

北海道における白目大豆の耐冷性と毛茸色，開花期との連関

黒崎英樹¹⁾・湯本節三²⁾・松川 勲¹⁾

(¹⁾北海道立北見農業試験場, ²⁾東北農業研究センター)

褐目大豆は，耐冷性や生育量が多くの場合，白目大豆より優っている。しかしながら，日本の消費者は褐目大豆を好まない。本報では，同質遺伝子系統を用いて耐冷性と毛茸色，開花期との連関を調査した。毛茸色は臍色を支配する遺伝子の一つであり，開花期は生育量に関係している。まず，毛茸色に関する白目の同質遺伝子系統（褐毛：*T* 白毛：*t*）を種々の温度条件下で生育させ，生育量と子実重を調査した。北海道東部において温暖な地域での子実重は，褐毛系統と白毛系統間に有意差は見られなかったが，冷涼地での子実重は，褐毛系統が白毛系統より有意に高かった。また，冷涼地の開花期における乾物生産量も褐毛系統が白毛系統より高かった。次に，毛茸色 (*T/t*) と開花期 (*E/e*) の組合せの同質遺伝子系統 (*te*, *tE*, *Te*, *TE*) において，低温処理が

英数と子実重に及ぼす影響を調査した。低温処理は開花始めから4週間 [18(昼)°C/13(夜)°C] で行った。その結果，褐毛系統 (*Te*, *TE*) と開花期の遅い白毛系統 (*tE*) の英数と子実重の減少は僅かであったが，開花期の早い白毛系統 (*te*) では大きく減少した。さらに，2組合せの交雑後代の白毛系統を開花時期によって分類し（開花期：早，中，晩），上述の低温処理を行った。英数と子実重の減少程度は開花期の早いグループは高く耐冷性に劣り，開花期の遅いグループほど減少程度が低く耐冷性が強かった。これらの結果から，耐冷性の白目大豆の育成には，褐毛であることと開花期が遅いことが有効であることが示された。

Breeding Science 54: 303–311 (2004)

ダイコン (*Raphanus sativus* L.) の根の形とサイズに関するダイアレル分析における遺伝効果と土壌タイプ間の交互作用

岩田洋佳¹⁾・新倉 聡²⁾・松浦誠司²⁾・高野 泰³⁾・鶴飼保雄³⁾

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

ダイコン育種において，根の形とサイズにみられる遺伝効果と土壌タイプ間の交互作用が選抜に与える影響を明らかにするため，これら形質についてダイアレル分析を行った。6近交系から得られたダイアレル交配次代を，黒ボク土，粘土質土壌，砂質土壌の3土壌条件で栽培した。楕円フリーエ記述子の主成分分析により，形の特徴量として長幅比，とまりの度合い，中央部の曲がりの度合い，両端部の曲がりの度合いが抽出された。ダイアレル表の分散分析では，遺伝効果は全ての特徴量で高度に有意であった。一方，土壌タイプの影響は特徴量によって大きく異

なった。土壌タイプの主効果は，サイズに関する特徴量と，とまりの度合いにおいて有意であった。とまりの度合いでは，遺伝効果と土壌タイプ間の交互作用が有意で，遺伝率と優性度が土壌タイプ間で異なった。これらの結果は，根の形とサイズに関するほとんどの特徴において，土壌タイプの違いは選抜に影響しないことを示唆した。しかし，とまりの度合いの選抜においては，遺伝効果と土壌タイプ間の交互作用を十分考慮する必要がある。

Breeding Science 54: 313–318 (2004)

大麦縞萎縮病ウイルスレースに対する大麦縞萎縮病抵抗性遺伝子 *rym1* と *rym5* の相互作用

岡田吉弘^{1,3)}・金谷良市²⁾・荒井正一¹⁾・伊藤一敏¹⁾

(¹⁾サッポロビール (株) バイオリソース開発研究所, ²⁾サッポロビール (株) 群馬工場, ³⁾現：九州沖縄農業研究センター)

中国在来の大麦品種“木石港3”は，BaYMV および BaMMV の全てのレースに対して抵抗性を示し，少なくとも2つの抵抗性遺伝子 *rym1* と *rym5* を有する事が知られている。しかしなが

ら，これまで縞萎縮病抵抗性育種には *rym1* は利用されておらず，その詳細な特性は明らかではなかった。これまでの我々の研究により，*rym1* は BaYMV-I 型・II 型・BaMMV-Ka1 型および Na1

