

突然変異遺伝子の組み合わせにより作出した3種の新たな脂肪酸組成を持つダイズ系統

Shaikh Mizanur Rahman¹⁾・穴井豊昭¹⁾・木下剛仁²⁾・有馬 進¹⁾・高木 胖¹⁾

(¹⁾佐賀大学・農学部, ²⁾佐賀県農業試験研究センター)

新規の脂肪酸組成を持つ油脂を生産できるダイズ品種の作出は、食品産業に対して重要な意味を持つ。これまでに我々は、低パルミチン酸含量となる突然変異遺伝子 *fap1* および *sop1* を持つ LPKKC-3 系統、高パルミチン酸含量となる *fap2* および *fapx* を持つ HPKKC-7 系統、高オレイン酸となる *ol* 遺伝子ならびに低リノレン酸となる *fan* および *fanx*^a を持つ DHL 系統の作出を報告してきた。本研究では、これらの組み合わせから新しい脂肪酸組成を持つダイズ系統の作出を試み、3種類の異なる脂肪酸

組成を持つ系統を得た。このうち LPDHL 系統は、4.0% のパルミチン酸、51.0% のオレイン酸および 2.9% のリノレン酸、HPLL 系統は、22.5% のパルミチン酸、16.4% のオレイン酸および 2.7% のリノレン酸、MHPDHL 系統は、17.1% のパルミチン酸、41.8% のオレイン酸および 2.9% のリノレン酸という独特な脂肪酸組成を持つことが明らかとなった。

Breeding Science 54: 225-229 (2004)

韓国のチャの遺伝的多様性の解析と日本のチャとの関連

松元 哲¹⁾・切岩祥和²⁾・山口 聰³⁾

(¹⁾野菜茶業研究所, ²⁾静岡大学・農学部, ³⁾愛媛大学・農学部)

チャのカテキン合成に深く関与する遺伝子であるフェニルアラニンアンモニアリアーゼ (PAL) cDNA をプローブとする RFLP 解析により、韓国のチャの遺伝的多様性を検出し、日本のチャとの多様性の比較を行った。韓国では、9世紀ごろチャが中国から導入されたと考えられ、これらの後代が古い寺を中心に植栽されている。また、近年になって日本や台湾から導入されたチャによって茶畑が開発されている。本研究では、6箇所の古い寺に植栽されているチャと1つの茶園から得られた後代の297個体について、RFLP解析を行った。日本のチャのPALは、単一遺伝子座に3個の複対立遺伝子として検出される断片により構成され、これらの断片を用いて品種を6グループに分類できる。これに対して韓国の古寺に植栽されているチャ集団から、日本のチャの3個に加えて新たに7個の複対立遺伝子と推定される

断片が検出され、日本のチャに較べて遺伝的な多様性に富んだ集団であった。一方、韓国の茶園の12個体はいずれも日本のチャと同じタイプのRFLPパターンを示した。韓国のチャの解析で検出されたほとんどのDNA断片は、中国のチャでも検出されたものであった。また茶園が存在する地域には、日本から相当量の種子が茶園開拓のために送られた記録があり、解析した個体はこれらのチャの後代と考えられた。以上の結果から、韓国には古い時代に中国から導入されたチャと近代になって日本から持ち込まれたチャの2つのグループがあることが明らかになった。韓国のチャは、厳しい冬に適応しているだけでなく、日本と中国由来のチャの雑種集団が形成されている可能性も高いため、耐寒性を有し遺伝変異に富んだ有用な遺伝資源と考えられた。

Breeding Science 54: 231-237 (2004)

ナシとリンゴのSSRマーカーによるマルメロ品種の同定

山本俊哉¹⁾・木村鉄也²⁾・副島淳一¹⁾・眞田哲朗¹⁾・伴 義之¹⁾・林 建樹¹⁾

(¹⁾果樹研究所, ²⁾種苗管理センター)

ナシとリンゴで開発されたSSRマーカーが属の異なるマルメロ (*Cydonia oblonga*) の遺伝的同定に適用可能かどうかを検討した。用いた118種類のSSRマーカーのうち77マーカーが、1本もしくは複数本の再現性のあるバンドを生じ、マルメロで利

