

リョクトウにおける二次的収量構成要素の遺伝解析

Gul S. S. Khattak¹⁾ · Muhammad A. Haq²⁾ · Muhammad Ashraf³⁾ · Abdul J. Khan¹⁾ · Roshan Zamir¹⁾

(¹⁾Nuclear Institute for Food and Agriculture, Pakistan, (²⁾Nuclear Institute for Agriculture and Biology, Pakistan, (³⁾Department of Botany, University of Agriculture, Pakistan)

リョクトウの2作期(秋, 春夏)において個体当たりの分枝数, 個体当たりの莢群数, 莢群当たりの莢数, 莢長, 全重および収穫指数について, エピスタシスを検出し, 遺伝変異の相加的および優性的要素を推定するために3重検定交配を行った. その結果, 秋作期ではエピスタシスが認められる形質はなかったが, 春夏作期では個体当たりの莢群数と全重にエピスタシスを認めた. エピスタシスを分割した結果, i-タイプ(相加×相加), j-タイプ(相加×優性), およびl-タイプ(優性×優性)の相互作用とも有意であったが, 個体当たりの莢群数と全重に関するi-タイプの相互作用が顕著であった. 秋作期における個体当たりの

莢群数と全重および春夏作期における莢群当たりの莢数に高い有意な相加および優性遺伝子効果を認めた. 2作期における全ての形質において相加分散の方が大きかったが, 春夏期における莢群当たりの莢数と莢長では相加分散より優性分散が大きかった. 個体当たりの莢群数は少ない, 莢サイズは小さい, 収穫指数は大きい方向が優性であった. 調査形質のほとんどでi-タイプの相互作用および相加的遺伝子作用が顕著であったことは, 分離集団の後期世代での選抜がリョクトウの収量向上にとって有効であることを示している.

Breeding Science 52: 235-241 (2002)

画像解析ならびに楕円フーリエ記述子を用いたカンキツ葉形質における遺伝子型×環境交互作用の評価

岩田洋佳¹⁾ · 根角博久²⁾ · 二宮正士¹⁾ · 高野 泰³⁾ · 鶴飼保雄³⁾

(¹⁾中央農業総合研究センター, (²⁾果樹研究所, (³⁾東京大学大学院・農学生命科学研究科)

カンキツ品種の葉の形と大きさの変異ならびにそれら変異における遺伝子型×環境交互作用の評価を行った. 形は楕円フーリエ記述子の主成分得点により量的に評価され, 大きさは面積および周囲長として計測された. 第1~4主成分は, 形の変動の90%以上を説明し, それぞれ長幅比, 重心位置, 曲がり, 丸みの度合いを評価していた. 9品種を用いたデータについての枝分かれ分散分析により, 第1, 2, 4主成分において評価される特徴において遺伝的制御が示された. 7遺伝子型×8試験地のデータで遺伝子型×環境交互作用解析を行った結果, 第1,

2, 4主成分において交互作用が有意であった. これら交互作用は結合回帰モデルにはほとんどあてはまらず, 相加主効果相乗交互作用モデルでよく説明され, 交互作用主成分得点は, 安定性指数と高い相関が見られた. 本研究において得られた結果から, 形では大きさと異なり遺伝子型が主な変動要因であり, 遺伝子型×環境交互作用の寄与は, 形と大きさの両方において1%水準で有意であったものの比較的重要性が低いと判断した.

Breeding Science 52: 243-251 (2002)

タバコの Potato Virus Y 抵抗性育種における DNA マーカーの利用と “Background Selection”

田島智之¹⁾ · 野口総一郎¹⁾ · 田上 渉¹⁾ · 根岸秀明¹⁾ · 中川路俊昭²⁾ · 大野隆弘²⁾

(¹⁾日本たばこ・葉たばこ研究所, (²⁾日本たばこ・鹿児島葉たばこ技術センター)

新規ソース, Kerti No. 1, に由来するジャガイモウイルス Y (PVY) 抵抗性遺伝子 (*va/va*) を商業品種, Coker 319, へ導入することを目的としたタバコの戻し交雑育種において, DNA マーカーを用いた background selection の有用性を検証した. Coker 319 に対する多型解析により, Kerti No. 1 の遺伝的背景に特異的な 10 RAPD (randomly amplified polymorphic DNA) および 76