型に対して完全抵抗性を示し、BaYMV-III型に対しては完全抵抗性ではないが実用上問題のない抵抗性を示す事が明らかとなった。これらの事実から、“木石港3”のBaYMV-III型に対する完全抵抗性は *rym1* と *rym5* の相互作用によるものと推測され、これらの2つの遺伝子を同時に持つ系統をDNAマーカーにより選抜・育成し、BaYMV-I型およびIII型に対する抵抗性を調

査した。その結果、両遺伝子を持つ全ての系統がBaYMV-I型およびIII型に対して完全抵抗性を示した。したがって、“木石港3”のBaYMV-III型に対する抵抗性は、*rym1* と *rym5* の多重効果によるものと考えられた。

Breeding Science 54: 319–325 (2004)

東亜型および西域型オオムギ品種間の交配集団における出穂期関連量的遺伝子座(QTL)の同定

Mahammad Sameri・小松田隆夫

(農業生物資源研究所)

東亜型で秋播型のオオムギ品種「アズマムギ」と西域型で春播型品種「関東中生ゴール」の交配により作成した組換え自殖系統を利用し、出穂期の量的遺伝子座(QTL)の同定を行った。試験は春播圃場、秋播圃場、24時間連続照明温室の3条件下で行った。春播性遺伝子 *sgh1* と *Sgh2* は予想どおり染色体4HLおよび5HLの連鎖地図上にそれぞれ位置づけられた。5つの出穂期関連QTLは染色体1HL, 2HS, 2HL, 7HSおよび7H(動原体付近)

の各連鎖地図上に位置づけられた。オオムギの統合分子連鎖地図や形態・生理・分子マーカー統合連鎖地図を参照し、初めの4つのQTLに関しては既に報告されている出穂期関連遺伝子やQTLとの同一性を議論した。また最後のQTLは本研究ではじめて見いだされたものであった。

Breeding Science 54: 327–332 (2004)

イネにおける有用な2種の主働遺伝子 *sd1* (dee-geo-woo-gen dwarf) と *Ur1* (Undulate rachis-1) が耐倒伏性とその関連形質に及ぼす作用

村井正之¹⁾・駒崎智亮¹⁾・佐藤茂俊²⁾

(¹⁾高知大学・農学部, ²⁾故, 元琉球大学・農学部)

イネの矮性遺伝子 *sd1* は、東南アジアなどの地域における短稈多収品種の育成に貢献した。他方、不完全優性遺伝子 *Ur1* は、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ので、シンクサイズを拡大して収量を増加することができる。本研究では、これらの遺伝子の耐倒伏性とその関連形質に及ぼす作用を検討した。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* 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、水田で栽培された。*sd1* は、稈長を29~37%短縮するとともに、上位節間伸長型の方角に変更した。反対に、*Ur1* は、稈長を12~25%増加するとともに、下位節間伸長

型に変更した。瀬古(1962)による倒伏指数が、最長稈の第4節間に適用された。同指数は、第4節間基部から穂先までの長さ(a)、同節間以上の生重(b)、同節間の挫折重(c)を組み合わせた式 $100 \times ab/c$ によって算出された。*sd1* は、倒伏指数を47~59%減少した。これは、cの増加とaの減少に起因した。他方、*Ur1/Ur1* 型は、*+/+* 型に比べて、倒伏指数が90%(短稈型)または61%(長稈型)増加した。*Ur1/+* 型は、*+/+* 型に比べて、倒伏指数が73%(短稈型)または32%(長稈型)増加した。*Ur1* による倒伏指数の増加(耐倒伏性の減少)は、cの減少とaおよびbの増加のすべてに起因した。挫折重の増減には、cm²当りの稈壁重、葉鞘の強度および生葉鞘数が関係した。*Ur1* による耐倒伏性の減少を補うためには *sd1* のみでは不十分であり、他の耐倒伏性を増加する遺伝子(群)を付加する必要がある。

Breeding Science 54: 333–340 (2004)

ハイブリッドライスイ育種における SSR マーカーによる稔性回復系統の組合せ能力の改良

Xiao-chuan Liu^{1,2)}・Shen-guang Chen²⁾・Ji-shuang Chen¹⁾・伊敷弘俊³⁾・Wei-xia Wang²⁾・Liu-qin Yu²⁾

