

遠縁の浮稲 2 品種を対象とした早期伸長能力 QTL の比較

湯 定欽^{1,3)}・河西佑太郎¹⁾・宮本直子¹⁾・鵜飼保雄²⁾・根本圭介¹⁾

(¹⁾東京大学・アジア生物資源環境研究センター, ²⁾東京大学大学院・農学生命科学研究科, ³⁾現: Zhejiang Forestry University, China)

浮稲において、個体発育の早期より茎の伸長生長を開始させる性質(早期伸長能力)は、冠水回避のための主要な機構である。著者らは既報で普通稲 Patnai23 と浮稲 Goai の組み合わせを対象とし、この早期伸長能力に関する QTL が第 3 染色体と第 12 染色体に 1 つずつ座乗することを明らかにした。本研究では、浮稲 Habiganj Aman VIII の持つ早期伸長能力 QTL を同定し、Goai のそれと比較することを試みた。浅水条件で栽培した F₂ 集団 (Habiganj Aman VIII×Patnai23, 192 個体) を対象として、伸長した最も下位の節間の節位を調べることによって早期伸長能力を評価し、複合区間マッピングを行った。第 12 染色体に既

知の 1 つと同座とみられる強力な QTL が検出されたほか、第 1 染色体にも新規の QTL が 1 つ検出された。第 3 染色体では QTL は見出されなかった。さらに著者らは早期伸長能力に関するダイアレル解析を行い、Habiganj Aman VIII は Goai にはない QTL を持つことを示唆したが、このことと本研究結果とはよく整合する。第 12 染色体の QTL は、作用力が大きく、しかも系統的に遠縁の浮稲品種間に共通して見出されたことから、早期伸長能力に最も重要な QTL であると考えられた。

Breeding Science 55: 1-5 (2005)

RAPD マーカーによる栽培タデ (*Persicaria hydropiper* (L.) Spach) の遺伝的多様性の解析

保田謙太郎¹⁾・山口裕文

(大阪府立大学大学院・農学生命科学研究科, ¹⁾現: 九州沖縄農業研究センター)

栽培タデの 3 品種 (ベニタデ, アオタデ, アユタデ) と野生祖先種のヤナギタデ (*Persicaria hydropiper*) の遺伝的多様性と遺伝的類縁性を RAPD マーカーによって分析した。5 系統 45 個体のベニタデ, 2 系統 16 個体のアオタデおよび 6 系統 55 個体のヤナギタデについて 9 種類のランダムプライマーを用いて調べた。多型バンドの頻度とシャノンの多様度指数はベニタデとアオタデ系統ではヤナギタデ系統より低く、ベニタデとアオタデの系統内の遺伝的多様性は栽培化によって低下したと示唆された。6 系統のベニタデ, 2 系統のアオタデ, 1 系統のアユタデお

よび 38 系統のヤナギタデについて 25 種類のランダムプライマーを用いて調べた遺伝距離に基づく近隣接合 (NJ) 系統樹では、6 系統のベニタデは、一つのクラスターを構成し、遺伝的に近縁であった。2 系統のアオタデも非常に近縁であった。ベニタデ, アオタデおよびアユタデは、それぞれ遺伝的に離れており、異なるヤナギタデ集団から栽培化されたと考えられた。さらに、5 系統 45 個体のベニタデの遺伝的類縁性を調べたところ、産地の違いを反映した分化が生じていた。

Breeding Science 55: 7-14 (2005)

栽培稲品種の半不稔性を支配する遺伝子のマッピング

愈 偉偉¹⁾・王 春明¹⁾・池橋 宏²⁾・万 建民^{1,3)}

(¹⁾南京農業大学・農学部, ²⁾日本大学・生物資源学部, ³⁾中国農業科学院・作物研究所)

栽培イネ品種日本晴から半不稔性の自然突然変異体を発見し、この半不稔突然変異体の個体を自殖し、F₁₀ 世代までに半不稔性が固定した系統 W207-2 を育成した。本研究では、広親和性イネ品種 CPSLO17 と W207-2 および日本晴と W207-2 の雑種集団を用いて、遺伝分析を行った。その結果、W207-2 の半不稔性は一つの男性遺伝子により支配されていることが明らかになった。

また、CPSLO17 と W207-2 の F₂ 集団および SSR マーカーを用いて、12 染色体上の総計 157 個のマーカーとの連鎖分析を行ったところ、この半不稔性遺伝子は第 8 染色体に座乗することがわかった。

Breeding Science 55: 15-20 (2005)

緑色種皮を持つ新しい *Glycine soja* 遺伝資源

Jeong-Dong Lee¹⁾・Yong-Hwi Yoon¹⁾・Il-Kyung Chung²⁾・Soon-Ki Park¹⁾・Young-Hyun Hwang¹⁾