用できることが明らかとなった。マルメロで利用可能なSSRマーカーはナシ由来のものが20種類、リンゴ由来のものが57種類であった。マルメロ17品種を39種類の多型SSRマーカーを用いて解析した。その結果、合計122本の多型バンドで17品

種を12の遺伝子型に分けることができた。栄養繁殖によって異なる場所で維持されている「スミルナ」3系統と「かおり」の2系統はそれぞれ同一の遺伝子型を示した。用いたすべてのSSR座で、両親である「スミルナ」と「在来種」の推定対立遺伝子が矛盾なく子供の「かおり」に伝達されていたことから、「かおり」の親子関係が正しいことが確認された。遺伝的類似性を基に作成したフェノグラムでは、各品種は果実用および台木用の

2種類の用途にはほぼ対応して区分された。ほとんどの台木用マルメロを含む9品種間では、SSRフラグメントの差異が0~4本と小さく、遺伝的に非常に近縁であることが示唆された。SSRマーカーはマルメロ品種の同定に有効に利用できることが示された。

Breeding Science 54: 239-244 (2004)

イタリアンライグラスにおけるゲノミックRFLPマーカーのシーケンス解析およびSTS, SSRマーカーへの変換

井上真以子・才 宏偉

(日本草地畜産種子協会・飼料作物研究所)

イタリアンライグラスのゲノミックRFLPマーカーをSTSマーカーに変換するために、以前マッピングした93個のRFLPマーカーのエンドシーケンスを行った。その結果、87個のクロンでforwardとreverse両方向からのシーケンスが得られ、合計71個のコンティグが検出された。残りのクロンはフラグメントが長すぎるために全長シーケンスが得られなかった。BLAST検索の結果、16クロンについてイネおよび他の植物の既知のシーケンスと相同性が見られた。93クロンすべてについてSTSプライマーをOLIGOにて設計し、そのうち66個のプライマーは予期したサイズに増幅が見られた。また、繰

り返し配列を含む2クロンについてSSRプライマーを設計したところ、1クロンでSSRの増幅を確認した。設計した67個のSTSあるいはSSRプライマーのうち、イタリアンライグラスの近縁種であるペレニアルライグラス、メドウフェスク、トールフェスクで増幅が確認されたプライマーはそれぞれ57個(85%)、47個(70%)と55個(82%)であった。またイタリアンライグラスの品種内において40%のSTS(SSR)プライマーで多型が検出された。

Breeding Science 54: 245-251 (2004)

雲南省在来イネ品種昆明小白谷における生殖生長期の耐冷性を支配する量的遺伝子座の同定

戴 陸園^{1,2)}・林 興華²⁾・葉 昌榮¹⁾・伊勢一男³⁾・斎藤浩二⁴⁾・加藤 明⁴⁾・徐 福榮¹⁾・余 騰瓊¹⁾・張 端品²⁾

(¹⁾中国雲南省農業科学院・作物遺伝資源研究所, ²⁾中国華中農業大学, ³⁾国際農林水産業研究センター, ⁴⁾北海道農業研究センター)

中国雲南省の高度耐冷性在来イネ品種昆明小白谷に注目し、生殖生長期の耐冷性を支配する量的遺伝子座(QTL)をDNAマーカーによって同定した。昆明小白谷と日本品種トワダとの250個体の交雑F₂集団の分析に基づいて、122のマーカーによる全長1354.4cMの16連鎖群から成る地図が構築された。本F₂集団における区間マッピングによって耐冷性を支配する9個のQTLが検出された。これらのQTLは、第1および第6染色体に各2個、第3、第4、第7、第10および第12染色体に各1個分布していた。個々のQTLによって説明される分散の割合は5.0

~37.8%の範囲にわたり、全9個のQTLによって説明される分散の割合は合計54.2%であった。第3、第6および第7染色体の4個のQTLの有効性は、雑種F₃集団において各マーカーに関する分散分析法によって確認され、それらは*qRCT3*、*qRCT6a*、*qRCT6b*および*qRCT7*とそれぞれ命名された。*qRCT3*、*qRCT6a*および*qRCT6b*は、今回初めて報告されたQTLである。*qRCT7*は、命名されたQTLの中では最も大きな効果を示し、単独の説明率は20.6%に達した。