¹⁾Zhejiang University of Sciences, ²⁾China National Rice Research Institute, ³⁾国際農林水産業研究センター・沖縄支所)

ヘテロシスは両親系統の遺伝的相違性に基づく異型接合的形質である。分子マーカーによるヘテロシス形質の印付方法は、同型接合的形質用の他の方法と違うべきである。そのため、両親系統間でヘテロシスに関係する遺伝的相違性を同定することが必要である。この遺伝的相違性は、雑種の潜在能力を測る最も重要な両親系統の組合せ能力と密接に関係している。両親系統の組合せ能力の原則に基づいて、前報ではヘテロシスに有利と不利な単純配列繰り返し (SSR) マーカーを同定した。本研究では、同定した SSR マーカーを利用して、えり抜きの稔性回復系統 (Minhui63) から組合せ能力が著しく高い 2 つの稔性回復系統

(MGR44 と MGR45) を育成した。この 2 系統では、不利な対立遺伝子は除かれるが有利な対立遺伝子が維持され、結果的に一般組合せ能力と特定組合せ能力の両方が明らかに高くなっていった。また、Minhui63 と比較して、この 2 系統の穂密度と千粒重は増加していた。以上の結果は、ハイブリッドライスイ育種のために前報で選抜した分子マーカーが非常に有用であることを示している。更に、前報で記述した方法がハイブリッドライスイ育種のための分子マーカーを選別するのに適し効果的であることを確認した。

Breeding Science 54: 341–346 (2004)

雑種致死性を示す種間雑種 *Nicotiana repanda* × *N. tomentosiformis* に認められたプログラム細胞死

小堀智史・丸橋 亘

(茨城大学・農学部)

Nicotiana repanda × *N. tabacum* の種間雑種は発芽後すぐに致死する。*N. repanda* と、*N. tabacum* 祖先種である *N. tomentosiformis* との雑種実生は、28°C で 90 日間培養した時、雑種致死性を示す。しかし *N. repanda* と、もう一つの *N. tabacum* 祖先種である *N. sylvestris* との雑種実生は正常に生育する。雑種致死性を示す *N. repanda* × *N. tomentosiformis* の雑種実生においてプログラム細胞死 (PCD) の特徴が検出された。核の断片化が、致死を発現している雑種実生のシュートと根から単離した核で検出された。加えて、雑種実生のシュートと根から抽出した全 DNA の電気

泳動で、核 DNA のヌクレオソーム単位の断片化を示唆する特徴的な DNA ラダー像が認められた。これらの結果は、*N. repanda* × *N. tomentosiformis* の雑種実生が雑種致死の過程で PCD を発現していることを示している。一方、致死性を示さない *N. repanda* × *N. sylvestris* の雑種実生では、PCD の特徴が見られなかった。*N. tomentosiformis* が *N. tabacum* の祖先種であることから、上記の結果より、致死性を示す *N. repanda* × *N. tabacum* の雑種実生でも PCD を伴うことが示唆される。

Breeding Science 54: 347–350 (2004)

カンキツ倍化半数体の検出における染色体 CMA バンドパターンの有効性

山本雅史・富永茂人

(鹿児島大学・農学部)

クレメンティン (*Citrus clementina*) 半数体から節間の長い変異個体が出現した。倍数性変異である可能性が強いので、その点について検討した。フローサイトメトリー分析および染色体の観察から、変異個体には半数体 ($2n=x=9$) と二倍体 ($2n=2x=18$) の細胞が確認できた。変異個体の気孔孔辺細胞の長さは半数体とほぼ同じで、明らかに二倍体よりも短かった。これは変異個体の表皮細胞が半数体細胞でそれ以外の葉の組織が二倍体細胞で構成されていることを示している。カンキツでは葉の表皮細胞

は第一層、それ以外の葉の組織は第二層および第三層を起源とするので、変異個体は第一層が半数体、第二層および第三層が二倍体の周縁キメラであると考えられた。さらに、変異個体の二倍体細胞の染色体を蛍光色素であるクロモマイシン A₃ (CMA) で染色したところ、染色体上での CMA (+) バンドの有無および位置から染色体を識別することができた。変異個体の二倍体細胞の染色体における CMA バンドパターンは、クレメンティンとは異なっており、各タイプの染色体数は半数体の 2 倍であった。こ

