‘黒十全ナス’、‘関口ナス’および‘仙北丸ナス’では、供試株の間で対立遺伝子は一致し 10 種類のマーカーはすべてホモ接合を示した。‘小布施丸ナス’は入手先が異なっても（日光および鳥取）、供試した SSR マーカーはすべて一致した。一方‘薄皮丸ナス’、‘長岡巾着ナス’および‘畑ナス’では供試株の間で異なる対立遺伝子が検出された。このことから、秋田県の 2 品種（‘関口ナス’および‘仙北丸ナス’）は固定度が高いことが示唆された。しかし、‘新処ナス’では、果実形状が異なるだけではなく、SSR マーカーにおいても供試株の間で異なる対立遺伝子が検出されたことから、‘新処ナス’は固定度が低いことが推察された。さらに、‘梵天丸ナス・秋田系’で 3 種類および‘梵天丸ナス・山形系’で 2 種類の対立遺伝子でヘテロ接合となった。これら 2 種類の‘梵天丸ナス’は交配種であることから、ヘテロ接合の対立

表3 11種類のSSRマーカー(連鎖群)における供試品種の対立遺伝子型

品種名	eme03H10 (LG01)	emj05M23 (LG02)	emk01J09 (LG03)	emh11I06 (LG04)	emj03E23 (LG04)	emh05H12 (LG05)	emf01O04 (LG06)	emf11K21 (LG07)	emh11H03 (LG07)	emh11L01 (LG10)	emj02M05 (LG12)
会津丸ナス	292/292	283/283	201/201	315/315	256/256	202/202	306/306	310/310	189/189	185/185	279/279
新処ナス・丸	294/294	283/283	201/201	315/315	262/262*	202/202*	293/293*	312/312	189/189*	185/185	279/279
新処ナス・長	294/294	283/283	201/201	315/315	263/263	202/202	293/293	310/310	189/189	-/-	279/279
薄皮丸ナス	278/278	283/283	201/201	315/315	260/260	202/202	304/304*	302/302*	189/189	187/187	279/279
小布施丸ナス・日光	296/296	283/283	201/201	315/315	262/262	204/204	304/304	310/310	191/191	187/187	281/281
小布施丸ナス・鳥取	296/296	283/283	201/201	315/315	262/262	204/204	304/304	310/310	191/191	187/187	281/281
賀茂ナス	294/294	281/281	201/201	315/315	258/258	202/202	306/306	310/310	189/189	185/185	279/279
黒十全ナス	294/294	283/283	201/201	315/315	260/260	200/200	304/304	310/310	189/189	187/187	279/279
関口ナス	278/278	283/283	201/201	315/315	260/260	204/204	291/291	310/310	187/187	185/185	277/277
仙北丸ナス	278/278	283/283	199/199	315/315	287/287	206/206	306/306	310/310	189/189	189/189	279/279
長岡巾着ナス	278/278	283/283	201/201	315/315	262/262	202/202	302/302	310/310	189/189	187/187*	279/279
畑ナス	292/292	283/283*	201/201	315/315	256/256	202/202	-/-	310/310	189/189	178/185	279/279
梵天丸ナス・秋田系	278/294	283/283	201/201	315/315	256/262	200/200	289/306	310/310	189/189	185/185	279/279
梵天丸ナス・山形系	278/278	283/283	201/201	315/315	260/260	200/200	289/304	302/310	189/189	185/185	279/279

*供試株の間で異なる対立遺伝子が検出されたため、代表値を記載している。

遺伝子が複数検出されたと考えられる。

多型が検出されなかった emh11I06 マーカーを除く 10 種類の SSR マーカーでの対立遺伝子型の結果を基に系統解析を行った (図 12)。供試した丸ナス品種は大きく 4 グループ(グループ 1: ‘会津丸ナス’, ‘畑ナス’, ‘賀茂ナス’, ‘新処ナス’, ‘新処ナス・長なす’, ‘長岡巾着ナス’, ‘薄皮丸ナス’, ‘黒十全ナス’, ‘梵天丸ナス・秋田系’, ‘梵天丸ナス・山形系’, グループ 2: ‘仙北丸ナス’, グループ 3: ‘関口ナス’, グループ 4: ‘小布施丸ナス・日光’, ‘小布施丸ナス・鳥取’) に分類された。以上のことから, ‘新処ナス’ は ‘会津丸ナス’, ‘畑ナス’ および ‘賀茂ナス’ と近縁となり, ‘関口ナス’ および ‘仙北丸ナス’ との近縁な品種は供試品種の中には存在しなかった。