AFLP (amplified fragment length polymorphic) マーカー (background marker) を同定し, これらを *va* に連鎖していない遺伝子座における background selection に用いた. *va* 座上染色体における background selection のために *va* の両側に位置する 2 つの linkage marker を利用した. BC₁, BC₂ および BC₃ ではそれぞれ 200 個体について background marker による調査選抜を行い, BC₃S₁

では300個体について background marker と linkage marker による調査選抜を行った。たった3回の戻し交雑と1回の自殖により、86 background marker および2 linkage marker 座位のすべてが recipient 型である個体が出現した。この個体に由来する CKM1 (BC₃S₂) は、種々の特性(収量、葉数、葉幅葉長、成熟期および乾燥過程における葉色変化など)において Coker319 とほとんど同一であった。さらに、CKM1 は喫味試験において香りおよび味ともに Coker319 と同様であった。これらの結果は、

CKM1 の遺伝的背景が Coker319 とほとんど同一であり、DNA marker を用いた background selection がタバコの育種プログラムの進捗を大きく促進することを示した。CKM1 は、他のソースの PVY 抵抗性を利用した場合に認められる、linkage drag に起因したどんな negative effects も示さなかった。Kerti No. 1 はタバコ育種において最も優れた PVY 抵抗性ソースであることが明確となった。

Breeding Science 52: 253-257 (2002)

イネのシンク容量および登熟特性に関連する量的形質遺伝子座

長田健二¹⁾・福田善通²⁾・清水博之³⁾・八木忠之⁴⁾・寺尾富夫⁴⁾

(¹⁾東北農業研究センター, ²⁾国際稲研究所, ³⁾北海道農業研究センター, ⁴⁾中央農業総合研究センター・北陸研究センター)

イネの収量はシンク容量と登熟歩合の積に比例するが、この二つの形質間には一般に負の相関関係が認められる。そこで量的形質遺伝子座(QTL)解析により両形質に関連する遺伝子座を推定し、シンク容量と登熟歩合を独立して制御する遺伝子座の存在を調べた。いずれも半矮性インド型品種と日本型品種の交配により得られた、密陽23号(インド型)/アキヒカリ(日本型)組換え自殖系統群(RILs)とササニシキ(日本型)/ハバタキ(インド型)//ササニシキ///ササニシキ戻し交配自殖系統群(BCILs)を試験に用いた。それぞれRILsは1997(供試世代F₇, 系統数191)および1998年(F₈, 72), BCILsは1998(BC₂F₄, 85)および1999年(BC₂F₅, 85)の各2か年ずつ調査を行った。シンク容量の大小に関わる一穂穎花数に関連するQTLが第1および第6染色体上に検出された。両QTLともインド型品種由来の対立遺伝子により一穂穎花数が増加したが、第1染色体上のQTL

では同時に一株穂数や登熟歩合が相殺的に減少した。いっぽう、第6染色体上のQTLではそのような減少作用は認められなかった。一穂穎花数に対する第1染色体上のQTLの効果は主に穂の二次枝梗数に由来したのに対し、第6染色体上のQTLの効果は主に一次枝梗数に由来していた。また、第6染色体上のQTLは乾物生産量にも関連する傾向が認められた。以上の結果より、第6染色体上のQTLではインド型品種由来の対立遺伝子が登熟能力が高いとされる一次枝梗着生穎花数を増加させ、さらに乾物生産量も増加させる傾向にあるため、シンク容量の増加に対する登熟歩合の低下が生じないものと推察された。またRILsにおいては不完全登熟粒の発生率に関連するQTLが第11および第12染色体上に検出され、インド型品種由来の対立遺伝子がシンク容量とは無関係に登熟性を向上させた。

Breeding Science 52: 259-273 (2002)

イネの葉鞘および稈の非構造的炭水化物蓄積量に関連する量的形質遺伝子座とその登熟性に及ぼす影響

長田健二¹⁾・清水博之²⁾・寺尾富夫³⁾

(¹⁾東北農業研究センター, ²⁾北海道農業研究センター, ³⁾中央農業総合研究センター・北陸研究センター)