のことから、変異個体の二倍体細胞は半数体細胞が倍加したものであることが確認できた。本研究の結果は、カンキツにおいて染色体の CMA バンドパターン分析が、倍化半数体の検出に極

めて有効であることを示している。
Breeding Science 54: 351–354 (2004)

黄ダイズ種皮においてカルコンシンターゼ遺伝子のPTGSが各遺伝子メンバーにおよぼす影響

葛西厚史¹⁾・渡會 陸²⁾・湯本節三^{3,4)}・赤田辰治¹⁾・石川隆二²⁾・原田竹雄²⁾・新関 稔²⁾・千田峰生¹⁾
(¹⁾弘前大学・遺伝子実験施設, ²⁾弘前大学・農学生命科学部, ³⁾北海道農業研究センター, ⁴⁾現:東北農業研究センター)

黄ダイズの種皮着色は *I* 遺伝子によって抑制されている。近年、黄ダイズの種皮着色抑制がカルコンシンターゼ遺伝子 (*CHS*) の転写後ジーンサイレンシング (PTGS) によることが明らかになってきた。一方、黄ダイズに対して、*I*→*i*に起因する種皮着色突然変異体 (変異体と省略) は種皮で *CHS* 遺伝子の PTGS は起きていない。ダイズの *CHS* 遺伝子は少なくとも *CHS1* から *CHS8* にわたる 8 つのメンバーからなる遺伝子ファミリーを形成しているが、各遺伝子メンバーでの PTGS の影響は明らかになっていない。そこで本研究では *III* 遺伝子型を有する北海道品種トヨホマレおよびその栽培集団中から見出された変異体 (*i/i*) 間で転写産物量を比較することで各遺伝子メンバーにおける PTGS の影響を明らかにした。まず、トヨホマレおよび変異体の生育ステージの異なる種子からそれぞれ種皮 RNA を抽出し、全メンバーに対応する *CHS* 遺伝子プローブを用いたノーザンハ

イブリダイゼーションを行ったところ、黄ダイズ種皮において PTGS は最も早いステージ (種子生重量 25 mg 以下) からすでに起き、全ステージにわたって維持されていることが示唆された。さらに PTGS の影響を受けない変異体種皮において *CHS1-CHS6* または *CHS7-CHS8* に特異的なプローブをそれぞれ用いてノーザンハイブリダイゼーションを行ったところ、変異体種皮では *CHS7-CHS8* 由来の転写産物が *CHS* 遺伝子転写産物の大部分を占めていることが明らかになった。次に各遺伝子メンバー特異的なフォワードプライマーを用いた RT-PCR を行い、トヨホマレおよび変異体間で転写産物量を比較した。その結果、変異体と比較してトヨホマレでは多くの遺伝子メンバーで明らかな転写産物量の減少が認められ、黄ダイズ種皮では *CHS* 遺伝子の PTGS が遺伝子メンバーに影響をおよぼしていることが判明した。
Breeding Science 54: 355–360 (2004)

ネギ (*Allium fistulosum* L.) におけるマイクロサテライトマーカーの開発

宋 沅相¹⁾・諏訪部圭太・若生忠幸・小原隆由・布目 司・小島昭夫
(野菜茶業研究所, ¹⁾現:韓国国立作物研究所・木浦試験場)

ネギでは利用できる遺伝標識がこれまでほとんど開発されていないため、多数の DNA マーカーを開発してネギ育種の基盤を整備することが求められている。そこで本研究ではネギのマイクロサテライトマーカーの開発を試みた。ネギ品種“九条”のゲノミックライブラリーから、オリゴヌクレオチド (GA)₁₅ および (GT)₁₅ の混合物をプローブとして、これら 2 塩基モチーフの繰り返し配列を含むクローンを選抜した。約 180,000 個のクローンから 94 クローンを選抜し、塩基配列を決定し、マイクロサテライト配列を含むクローンを 52 個を見出した。そのうち GT モチーフの繰り返しを含むクローンは 49 個であったのに対し、GA モチーフの繰り返しを含むクローンは 1 個のみであった。植物では一般に GT モチーフから成るマイクロサテライトよりも GA