(¹⁾韓国慶北国立大学, (²⁾韓国大邱カトリック大学)

ダイズ野生種 (*Glycine soja*) は栽培ダイズの遺伝的多様性を拡大するために重要な遺伝資源である。緑色種皮を持つ新しい *Glycine soja* 系統を 1996 年に Yeongchun で収集し KLG10084 の系統名を付けた。本研究は、1) KLG10084 について、栽培品種や他の野生種と比較して栽培形質の評価と、2) *G. max* × *G. soja* 種間雑種において、種皮色について形質向上の可能性の検討を行った。RAPD マーカーおよび主要栽培形質において KLG10084

と他の遺伝資源の関連を UPGMA に基づくクラスター解析で検討した。当該系統は、*G. soja* に属するものであることが考えられた。KLG10084 とふたつの韓国主要栽培品種を用いた交雑集団について種皮色の遺伝を調査した。戻し交雑を少なくとも一度行うことで、十分に農業上好ましい種皮の色は得られることがわかった。

Breeding Science 55: 21–25 (2005)

トマト黄化えそウイルスの NSs 遺伝子配列を発現する形質転換体におけるウイルス抵抗性の解析

園田昌司¹⁾・西口正通²⁾・積木久明¹⁾

(¹⁾岡山大学・資源生物科学研究所, (²⁾愛媛大学・農学部)

トマト黄化えそウイルス *Tomato spotted wilt virus* (TSWV) の NSs 遺伝子のセンス配列を発現している *Nicotiana benthamiana* に、NSs 遺伝子のセンスあるいはアンチセンス配列を導入した (以後ダブル形質転換体と表記)。センス配列のみが導入されたダブル形質転換体 3 系統およびセンス配列とアンチセンス配列が導入されたダブル形質転換体 10 系統の相同性依存型ウイルス抵抗性について、NSs 遺伝子配列が組み込まれた PVX を用いて

解析した。その結果、アンチセンスダブル形質転換体 2 系統が抵抗性を示した。両系統は small-interfering RNA (siRNA) を蓄積していた。これらの結果は、両系統では RNA サイレンシングが作用していることを示唆する。しかしながら、両系統は TSWV に対してはほとんど抵抗性を示さなかった。

Breeding Science 55: 27–33 (2005)

イネの晩生遺伝子 *ef2* のトリソミック分析

Leang Hak Khun¹⁾・本村恵二¹⁾・村山盛一¹⁾・安谷屋信一¹⁾・野瀬昭博²⁾

(¹⁾琉球大学・農学部, (²⁾佐賀大学・農学部)

台中 65 号の X 線照射により作出された T65-ef2 (t) 系統は晩生の出穂性遺伝子 *ef2* (t) をもち、台中 65 号に比べて出穂が約 35 日遅い。一方、台中 65 号の同質遺伝子系統、T65-ER-21 および T65-ER-1 はそれぞれ早生遺伝子 *Efx* および *Efl* 遺伝子をもち、これら 2 遺伝子の座乗染色体および座位は明らかにされている。本研究では、*Efx* および *Efl* と *ef2* (t) との間で対立性検定を行うとともに、トリソミック分析により *ef2* (t) の座乗染色体を明らかにしようとした。T65-ER-21 および T65-ER-1 と T65-ef2 (t) との交雑 F₂ の出穂分離は、いずれの組合せでも独立分離の期待

値に適合していた。したがって *ef2* (t) 遺伝子座は *Efx* および *Efl* とは異なることが判明した。*ef2* (t) 遺伝子座の座乗染色体を明らかにするために第 2, 4, 5, 7, 9, 10 および第 12 の染色体を過剰に保有する 7 種類のトリソミック系統と T65-ef2 (t) との交雑 F₂ における出穂分離を調査した。その結果、第 9 染色体を過剰にもつトリソミック系統との F₂ 集団において、典型的なトリソミック分離のパターンが観察された。このことから、*ef2* (t) 遺伝子は第 9 染色体に座乗していると考えられた。

Breeding Science 55: 35–39 (2005)

イネの日印雑種における粒形および幼苗形質に関する QTL に基づいたヘテロシスの分析

Amr Farouk Abdelkhalik · 宍戸理恵子 · 野村和成 · 池橋 宏

(日本大学・生物資源科学部)