イネの葉鞘および稈の非構造的炭水化物(NSC)蓄積量に関連する量的形質遺伝子座(QTL)の推定を行い、登熟性との関係を調べた。半矮性インド型品種と日本型品種の交配により得られた、ササニシキ(日本型)/ハバタキ(インド型)//ササニシキ///ササニシキ戻し交配自殖系統群85系統を1998年(供試世代BC₂F₄)および2000年(BC₂F₆)の2年間供試した。出穂時の葉鞘および稈のNSC蓄積量に関連するQTLが第1, 4, 5, 7, 11および第12染色体上で検出された。第1染色体上のQTLではササニシキ型の対立遺伝子が、それ以外のQTLではハバタキ型の対立遺伝子がそれぞれNSC蓄積量を増加させた。このうち、第7および第12染色体上のQTLは到穂日数にも強い作用を示

したことから、これらのQTLは幼穂形成期間中の環境条件を通してNSC蓄積量に作用しているものと推察された。また、第1染色体上のQTLはこれまでに報告した、一穂穎花数に強く関連するQTLと同じ領域に検出され、穎花数の増加にともなってNSC蓄積量が減少し、不完全登熟粒の発生率が増加した。これに対し、第5および第11染色体上のQTLには到穂日数や穎花数との関連は認められず、ハバタキ型の対立遺伝子がNSC蓄積量を増加させると同時に、不完全登熟粒の発生率を減少させる傾向にあった。

Breeding Science 52: 275-283 (2002)

ダイズβ-コングリシニンのαサブユニットをコードする遺伝子の多様性とαサブユニットの発現

吉野道子¹⁾・金澤 章¹⁾・堤 賢一²⁾・中村郁郎³⁾・高橋浩司⁴⁾・島本義也¹⁾

(¹⁾北海道大学大学院・農学研究科, ²⁾岩手大学・農学部, ³⁾千葉大学・園芸学部, ⁴⁾作物研究所)

我々はダイズβ-コングリシニンのαサブユニットと構造的に密接に関連した2つの遺伝子を同定しているが、これらの遺伝子はダイズのゲノム中に約2.5 kb 離れて隣接して存在する。このうちの1つはαサブユニットをコードし、もう一方はαサブユニット遺伝子に酷似している(“α-関連遺伝子”と呼ぶ)。α-関連遺伝子がαサブユニットを発現するのかを明らかにするため、サブユニットタンパク質の発現量が異なるダイズ品種間で、2つの遺伝子を含む染色体DNA領域の構造解析を行った。その結果、いくつかの品種でαサブユニット遺伝子もしくはα-関

連遺伝子の欠失が明らかになった。毛振はα'サブユニット遺伝子を欠失していることが知られている品種であるが、さらにα-関連遺伝子をも欠失していた。一方、αサブユニット遺伝子は秣食豆公503、刈系434号で欠失していた。これらの構造解析から、少なくとも秣食豆公503と刈系434号では、αサブユニット遺伝子を持たないにもかかわらずαサブユニットを発現しており、α-関連遺伝子がαサブユニットを発現することが示された。

Breeding Science 52: 285-292 (2002)

低酸化還元電位下での水稻幼苗成長の品種間差異

飯村敬二・阿部利徳・笹原健夫

(山形大学・農学部)

水稻の直播栽培において、幼苗は貧酸素濃度およびそれに伴う低還元環境にさらされ、苗立ち率の低下を招く。本研究では、貧酸素・低還元溶液で、水稻種子の苗立ち率の1つの指標である、茎長と種子根長を測定して、還元抵抗性を示す品種の系譜に関して推察した。材料は、育成年が世紀に渡る12品種を供試した。還元ストレスは-150~180 mVに調整した還元液を用いることで、また、温度ストレスは18°Cで培養する事で幼苗に付与された。約1~2 cmに芽だした幼苗は、18°C・30°Cの各温度条件で、それぞれ2日間還元処理し(還元処理区)、

続いて、蒸留水に移し、同じ温度で3日間還元回復の程度を検討した(還元回復区)。芽だし前処理区・還元処理区・還元回復区の茎長および根長を測定した。コントロールは、低還元液を蒸留水に置き換えて、各温度で同様の操作をした。30°Cにおいては、還元処理区と回復区との間に相関が見られた。高い還元耐性は、相関のあった近年育成品種群の中の藤坂5号に由来するものと推察された。しかし、18°Cにおいては、還元と回復の違いは小さかった。

