

Identification of QTLs controlling chilling and heat requirements for dormancy release and bud break in Japanese apricot (*Prunus mume*)

Yuto Kitamura^{1,2}, Tsuyoshi Habu³, Hisayo Yamane¹, Soichiro Nishiyama¹, Kei Kajita¹, Takuya Sobue¹, Takashi Kawai⁴, Koji Numaguchi², Tetsuya Nakazaki⁴, Akira Kitajima⁴ and Ryutaro Tao¹

¹Graduate School of Agriculture, Kyoto University, Kyoto, Japan

²Japanese Apricot Laboratory, Wakayama Fruits Experimental Station, Minabe, Wakayama, Japan

³Faculty of Agriculture, Ehime University, Matsuyama, Japan

⁴Experimental Farm, Graduate School of Agriculture, Kyoto University, Takatsuki, Japan

Abstract

Bud dormancy is an important developmental stage affecting blooming date and leafing date (LD) in Japanese apricot (*Prunus mume*), but the genetic factors controlling the chilling requirement (CR) and heat requirement (HR) for dormancy release and bud burst time remain to be elucidated. Here, a quantitative trait locus (QTL) analysis using two F₁ segregating populations was conducted to identify loci affecting these traits. The genotyping-by-sequencing technique was used to construct two high-density genetic maps, one for NKSC, a population derived from high-chill ‘Nanko’ crossed with low-chill ‘SC’, covering 660.2 cM with 408 markers, and one for NINK, a population derived from low-chill ‘Ellching’ crossed with ‘Nanko’, covering 1314.2 cM with 718 markers. We observed four traits: CR and HR for dormancy release, blooming date, and LD over several years. To identify the QTL controlling the downregulation of *DORMANCY-ASSOCIATED MADS-box6* (*PmDAM6*) in January’s leaf buds, in which *PmDAM6* could act as a dose-dependent inhibitor of bud break, its transcript levels in leaf buds were determined. All traits segregated in the analyzed seasons in both populations. For leaf bud dormancy, CR and LD were highly correlated across years and traits in the NKSC population, while HR, LD, and *PmDAM6* expression were highly correlated in the NINK population. The QTL analyses localized the significant QTLs controlling leaf bud CR and HR, LD, and *PmDAM6* expression in leaf buds to a region in linkage group 4, which suggests that this locus controls dormancy release, bud break, and *PmDAM6*’s downregulation in Japanese apricot leaf buds.

ウメ休眠芽の低温および高温要求量、ならびに萌芽を制御する QTL の同定

ウメにおける芽の休眠現象は開花期および萌芽期に影響を与える重要な生育ステージであるが、休眠覚醒に必要な低温および高温要求量や、萌芽期を制御している遺伝要因は未だ解明されていない。ここでは、これらの形質に影響を与える遺伝子座を特定するため、F₁分離集団を用いた量的形質遺伝子座 (QTL) 解析を行った。高密度遺伝地図の構築には genotyping-by-sequencing 法を用い、多低温要求性‘南高’と少低温要求性‘SC’との交雑に由来する NKSC 集団においては 408 マーカーからなる 660.2cM、少低温要求性‘二青’と‘南高’との交雑に由来する NINK 集団においては 718 マーカーからなる 1314.2cM の連鎖地図を構築した。各集団の低温要求量、高温要求量、開花日および萌芽日を数年間観察するとともに、萌芽の量的依存阻害因子である *DORMANCY-ASSOCIATED MADS-box6* (*PmDAM6*) 遺伝子の発現低下を制御する QTL を特定するため、1 月の葉芽におけるその転写産物量を測定した。全ての形質値は両集団で分離が見られた。葉芽の休眠に関して、NKSC 集団では低温要求量および萌芽日は強い年次相関および形質間相関を示したが、NINK 集団では高温要求量、萌芽日および *PmDAM6* 発現量の間強い相関が見られた。QTL 解析では葉芽の低温および高温要求量、萌芽日および葉芽の *PmDAM6* 発現量に関する有意な QTL が第 4 連鎖群の同一領域に検出されたため、この遺伝子座がウメの葉芽における休眠覚醒、萌芽および *PmDAM6* の発現低下の制御に関与していることが示唆された。