イネの日印雑種において示される高いヘテロシスを分析するために、個々の QTL について、ヘテロとホモの遺伝子型の効果の比較を試みた。材料としてインド型イネ品種 IR36 と広親和性遺伝子を有する日本型イネ品種熱研 2 号の F₁ に熱研 2 号または IR36 を反復親とした二つの BC₁F₁ 集団, *indica/japonica/japonica* および *indica/japonica/indica* を作成し, SSR マーカーにより地図を作成して QTL 解析を行った。粒形は BC₁F₁ 集団, 幼苗形質は BC₁F₂ 集団でそれぞれ調査を行った。粒形については, 第 1, 2, 5, 7 染色体上に粒幅に関する 5 個の QTL が, 第 4, 5 染色体上に粒重に関する 2 個の QTL が, また, 第 2, 5 染色体上に粒厚に関する 3 個の QTL が検出された。幼苗形質については, 第 5, 6, 12 染色体上に苗の重さに関する 4 個の QTL が検出され, 第 1 本葉長, 草丈, 葉緑素含量に関して, それぞれ第 1, 3, 6 染色

体上に QTL が検出された。マーカーの遺伝子型 AA, Aa, aa の効果を比較したところ, AA-Aa 間または Aa-aa 間のどちらの比較においても QTL が検出されたが, ヘテロ型 Aa が両方のホモ型 AA および aa より高い値を示す例はなく, 超優性はみられなかった。また, 正の効果はインド型あるいは日本型のどちらか一方の親から寄与されていた。本研究で得られたデータから, 日印雑種の高度のヘテロシスは多くの座でヘテロの遺伝子型の部分優性の効果が累積されることによるものとみられた。既知の QTL の正の効果はインド型から寄与するものと日本型から寄与するものに分類することにより, 実際育種を効率的に進めることができるかと考察した。

Breeding Science 55: 41-48 (2005)

二重鎖 RNA 特異的リボヌクレアーゼは, 形質転換キクにおいてキクわい化病ウィロイドとトマト黄化えそ病ウイルスへの耐性を付与する

小川俊也¹⁾ · 戸栗敏博²⁾ · 工藤博司²⁾ · 岡村正愛²⁾ · 門馬孝之²⁾ · 吉岡正陽²⁾ · 加藤公彦³⁾ · 萩原葉子³⁾ · 佐野輝男⁴⁾

(¹⁾キリンビール・基盤技術研究所, ²⁾キリンビール・植物開発研究所, ³⁾静岡県農業試験場, ⁴⁾弘前大学大学院・農学生命科学部)

我々は, *Agrobacterium* を媒介とする形質転換法によって, *Schizosaccharomyces pombe* に由来し, 二重鎖 RNA を特異的に分解するリボヌクレアーゼ (*pac1*) 遺伝子を導入した形質転換キク (*Dendranthema grandiflora*) を作成し, *Pac1* タンパク質を安定して発現する 3 系統を選抜した。これら 3 系統にキクわい化病ウィロイド (CSVd) を接種すると, 対照植物に比べて感染率の低下, ウィロイド蓄積量の低下, および生長阻害の軽減が観察された。CSVd 感染試験とは別に, トマト黄化えそウイルス (TSWV) に対する耐性を調査したところ, 形質転換系統では対照植物に比べてウイルス感染率も有意に低下した。形質転換系統とキク野生種 (*D. pacificum*) との間の交雑を行い, 野生種および雑種

植物の TSWV への感受性を調査したところ, TSWV は野生種の全個体に感染して高い致死性を示したが, *Pac1* タンパク質を発現する雑種は完全抵抗性と高度感受性の系統に分離した。これらの結果は, 本実験で使用したキク栽培種が TSWV に対する抵抗性遺伝子を保有していることを示唆している。また, 形質転換植物でウイルス感染が抑制されたことは, この組換え遺伝子を商業的に利用すれば植物ウイルスのキク属野生種集団への蔓延を抑制できることを示している。この研究は, 遺伝子組換えで導入した単一の耐病性遺伝子が植物のウィロイド病とウイルス病の両者を軽減できることを証明した最初の報告である。

Breeding Science 55: 49-55 (2005)

イネおよび野生イネにおける DNA メチル化の多型：エピジェネティックマーカーの検出

高田美和子・貴島祐治・佐野芳雄

(北海道大学大学院・農学研究科)

植物の形質変異は、当然ながら環境と遺伝変異の相互作用によって顕在化する。最近、塩基配列の変化を伴わないエピジェネティックな形質変異についても 2, 3 の事例が報告され、その存在が一般化しつつある。栽培イネや野生型イネには多様な形質変異が蓄積しており、これらの一端をエピジェネティックな現象が担っているもおかしくない。とは言え、エピジェネティックな現象と育種形質との接点を見出すことは今のところ難しい。著者らはエピジェネティックな変異の主要因である DNA メチル化の差違がイネの系統間にあるのか、あるとすればどの程度生じているのか、という着眼点から調査をはじめた。本研究で