Breeding Science 52: 293-297 (2002)

イネにおける穂の形態に関与する主働遺伝子 *Ur1* (*Undulate rachis1*) が収量とその関連形質に及ぼす作用

村井正之¹⁾・佐藤茂俊²⁾・永山敦士¹⁾・石井宣行¹⁾・伊橋佐土海¹⁾

(¹⁾高知大学・農学部, ²⁾琉球大学・農学部)

イネの主働遺伝子 *Ur1* は、1, 2次枝梗の湾曲によって特徴づけられ、2次枝梗数と2次枝梗当り穎花数の増加によって1穂穎花数を増加する作用を有する。台中65号(Tと略称)を反復親に用いて育成した *Ur1* または *sd1* (*dee-geo-woo-gen dwarf*) に関する同質遺伝子系統(Uまたはd)、および、*Ur1* と *sd1* の両方を有する同質遺伝子系統(u)が、供試された。さらに、T×Uならびにd×uの交雑を行い、それぞれのF₁をHならびにhと略称した。すなわち、u, h, dまたはU, H, Tは、*sd1*を有する短稈型または長稈型における *Ur1*/*Ur1*, *Ur1*/+ および +/+型である。こ

れらは、単一の肥料水準で2000年に栽培され、収量(精玄米重/m²)などが調査された。1穂穎花数においては、6遺伝子型はu=U>h≥H>T>dの順であり、分散分析によると *Ur1* の効果は有意であった。登熟歩合における6遺伝子型の大小関係は、1穂穎花数のそれとは逆であった。千粒重では、U≒u≤h≤H≤d<Tの順であった。穂数/m²では、*Ur1* の効果は有意でなかった。収量における *Ur1* の効果は有意であり、uとhはdに比べて、また、UとHはTに比べて多収であった。なお、hは、6遺伝子型中で最も多収であった。シンクサイズ-2(1粒重×受精

穎花数/m²は、収量と高い相関を示した。穂揃期のLAIと葉重/m²においては、6遺伝子型間に有意差はなかった。成熟期全重においては、短稈の3遺伝子型は、 $h \geq u \geq d$ ($h > d$)の順であった。収穫指数では、 h と u は d より高かった。1998年(3肥料水準)においても同様な結果が得られた。以上より、 U_{r1} は、1

穂穎花数の増加によってシンクサイズを拡大し、収量を増加させることができる。 U_{r1} は、多収品種育成のために有用であり、また、 U_{r1} ヘテロ型としてF₁品種の育成に利用できると考えられる。

Breeding Science 52: 299-307 (2002)

半数体倍加系統を用いた酒米の生育および玄米の特性に関するQTL解析

吉田晋弥¹⁾・池上 勝¹⁾・久世淳子²⁾・澤田桂子³⁾・橋本善太郎³⁾・石井尊生³⁾・中村千春^{2,3)}・上島脩志^{2,3)}

(¹⁾兵庫県立農林水産技術総合センター、²⁾神戸大学・自然科学研究科、³⁾神戸大学・農学部)

酒米品種は、大粒で心白を有する点に特徴がある。そこで、酒米における玄米の特性に関する量的形質遺伝子座(QTL)を明らかにするため、レイホウ(一般食用品種)と山田錦(酒米品種)の交雑F₁の葯培養に由来する半数体倍加系統を作成した。また、両親品種間で、RAPD、AFLPおよびSSRマーカーによりDNA多型を解析した結果、合計145の多型バンドが観察できた。生育特性、玄米の形状並びに成分含有率等醸造特性に関する諸形質について、QTL解析を行った結果、玄米形状の諸特性の関係では、粒幅や粒厚のQTLが粒重にも影響する場合が多かったのに対して、粒長は、粒重への影響が小さく、その他の粒形に関するQTLとも独立して検出された。一方、腹白粒率は、粒幅および粒厚との関係が認められたが、心白発現は、粒形等との関連が認められなかった。タンパク質含有率については、玄米および精白米、双方で検出される複数のQTLが確認され、