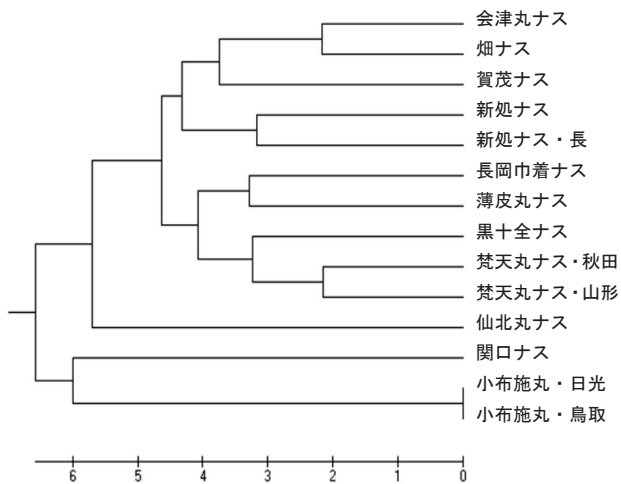


図 12 10 種類の SSR マーカーを用いた丸ナス品種の系統解析

結論

秋田県の伝統野菜の丸ナス三品種について, 栽培試験から顕著な特徴を見いだすことはできなかった。しかし, SSR マーカーを用いた DNA 分析 (系統解析) の結果, ‘関口ナス’ および ‘仙北丸ナス’ は供試した他地域の丸ナス品種とは近縁ではないことが示唆された。また, ‘新処ナス’ の固定度が低いことが示唆されたが, 系統解析の結果からは, 他地域の丸ナス品種と近縁であることも示唆され, 特に ‘賀茂ナス’, ‘会津丸ナス’ および ‘畑ナス’ と近縁であった。以上の結果から, 秋田県の丸ナス三品種は導入経路が異なることが考えられた。すなわち, ‘新

処ナス’ は京都の ‘賀茂ナス’, 福島の ‘会津丸ナス’, 山形の ‘畑ナス’ と近縁であることから, 京都から福島, 山形という経路で導入されたのではないかと予測できる。さらに, ‘関口ナス’ および ‘仙北丸ナス’ はこれとはまた異なる経路で秋田に導入された可能性が考えられた。

今後は丸ナスだけではなく, 中長ナスや卵形ナス, 長ナスなど多様なナス在来品種を全国から集めて, それらの系統解析を行うことで, 秋田県の伝統野菜の丸ナス三品種の特徴を明らかにして, 他地域のナスとの差別化を図るとともに, 三品種の導入経路などの調査を進めていくことが必要である。

文献

- 久保深雪・聖代橋史佳・吉田誠 (2014) 「ナス品種 ‘サラダ紫’ の F1 純度検定用 SSR マーカーの選定と品種判別」『神奈川県農業技術センター研究報告』第 159 号: 10-14.
- Kumar S, Stecher G, and Tamura K (2016) MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*. doi: 10.1093/molbev/msw054.
- Peakall, R and Smouse PE (2012) GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28: 2537-2539.

〔平成 30 年 6 月 30 日受付〕
〔平成 30 年 7 月 10 日受理〕

Research on Traditional Vegetables in Akita Phylogenic Analysis of Round Eggplants with SSR Markers

Kenji Sakurai¹, Hidekazu Takahashi¹, Yasunori Yoshida², Hiroomi Kanda², Nobuichi Tsubaki³

¹ *Department of Biological Production, Faculty of Bioresource, Akita Prefectural University*

² *Department of Agribusiness, Faculty of Bioresource, Akita Prefectural University*

³ *Agriculture Experimental Station, Akita Prefecture*

Akita prefectural authorities have compiled a list of 30 cultivars of native vegetables that are defined as those locally grown over a long time and hence closely related to the cuisine traditional to the area. Indigenous Akita vegetables include three eggplant cultivars (*Solanum melongena* L.) that produce round-shaped fruits: 'Aratokoro-nasu,' 'Sekiguchi-nasu,' and 'Senbokumaru-nasu.' The authors of this paper analyzed the genetic relationship between the domestic round eggplants along with their morphological traits and SSR markers. 'Sekiguchi-nasu' and 'Senbokumaru-nasu' appear to be true-breeding because all the analyzed plants of those cultivars exhibited the same homozygous genotypes in 10 SSR markers. However, 'Aratokoro-nasu' might lack genetic stability because some samples of this cultivar produced medium to long type fruits and exhibited different genotypes and heterozygotes in a few SSR markers. Phylogenic analysis performed using the 10 SSR markers revealed that 'Aratokoro-nasu' is genetically closely related to 'Aizumaru-nasu,' 'Hata-nasu,' and 'Kamo-nasu' cultivar that originated from Fukushima-prefecture, Yamagata-prefecture, and Kyoto-prefecture, respectively. 'Sekiguchi-nasu' and 'Senbokumaru-nasu' were, however, genetically positioned further away from the other analyzed round eggplant cultivars.

Keywords: traditional vegetables, Akita prefecture, heirloom crops, *Solanum melongena*, round eggplant, SSR marker, phylogenic analysis