モチーフから成るマイクロサテライトの方が存在頻度が高いことが知られているが、本研究の結果から、ネギでは逆に前者の頻度の方が高いことが明らかとなった。これはネギ属でははじめての知見である。50 個のクローンについて PCR 用プライマーセットを設計することができ、そのうち 33 組のプライマーセットが検出した遺伝子座はネギ 9 品種間で多型を示した。これら 33 遺伝子座について検出された対立遺伝子の数は合計 115 であった。これらの結果から、ネギにおいて、2 塩基モチーフ、特に GT から成るマイクロサテライトが多型検出力の高い遺伝標識の素材として有望であるということが明らかとなった。
Breeding Science 54: 361–365 (2004)

イネダイナミン様タンパク質 OsDRP3A はミトコンドリア分裂に関与する

藤本 優・有村慎一・中園幹生・堤 伸浩

(東京大学大学院・農学生命科学研究科)

高等植物において、ミトコンドリア形態の維持に関わる遺伝子はまだ殆ど知られていない。本研究では、イネダイナミン様タンパク質 OsDRP3A について、ミトコンドリア分裂に関わるシロイヌナズナの DRP3A・DRP3B のイネにおけるホモログとして、その機能解析を試みた。OsDRP3A の 63 番目のリジンをアラニンに置換した OsDRP3A ドミナントネガティブ型タンパク質 (OsDRP3A (K63A)) の一過的な発現は、ミトコンドリア形態を長大化し、その数を減少させた。また、タバコ懸濁培養細胞 (BY-

2) において、緑色蛍光タンパク質 (GFP) と OsDRP3A の融合タンパク質はミトコンドリアの端部や狭窄部に局在する点状の構造体として観察された。一方、GFP と OsDRP3A (K63A) の融合タンパク質を発現させた場合も、ミトコンドリア形態は異常となった。これらの結果は、OsDRP3A のミトコンドリア分裂への関与を示している。

Breeding Science 54: 367–372 (2004)

雑草イネにおける耐冷性に関わる量的形質遺伝子座のマッピング

Chang-Sik Oh¹⁾・Yong-Hwan Choi²⁾・Seung-Joon Lee¹⁾・Dong-Beom Yoon¹⁾・Huhn-Pal Moon³⁾・Sang-Nag Ahn¹⁾

(¹⁾ College of Agriculture & Life Sciences, Chungnam National University, ²⁾ National Institute of Crop Science, ³⁾ Rural Development Administration)

イネの耐冷性に関与する染色体領域を同定するために組換え自殖固定系統群 (RIL) を用いた量的形質遺伝子座 (QTL) 解析を行った。80 系統からなる RIL 集団をインド型品種 Milyang 23 と日本型雑草イネ Hapcheonacngmi 3 の交雑後代から作成した。この集団について、2 種類の形態形質遺伝子と 132 種類の DNA マーカーの遺伝子型を解析し、マーカー間の平均遺伝距離が 11.3 cM の連鎖地図を作成するとともに、冷水圃場と対象区で生育特性を調査した。RIL 集団は、冷水区において対象区より、出穂期の遅れや稈長の減少において有意な差が認められた。耐冷性は、冷水区における出穂期、稈長、種子稔性、葉の退色程度、穂の抽出程度および冷水区と対象区における出穂期および稈長の差をもって評価した。単純区間マッピングおよび複合区間

マッピング法により 7 種類の形質に対して合計 14 個の QTL が検出された。一形質あたりに検出された QTL の数は 1～3 個であった。それぞれの QTL で説明できる表現型分散は 5.8%～32.8% であった。2 因子間の相互作用は検出できなかった。耐冷性に関連する QTL のいくつかは少数の染色体の特定領域に見いだされる傾向があった。本研究において検出された出穂期、種子稔性、穂の抽出程度および葉の退色程度の 11 種類の QTL に関しては、Hapcheonacngmi 3 の対立遺伝子が耐冷性を高める作用をもっていた。以上の結果から、雑草イネはイネの耐冷性育種において有用な遺伝子給源となることが明らかとなった。

Breeding Science 54: 373–380 (2004)

国際イネ研究所育成のインド型改良品種におけるいもち病抵抗性遺伝子の推定

Leodegario A. Ebron¹⁾・福田善通^{1,3)}・井辺時雄^{1,4)}・加藤 浩^{1,4)}・Jeanie Mary T. Yanoria¹⁾・常松浩史^{1,3)}・Gurdev S. Khush¹⁾・横尾政雄²⁾