玄米タンパク質含有率で最も効果の大きかったQTLは、穂数に関するQTLとともに、第11染色体上の同一のマーカー(RM206)の近傍で検出された。一方、第4染色体上の精白米中のタンパク質含有率に関するQTLは、玄米タンパク質含有率に関して効果が認められなかった。さらに、このQTLは、粒長に関するQTLとともに同一のマーカー(RM255)の近傍に検出されており、精米特性との関連が示唆される。しかし、粒長に関する最も効果の大きい第11染色体上のQTLに関しては、白米タンパク質含有率への影響が認められず、第4染色体上の白米タンパク質含有率および粒長に対して影響を有するQTLは、精米特性に関する玄米粒の構造あるいは、貯蔵タンパク質の粒内分布への関与が示唆される。

Breeding Science 52: 309-317 (2002)

イネの日印交雑に由来する染色体部分置換系統シリーズ

久保貴彦^{1,2)}・相田裕子¹⁾・中村桂子¹⁾・常松浩史^{1,3)}・土井一行¹⁾・吉村 淳¹⁾

(¹⁾九州大学・農学部、²⁾現：九州大学・熱帯農学研究センター、³⁾現：国際農林水産業研究センター)

染色体の一部分を他種の染色体で置換した染色体部分置換系統は、均一な遺伝的背景をもつことから、量的形質を対象とした遺伝分析において有効な実験材料となる。本研究では、正逆をなす2つの染色体部分置換系統シリーズとして、インド型イネを遺伝的背景とする日本型イネの染色体部分置換系統シリーズ(IAS)と、日本型イネを遺伝的背景とするインド型イネの染色体部分置換系統シリーズ(AIS)の作出を行った。材料には、日本型品種あそみのりとインド型品種IR24、およびこれらの交雑に由来する組換え自殖系統群(RILs)を用いた。RILsにIR24、ならびにあそみのりをそれぞれ連続戻し交配し、2つの遺伝的背景をもつ戻し交雑集団を育成した。得られた戻し交雑集団において、ゲノム全体に分布するRFLPマーカーを用いた選抜(marker-assisted selection; MAS)を行い、目的とする染色体領域のみが供与親の染色体断片に置換され、かつ反復親の均一な遺伝的背景をもつ個体を選んだ。IR24にあそみのりの染色体断片を導入した染色体部分置換系統シリーズIASは、BC₃F₁世代とBC₂F₁世代において、47マーカーと69マーカーを用い

たMASを行い、BC₂F₂集団から最終的な候補個体を選抜した。一方、あそみのりにIR24の染色体断片を導入した染色体部分置換系統シリーズAISについては、BC₃F₁世代まで無選抜で戻し交配を進めた。BC₃F₁では、116マーカーを用いた遺伝子型の調査を行い、自殖後代BC₃F₂において対象領域の遺伝子型を調べて候補個体を決定した。結果として、IASシリーズとなる候補個体70個体と、AISシリーズとなる91個体を選抜した。得られた2つの染色体部分置換系統シリーズは、各系統がもつ置換断片が重複しながら供与親の全ゲノム領域をほぼ包含した。それぞれの置換系統シリーズの反復親への固定度は平均92.7%と91.4%であり、ヘテロ型の領域が4.6%と4.9%であった。供与親の染色体断片は、系統当たりそれぞれ平均2.1箇所と1.7箇所あり、目的とするゲノム領域以外にも若干の置換断片が残されていた。また、置換系統の形質特性の調査を行った結果、出穂期や粒形のQTLに関して、単一遺伝子としてその位置と効果を明らかにすることができた。あそみのりとIR24の交雑に由来する組換え自殖系統群(RIA)と本置換系統シリ

ズとの整備により、複雑遺伝形質を対象とした遺伝子座の同定から遺伝子単離までの一連の実験系が確立された。

Breeding Science 52: 319-325 (2002)

ジャガイモそうか病抵抗性生食用ばれいしょ品種「ユキラシャ」の育成

小林 晃・森 元幸・高田明子・津田昌吾・高田憲和¹⁾・梅村芳樹・中尾 敬²⁾・吉田 勉³⁾・木村鉄也⁴⁾・米田 勉⁵⁾
(北海道農業研究センター,¹⁾現：種苗管理センター・十勝農場,²⁾現：長崎県総合農林試験場・愛野馬鈴薯支場,³⁾現：農林水産省生産局,⁴⁾現：種苗管理センター,⁵⁾現：種苗管理センター・雲仙農場)