Breeding Science 54: 253-258 (2004)

相互転座系統を用いたイネ新晩生遺伝子の座乗染色体同定

Leang Hak Khun¹⁾・平岩正成¹⁾・佐藤茂俊¹⁾・本村恵二¹⁾・村山盛一¹⁾・安谷屋信一¹⁾・野瀬昭博²⁾・石嶺行男¹⁾

(¹⁾琉球大学・農学部, ²⁾佐賀大学・農学部)

準同質遺伝子系統 T65-LH1 はタイの陸稲品種 R300 を一回母本にし, 台中 65 号 (T65) で 8 回の連続戻し交雑を行って育成された系統である。同系統は T65 に比べて約 20 日出穂が遅く, 予備実験により一座位の晩生遺伝子が第 6 染色体に座乗すると考えられた。そこで T65-LH1 と第 6 染色体が関与する 7 相互転座系統との間で相互転座系統 /T65-LH1//T65-LH1 の交雑を行い, 得られた B₁F₁ 植物の出穂分布を調査し, 晩生遺伝子の座乗染色体の同定を試みた。また, T65-LH1 と *ef2(t)*, *ef3(t)* および *ef4(t)* の晩生遺伝子をそれぞれもつ T65-*ef2(t)*, T65-*ef3(t)* および T65-*ef4(t)* との間で交雑を行い, F₂ の出穂分布を調査し, T65-LH1 の晩生遺伝子とこれら 3 遺伝子の間の対立性検定を行った。4 つ

の相互転座系統では T65-LH1 の晩生遺伝子と転座点との間に連鎖関係は見られなかったが, 3 つの系統の転座点, すなわち 4-6, 6-7 および 6-8 との間でそれぞれ 3.2%, 4.3% および 3.4% の組換え価が得られ, 同遺伝子が第 6 染色体に座乗することが明らかとなった。一方, 対立性検定ではそれぞれの交雑で 9:3:3:1, 12:3:1 および 9:3:3:1 で出穂分離が見られ, T65-LH1 の晩生遺伝子は *ef2(t)*, *ef3(t)* および *ef4(t)* と独立であることが判明した。以上, T65-LH1 の晩生遺伝子はこれまで報告された他の遺伝子と異なっており, *ef5* と命名された。

Breeding Science 54: 259-263 (2004)

イネ系統 WSS2 が保有する紋枯病抵抗性に関する QTL 解析

佐藤宏之¹⁾・出田 収¹⁾・安東郁男¹⁾・國廣泰史²⁾・平林秀介¹⁾・岩野正敬³⁾・宮坂 篤⁴⁾・根本 博¹⁾・井辺時雄¹⁾

(¹⁾作物研究所, 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, ⁴⁾中央農業総合研究センター)

イネ系統 WSS2 は, ベトナムのインド型品種 Tectep 由来の紋枯病圃場抵抗性を保有する。本研究では, 日本型品種ヒノヒカリと WSS2 の交配に由来する BC₁F₁ (ヒノヒカリ /WSS2//ヒノヒカリ) 集団を対象に, SSR および STS マーカーを用いて紋枯病抵抗性に関する QTL 解析を行った。なお紋枯病の接種には, 和佐野ら (1983) によって考案された注射器接種法を用いた。解析の結果, 第 3 および 12 染色体上に紋枯病抵抗性に関する 2 つの QTL (*qSB-3* および *qSB-12*) を検出した。これら 2 つの QTL では, WSS2 由来の遺伝子が紋枯病抵抗性を付与する方向に働いていた。また, これら 2 つの QTL により, 表現型全分散の 29.6% が説明された。本集団において, 紋枯病抵抗性は従来の知見通

り, 稈長および出穂期と有意な相関を示した。稈長および出穂期に関与する複数の QTL のうち, 第 3 染色体上に検出された稈長 QTL (*qCL-3*) は, 紋枯病抵抗性に関する *qSB-3* とほぼ同じ位置に座乗していたが, 他の稈長および出穂期に関する QTL は, 紋枯病抵抗性の QTL 付近には座乗しておらず紋枯病抵抗性に関与する *qSB-12* はこれらの QTL とは独立して存在することが示された。これらの結果より WSS2 を母本として用いて紋枯病抵抗性品種を育成する際には *qSB-12* の単独利用が有効であると考えられる。