(¹⁾ 国際イネ研究所, ²⁾ 筑波大学, ³⁾ 現: 国際農林水産業研究センター, ⁴⁾ 現: 作物研究所)

国際イネ研究所 (IRRI) で育成されたインド型水稲 42 品種のいもち病抵抗性遺伝子を、フィリピン産いもち病菌系を用いた判別システムにより推定した。Pi20, Pita および Pik の対立遺伝子 (Pik の対立遺伝子のうち、Pik-s 以外はフィリピン産菌系に対してすべて同じ反応パターンを示す) の有無により、42 品種を 7 つの品種群に分類した。これら 3 種の遺伝子を持たない品種群には IR24 を用いた組合せに由来する 7 品種が含まれた。Pita を

持つ品種群には最も多い 17 品種が含まれ、IR36 やその兄弟系統、交配に由来する品種が含まれる。Pi20 を持つ品種群には IR8, IR24 およびそれらの交配に由来する 7 品種が含まれ、上記 3 品種群にほとんどの IRRI 育成の品種が含まれていた。供試した 42 品種には、Pib, Pita, Piz-t, Pi20, Pik-s, Pik の対立遺伝子、Pii と Pi3 のいずれかの遺伝子の計 7 種の対立遺伝子が見いだされた。今回推定された抵抗性遺伝子数は、既知の抵抗性遺伝子

の数に比べると限られていた。一方で、*Pik* の対立遺伝子 (*Piks* を含む) は 5 品種群 17 品種で、*Pib* は 4 品種群 38 品種で推定され、広く IRRRI 育成品種内に存在することが明らかになった。IRRI の育成品種は、広く東南・南アジアに普及され栽培あるいは

育種材料として用いられており、本研究結果はイネ育種やいもち病防除技術開発のための有用な情報と言える。

Breeding Science 54: 381–387 (2004)

日本型イネの F_1 雑種におけるヘテロシスの予測のための重要な DNA 標識群

趙 英一¹⁾・朴 賛雄¹⁾・勸 純旭¹⁾・晋 中鉉¹⁾・池 鉉昭¹⁾・朴 基振¹⁾・Susan McCouch²⁾・高 熙宗¹⁾

(¹⁾Seoul National University, (²⁾Cornell University)

雑種強勢を最適化することは作物のハイブリッド育種における第一の目標である。この試みにおいて DNA 標識を有効に利用することは、両親の遺伝的な類似性 (genetic similarity, GS) とそれらの F_1 のヘテロシスの関係を調べた多くの研究者たちの、一貫性のない結果によって混乱されている。この研究の目的は、日本型イネにおける両親間の GS と F_1 の穀粒収量ヘテロシスの間の関係を評価し、標識によるヘテロシスの予測のための方策をたてることである。45 の F_1 雑種が日本型 10 品種を使った半ダイアレル計画から作出された。両親と雑種は、中程度の N 肥料と無 N 肥料で養成され、穀粒収量について評価された。両親品種は 188 の SSR 標識および/あるいは 129 の RAPD プライマーによってゲノタイピングされた。すべての標識に基づいた GS の評価はヘテロシスと高い相関を示さなかった。個々の標識

の収量ヘテロシスとの関連を分析した後、われわれはこれらの日本型品種における雑種強勢と有意に関連している標識群を同定することができた。これらの選ばれた標識群に基づいた GS の評価は、雑種強勢と高い有意性を示した。さらに、いくつかの SSR および RAPD 標識は雑種弱性と関連していることが示された。このことは、 F_1 において観察されるヘテロシスは、雑種強勢と関連している対立遺伝子を選択的に結合することにより、また雑種弱性と関連しているものを排除することにより、改良されることを示唆している。重要標識 (key markers) を開発するというひとつの新しい概念が提唱され、両親間の GS を重要標識によって評価することによってヘテロシスを予測する可能性が論議された。

Breeding Science 54: 389–397 (2004)

ダイズの組換え型近交系を用いた生殖生長および種子形質に関する QTL 解析

渡辺啓史・Teuku Tajuddin・山中直樹・林 正紀・原田久也

(千葉大学大学院・自然科学研究科)