「ユキラシャ」はジャガイモそうか病抵抗性を持つ生食用品種育成を目標として、1991年にそうか病抵抗性品種「Early Gem」を母、高でん粉系統「86002-100」を父として交配採取した種子集団より選抜された系統である。翌年そうか病汚染圃場で実生個体選抜試験を行い、以降選抜を進め、そうか病抵抗性検定試験、生産力検定試験、系統・地域適応性検定試験、奨励品種決定基本調査、現地試験等を経て2000年に、北海道の奨励品種として採用され、「ユキラシャ」として命名登録された。茎長は「男爵薯」よりも長く「農林1号」よりも短かった。茎は緑色で、葉は淡緑色、草姿は中間型であった。いもは楕円体で表皮は粗く、土壌および生育環境により、ラセット皮が発現した。皮は褐色、肉は白色、目は浅かった。萌芽期および黄変期は、ともに「男爵薯」より遅く、熟期は中早生であった。収量は「男爵薯」比で110%、「農林1号」比で91%、平均1個重は99gであった。

いもの休眠期間は「男爵薯」の90日に対して131日と極めて長く、貯蔵性に優れていた。塊茎の二次生長は無いが、生長中に裂開が多少認められた。褐色心腐および中心空洞の発生は「男爵薯」より少なかった。でん粉価は16.2%、塊茎中のグリコアルカロイド含量は生いも100g当たり2.9mgであった。剥皮後褐変、調理後黒変は少なかった。調理後の肉質はやや粉質で煮崩れしやすかった。ジャガイモそうか病に対しては、「男爵薯」よりもかなり強く、抵抗性品種「Early Gem」および「Cherokee」よりも強い抵抗性を示した。粉状そうか病抵抗性も有していた。ジャガイモシストセンチュウ抵抗性、Yモザイク病抵抗性および疫病圃場抵抗性は有していなかった。「ユキラシャ」は強度のそうか病抵抗性を有していたため、ジャガイモそうか病発生地帯において「男爵薯」の替わりに栽培できると考えられる。

Breeding Science 52: 327-332 (2002)

迅速かつ信頼性の高いパパイヤ (*Carica papaya* L.) の性診断法

浦崎直也¹⁾・太郎良和彦¹⁾・上原 司¹⁾・知念 功²⁾・寺内良平³⁾・徳元正和¹⁾
(¹⁾沖縄県農業試験場,²⁾琉球大学,³⁾岩手生物工学研究センター)

パパイヤは雄、雌および両性の3つの性表現型を持つ雌雄異株植物である。パパイヤの性は結実性と直結するが、花が咲くまで形態による判断ができないため、1箇所に複数本仮定植し、開花後に結実する株を残す栽培法がとられている。この方法では、育苗コストや栽培コストがかさむため、実生苗の性診断法の開発が待たれていた。本報では、RAPD法により開発した雄及び両性株特異的マーカー(性識別マーカー)を利用し、迅速かつ信頼性の高いパパイヤの性診断法を開発した。優性の性識別マーカーを利用した診断では、時に偽陰性の問題に悩まされる。すなわち、被検植物が雌株ではないにも関わらず、鋳型DNAの質または量が適切でないためにマーカーが増幅されないこと

がある。そこで、パパイヤの遺伝子を内部コントロールとして設定し、Multiplex-PCRによる性識別マーカーとパパイヤ遺伝子の同時増幅を行った。これにより雄および両性株には性識別マーカーとパパイヤ遺伝子の二つの増幅断片が、そして雌株にはパパイヤ遺伝子のみが増幅されるので偽陰性の問題を解決することができる。また、性識別マーカーを用いた実生選抜の実用化に向けて迅速かつ簡便なDNA抽出法も開発した。本方法は標準的なCTAB法に比べてDNA抽出効率が劣るが、コストや簡便さに関しては非常に優れている。以上の方法を利用すれば、種苗会社や育種現場における大量の実生選抜が可能となる。

Breeding Science 52: 333-335 (2002)