Breeding Science 54: 265-271 (2004)

インド型イネ Kasalath の BAC クローンの末端塩基配列解析と *in silico* マッピング

片桐 敏・呉 健忠・伊藤幸代・唐澤 渉・柴田未知恵・金森裕之・片寄裕一・並木信和・松本 隆・佐々木卓治

イネゲノムプロジェクト (農業生物資源研究所・農林水産先端技術研究所)

イネの種間または品種間の塩基配列を比較することを目的として, インド型イネ Kasalath の BAC クローンの末端塩基配列解析を行い, さらに, それらを, 基準となる日本型イネ日本晴の塩基配列上へ, 配列の相同性を指標にしてコンピューターによ

って位置づけた。47,194 クローンから 78,427 の末端塩基配列が得られた。それらの平均解読長は 482 bp で, 全体として 37.8 Mb に相当した。繰り返し配列を除去した後, 日本晴の 12 本の染色体に対して位置づけを行ったところ, 12,170 クローンが位置づ

けられた。それらは 450 のコンティグを構成し、全体で 308.5 Mb、ゲノムの約 80% をカバーした。DNA マーカーを用いて、第 1 染色体に位置づけられた BAC クローンを確認したところ、少なくとも 94.8% が正しく位置づけられていた。得られた Kasalath の

末端塩基配列と日本晴の塩基配列を比較したところ、0.71% の頻度で SNPs (single nucleotide polymorphisms) が見つかり、1 kb につき 1.23 ヶ所で indel が見つかった。

Breeding Science 54: 273-279 (2004)

Wx-D1 座の新しい対立遺伝子がパンコムギ (*Triticum aestivum* L.) の低アミロース性突然変異系統 K107Afp4 の小麦粉粘度特性の変異をもたらす

安井 健

(近畿中国四国農業研究センター)

パンコムギ (*Triticum aestivum* L.) 穀粒の主成分である澱粉の特性は小麦粉および小麦粉製品の品質に影響を与える。また、アミロース含量は澱粉の特性を決定する主要な因子である。K107Afp4 は、関東 107 号由来の低アミロース性突然変異系統で、ラピッド・ビスコ・アナライザ (RVA) を用いて測定した小麦粉粘度特性において、原品種関東 107 号に比べ、低温で粘度が著しく増加し、ピーク時間が減少する特徴がある。RVA 特性がメンデル分離をすると仮定して、突然変異系統の RVA 特性を、突然変異系統と原品種あるいは関東 107 号の遺伝的背景をもつモチ性戻し交雑系統との交雑後代を用いた遺伝分析により解析した。その結果、突然変異系統の RVA 特性は、単一の主働遺伝子により支配されることが判明し、またその遺伝子は原品種およびモチ性戻し交雑系統の遺伝子に対して部分優性を示し

た。原品種関東 107 号と関東 107 号の遺伝的背景をもつモチ性戻し交雑系統とは *Wx-D1* 座の対立遺伝子に違いがあるだけなので、この結果は、突然変異系統の RVA 特性を決定する遺伝子は *Wx-D1* 座上にあり、他の遺伝子座はその特性に関与しないことを示した。現在までに、突然変異系統の RVA 特性を決定する遺伝子と同等の作用をもつ対立遺伝子は報告されていないので、*Wx-D1* 座のこの新しい対立遺伝子を *Wx-D1g* と命名した。一次元電気泳動における K107Afp4 のワキシー蛋白質 (GBSSI) のバンド強度は原品種と違いがないため、突然変異系統のワキシー蛋白質は原品種とは構造が異なり、原品種に比べ GBSSI の機能が低下していると推定した。

Breeding Science 54: 281-286 (2004)

Triticum durum Desf. (冬デュルムコムギ) におけるグリアジンタンパク質と *Aegilops umbellulata* Zhuk. 由来の銹病抵抗性との関連

Murat Özgen · Mustafa Yildiz · Hakan Ulukan · Nur Koyuncu

(Department of Field Crops, Faculty of Agriculture, University of Ankara)