ダイズはタンパク質、脂質含量が高く、種々の機能性物質を蓄積するため、最も重要なマメ科作物である。ダイズの重要な形質のほとんどが量的形質であり、複数の遺伝子によって支配され、また環境による影響を受ける。これらの形質に関与する遺伝子座を同定するためにはゲノム全体を網羅する分子連鎖地図と、それに基づいた QTL 解析が必要である。本研究ではダイズの組換え型近交系 (F_8) を用いて 177 の RFLP マーカー、150 の SSR マーカー、28 の AFLP マーカー、5 つの形質マーカーから全長 2663.6 cM、20 連鎖群からなる連鎖地図を構築した。平均マーカー区間は 7.89 cM でありダイズゲノムの大部分を網羅していた。構築された連鎖地図をもとに、生殖生長および種子形質に関する形質について QTL 解析を行った。全部で 39 の QTL を検出し、開花期では 3 つ (*FTI-3*)、熟期では 4 つ (*HAVI-4*)、生殖

生長期では 3 つ (*RPI-3*)、硬実性では 3 つ (*RASI-3*)、種子生存能では 5 つ (*VISI-5*)、発芽率では 4 つ (*GRSI-4*)、種子吸水増大率では 5 つ (*WASI-5*)、種子重量では 12 (*SWEI-6*, *SWHI-6*) の QTL を同定した。検出した QTL のうち、28 の QTL は Interval mapping 法と Composite interval mapping 法の両解析方法で検出された。これらの QTL の表現型への寄与率は 3.4%–67.1% であった。さらに QTL 座間におけるエピスタシスの解析を行い、*FTI* と *FT2*, *FTI* と *FT3* の遺伝子座間に強い相互作用が存在することを明らかにした。*FTI* と *FT2* および QTL の相互作用を合わせた寄与率は 79.6% であり、*FTI* と *FT3* については 74.1% であった。

Breeding Science 54: 399–407 (2004)

東アジアに適応したオオムギのブラシノライド非感受性自然突然変異“渦”

最相大輔¹⁾・丹野研一^{1,4)}・蝶野真喜子²⁾・本多一郎^{2,5)}・北野英己³⁾・武田和義¹⁾

(¹⁾岡山大学・資源生物科学研究所, ²⁾作物研究所, ³⁾名古屋大学・生物機能開発利用研究センター, ⁴⁾現: Institute de Prehistoire Orientale, ⁵⁾現: 野菜茶業研究所)

典型的な半矮性の草型をもたらす *uzu* 遺伝子は、オオムギ (*Hordeum vulgare* L.) に倒伏耐性を付与し、受光態勢の改変に寄与している。渦性オオムギの地理的分布は東アジア (日本, 朝鮮半島, 中国) に限定されており、また日本南部に分布する六条性オオムギの大部分は、古くからこの *uzu* 遺伝子を有していた。*uzu* 遺伝子は、3H 染色体上に座乗する単因子劣性の遺伝様式を示し、生育過程で多面的に発現することが知られている。穀物では半矮性形質の導入による収量の増大が知られているが、これらに寄与した半矮性遺伝子はジベレリン (GA) に関わる変異に由来している。一方、オオムギの *uzu* 遺伝子による半矮性形質は、GA とは無関係であることが以前から知られていた。本研究では、*uzu* 遺伝子について分子レベルでの同定を試みた。複数の *uzu* 遺伝子の同質遺伝子系統対を用いて解析を行った結果、*uzu* 遺伝子はイネの矮性遺伝子 *d61* と形態的および生理的によく似

た特性を持つことを見出した。イネの *D61* 遺伝子は、シロイヌナズナで同定されたブラシノステロイド (BR) 受容体タンパク質遺伝子 *Brassinosteroid insensitive 1* の相同遺伝子であることから、オオムギの相同遺伝子 (*HvBR1*) の染色体上の構造を調査し、渦系統特異的に1つのアミノ酸置換を引き起こす1塩基多型 (SNP) を見出した。*uzu* 遺伝子の分離集団を用いた連鎖解析によって、この SNP は *uzu* 遺伝子と同座に位置付けられ、且つ260 系統以上の在来渦系統が全て同一の SNP を有することが明らかになった。さらに19のオオムギ系統の *HvBR1* 遺伝子の全塩基配列を調査したところ、渦系統のアミノ酸コード領域の塩基配列は完全に一致していた。これらの知見に基づき、東アジアにおけるオオムギ渦性由来系統の系統進化について考察した。

Breeding Science 54: 409–416 (2004)