

## Estimation of demographic history of Japanese and Taiwanese populations in *Prunus mume* using SSR marker genotypes

Koji Numaguchi<sup>1,2</sup>, Yuto Kitamura<sup>2</sup>, Ryo Ishikawa<sup>1</sup> and Takashige Ishii<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Graduate School of Agricultural Science, Kobe University (1-1 Rokkodai, Nada-ku, Kobe 657-8501, Japan)

<sup>2</sup>Japanese Apricot Laboratory, Wakayama Fruit Tree Experiment Station (1416-7 Higashi-Honjo, Minabe, Wakayama 645-0021, Japan)

### Abstract

*Prunus mume* Sieb. et Zucc. (conventionally called Japanese apricot, Chinese mei and mume) is a deciduous fruit tree species in the genus *Prunus*. More than 300 *P. mume* cultivars are distributed mainly in East Asia, including Japanese fruit, small-fruit and ornamental cultivars and Taiwanese cultivars. In order to estimate demographic history of three Japanese and one Taiwanese subpopulations, approximate Bayesian computation analysis was carried out using 20 SSR genotype datasets of 53 cultivars (20 fruit, 8 small-fruit, 20 ornamental and 5 Taiwanese cultivars). At first, the best fitting model (posterior probability: 0.501) was estimated among six probable scenarios, and median values of demographic parameters were computed. The generation time for *P. mume* cultivars was assumed to be seven years (full reproductive age) for time conversion. In the best scenario, Japanese and Taiwanese populations had first diverged at 10360 (95% confidence interval (CI): 2079-56910) years ago, followed by the separation of ornamental cultivars among Japanese populations at 3633 (95% CI: 1218-12740) years ago, and final differentiation between fruit and small-fruit cultivars at 2387 (95% CI: 623-6258) years ago. Although the divergence times were roughly estimated, the results suggest that Japanese and Taiwanese populations were separated through the geographic isolation with different climate conditions, and ornamental, fruit and small-fruit cultivars were recently differentiated based on human preference in Japan.

### SSR マーカー遺伝子型に基づく日本と台湾のウメの過去の集団動態の推定

ウメ (*Prunus mume*) は *Prunus* 属の果樹であり、300 以上の品種が東アジアを中心に分布しているが、日本の実ウメ、小ウメ、花ウメおよび台湾由来のウメもこれらに含まれる。そこで、日本と台湾のウメの過去の集団動態を推定するために、53 品種 (実ウメ 20 品種、小ウメ 8 品種、花ウメ 20 品種、台湾 5 品種) の SSR マーカー 20 座における遺伝子型のデータセットに基づき、近似ベイズ計算 (approximate Bayesian computation) を用いた解析を行った。まず、6 つの起こりうる分岐シナリオから最適モデル (事後確率 0.501) を推定し、そのモデルの集団動態に関するパラメーターの中央値を算出した。また、ウメの世代時間を 7 年 (生殖可能年齢) と仮定し、世代数を年代に換算した。最適モデルでは、日本と台湾の集団が 10360 年 (95%信頼区間: 2079-56910 年) 前に初めに分岐し、その後 3633 年 (95%信頼区間: 1218-12740 年) 前に日本の集団から花ウメが分かれ、最終的に 2387 年 (95%信頼区間: 623-6258 年) 前に実ウメと小ウメが分化したと推定された。これらの分岐年代は粗く推定されたものであるが、異なった気候条件を伴う地理的隔離により日本と台湾のウメが分化し、その後日本で人の用途に応じて花ウメ、実ウメ、小ウメが最近分化したことを示唆する結果となった。