コムギ近縁野生種 *Aegilops umbellulata* Zhuk 由来の銹病抵抗性について *Triticum durum* Desf でのグリアジンタンパク質との関連を調査した。*Triticum durum* Desf の品種 'Kunduru 1149' を感受性の反復戻し交雑親として、*Aegilops umbellulata* Zhuk を抵抗性親として交雑を行い、葉身および稈における抵抗性を評価した。抵抗性である戻し交雑後代および *Aegilops umbellulata* Zhuk でのグリアジンタンパク質電気泳動の様式を比較し、抵抗性と

共通性の高いバンドを見出した。しかし、抵抗性親系統でのバンドパターンが、後代とは必ずしも、対応しないこともわかった。一方、戻し交雑親との関係は判定が容易であり、グリアジンタンパク質電気泳動バンドパターンは、母系の生殖浸透を追跡するのに役立つと考えられた。

Breeding Science 54: 287-290 (2004)

Brassica rapa L. の自家不和合性程度の評価における虫媒受粉の効果と遺伝的変異

堀崎敦史・新倉 聡

(㈱トーホク)

我々はハクサイおよびカブ (*B. rapa*) の 29 近交系統を用いて、

人工自家受粉検定および実際の F₁ 採種圃場を想定した虫媒受

粉検定により自家不和合性程度を評価した。両検定法において、自家不和合性程度に大きな遺伝的変異の存在を確認し、自家不和合性程度と *S* 遺伝子とは多くの場合遺伝的に独立であった。次に両検定法を比較したところ、結実英率（結実英数/全開花数）において高い相関 ($r=0.62, P<0.001$) が認められ、ほとんどの供試系統において、その結実英率は人工自家受粉検定（平均 20%）よりも虫媒受粉検定（平均 44%）の方が高い値を示した。さらに、人工自家受粉検定で比較的自家不和合性程度が高いと

評価された系統においても、虫媒受粉検定により、その程度が高い系統から低い系統まで再評価できた。これらの結果は、虫媒受粉検定が人工自家受粉検定よりも厳密に *B. rapa* の自家不和合性程度を評価できることを示している。また、この虫媒受粉検定を用いることにより、高純度 F_1 種子生産を可能にする、安定した高い自家不和合性程度を有する親系統の育成がなされることが考えられる。

Breeding Science 54: 291-295 (2004)

日持ち性を異にするメロン (*Cucumis melo* L.) 果実の発育および成熟ステージにおけるエチレンの変化

劉 莉・柿原文香・加藤正弘

(愛媛大学・農学部)

メロン (*Cucumis melo* L.) の日持ち性は変種によって大きく異なる。変種 *inodorus*, *reticulatus*, および *cantalupensis* において日持ち性とエチレンとの関連性の研究は多く報告されているが、変種 *saccharinus* と *makuwa* における研究は極めて少ない。本研究ではこれら 5 変種に属する 6 系統を用いて、果実の発育過程および収穫後の各ステージにおける内部エチレン濃度 (IEC) とエチレン生成率 (EPR) を測定した。Golden No. 9 (var. *makuwa*) と Charentais (var. *cantalupensis*) の 2 系統では、果実の成熟期 2-4 日前からエチレンは激増し、収穫時の IEC と EPR はそれぞれ 4.43, 55.83 ppm および 64.96, 90.13 $\text{nmol} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$ に達し、特徴的なクライマクテリック型を示した。Golden No. 9 は Charentais に比べエチレンのレベルは低く、内部エチレンピークの出現も

遅かった。また、Golden No. 9 は果皮黄化の速度が遅く、果柄がほとんど脱離せず、Charentais より長い日持ち性を示した。9-8, Earl's Favourite (var. *reticulatus*), Honey Dew (var. *inodorus*) および Queen (var. *saccharinus*) の 4 系統は最大クライマクテリックを誘導するエチレンを生成せず、いずれも IEC が 1.00 ppm 以下、EPR が 10 $\text{nmol} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$ 以下の低いレベルを示し、非クライマクテリック型果実のように変化し、長期の日持ち性を示した。中国原産のハミウリ Queen では、全ステージにおいて IEC, EPR ともに最低値を示し、変動も少なかった。果実の色、硬さにおける変化も最も遅く、最長の日持ち性を示した。

Breeding Science 54: 297-300 (2004)