

# 国内保有マンゴー遺伝資源の多様性および品種特性

## Genetic diversity and characteristics of mango genetic resources in Japan

国際農研および沖縄県農業研究センターで保存されているマンゴー遺伝資源120点は、SSRマーカーによる系統および遺伝的多様性の解析により、重複を除いた83の異なる遺伝子型に区別され、育成地を反映する3つのグループに分かれる(図1)。世界各国に由来するこれらの遺伝情報および品種特性情報は、品種利用の促進や多様性比較の基盤として活用できる。国際農研が保有する遺伝資源のうち、熱帯・島嶼研究拠点(沖縄県石垣島)での栽培で開花・結実した62品種について栽培・果実特性を調査し、品種情報を提供するデータベース「JIRCASマンゴー遺伝資源サイト」として公開している(図2)。

A total of 120 mango genetic resources conserved at JIRCAS and Okinawa Prefectural Agricultural Research Center, covering almost all mango cultivars in Japan, were analyzed using 46 polymorphic simple sequence repeat (SSR) markers for cultivar identification and genetic diversity. Mango genetic resources conserved in Japan were distinguished into 83 identical cultivars. Genetic diversity analyses revealed three distinct clusters reflecting their origins (Fig. 1). Information on variety characteristics of 62 cultivars conserved at JIRCAS-TARF (Ishigaki, Okinawa) with flowering, harvesting, and fruit quality data were published on the website titled “JIRCAS Mango Genetic Resources Site” (Fig.2).

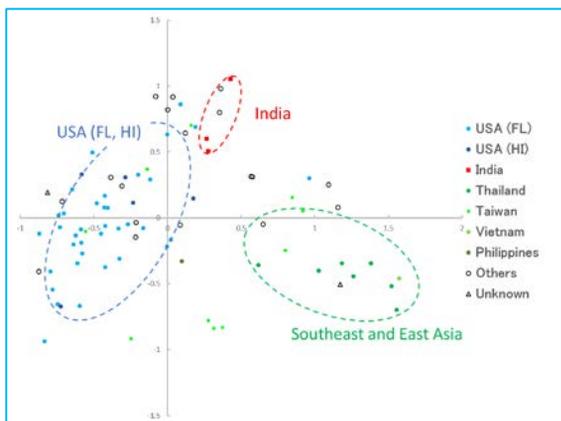


図1 国内保有マンゴー遺伝資源83品種のSSRマーカーに基づく主座標分析結果  
育成地に基づく3つのグループ(点線囲み)に大別される

Fig. 1. A scatter plot showing the result of PCoA based on SSR marker analysis for 83 accessions of mango genetic resources in Japan. Three groups based on the origins were found (dotted circles).

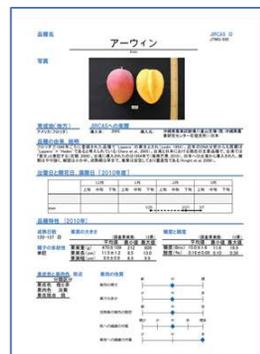


図2 国際農研が保有するマンゴー遺伝資源(左)、「JIRCASマンゴー遺伝資源サイト」トップページ(中央)および品種特性情報ページ(右)  
Fig. 2. Mango genetic resources conserved at JIRCAS (left), a screenshot of the top page of the “JIRCAS Mango Genetic Resources Site” (center), and a linked page on the website, showing important information on mango variety characteristics (right).

<https://www.jircas.go.jp/ja/database/mango/mango-top>