は、AFLP を応用した MITE-トランスポゾンディスプレイ法を用いて、日本型とインド型の栽培イネおよび野生型イネそれぞれ 3 系統 (合計 9 系統) を供試し、メチル化の多型を網羅的に解析した。その結果、これら 9 系統の任意の 2 系統を比べた場合、いずれの 2 つのゲノム間にも同一塩基配列を持ちながら、メチル化レベルが顕著に異なる DNA 断片 (エピジェネティックマーカー) が全断片の 2-3% 含まれることを明らかにした。このことは、遺伝変異に加えてメチル化の差違もイネ系統間の形質差違を生じる要因の一つである可能性を示す。

Breeding Science 55: 57-63 (2005)

日本型優良品種コシヒカリを遺伝的背景としたインド型品種 Kasalath の染色体断片置換系統群の作出と評価

蛸谷武志^{1,3)}・竹内善信^{2,4)}・野々上慈徳²⁾・山本敏央^{2,5)}・竹内香純¹⁾・矢野昌裕¹⁾

(¹⁾農業生物資源研究所, (²⁾農林水産先端技術研究所, (³⁾現: 富山県農業技術センター, (⁴⁾現: 作物研究所, (⁵⁾現: (株) ホンダリサーチインスティテュート・ジャパン)

イネの量的形質の遺伝解析ならびにマーカー選抜育種を推進するために、39 系統からなる新規な染色体断片置換系統群 (CSSLs) を作出した。CSSL を構成する各系統では、インド型品種 Kasalath の異なる染色体断片が日本型品種コシヒカリの遺伝的背景において置換されている。全系統がカバーする置換染色体は第 8 染色体の短腕の一部と第 12 染色体の長腕末端領域を除き、ほぼ全染色体にわたっていた。作出した CSSLs の量的形質遺伝子座 (QTL) の検出における利点を実証するために、3 種類の異なる栽培環境すなわち自然日長条件 (つくば市の夏期の圃場)、短日 (10 時間明) および長日 (14.5 時間明) 条件の人工気象室における出穂期関連 QTL のマッピングを行った。自然日長条件では 8 箇所、長日条件では 5 箇所、短日条件では 9 箇所

の染色体領域に出穂期関連 QTL を検出した。CSSLs の解析によって見いだされる出穂期関連 QTL の数は、同じ交配組み合わせの BC₁F₃ 集団において見いだされる QTL の数より多かった。また短日条件において、新たな出穂期関連 QTL が見いだされた。検出された QTL のうち、少なくとも 7 種類が日本晴と Kasalath の雑種後代で検出された出穂期関連 QTL と対応していることが示唆された。以上の結果から、CSSLs の QTL 解析における潜在的能力の高さが実証された。遺伝解析、QTL の単離および育種におけるマーカー選抜の実験材料としての CSSLs の長所・短所について考察した。

Breeding Science 55: 65-73 (2005)

ケナフ多芽体形成の組織学的小および走査型電子顕微鏡による観察

Samanthi P. Herath¹⁾・鈴木隆之²⁾・服部一三¹⁾

(¹⁾名古屋大学大学院・生命農学研究科, (²⁾アラコ (株))

ケナフの発芽直後の小さな茎をベンジルアデニン (BA) 添加培地と無添加培地に置床し、生長点付近の形態的变化を、光学顕微鏡および走査型電子顕微鏡を用いて観察した。BA 処理後 7 日目には、腋芽の付近や初生葉原基の背軸側に細胞分裂活性の高

い部分が認められた。ここで形成された分裂帯のいくつかは、後に、シュートを形成した。さらに、初期茎頂分裂組織の細胞群では数個の細胞分裂活性部位が誘導されるように再構成されていた。培養後 28 日目には、非常に多くのシュートが腋芽の近辺に

観察された。これに対して、BAを加えていない対照区では、頂芽の伸長が認められるだけで、腋芽も不定芽も認められなかった。これらの結果はBAの処理がケナフ茎頂分裂組織を構成する多くの細胞の一方への発育のプログラムを変更し、少数の

細胞によって新しい茎頂分裂組織を作りだしていくことが示唆された。さらに、BAには頂芽優性を打破する効果があることが再確認された。

Breeding Science 55: 75–80 (2005)

普通系コムギにおける日長反応性遺伝子 *Ppd2* の物理地図と染色体座位

Nikolay P. Goncharov¹⁾・渡部信義²⁾

(¹⁾Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, (²⁾岐阜大学・応用生物科学部)

播種から開花までの期間は作物の適応に極めて重要である。作物が適切な時期に開花することは、与えられた環境において最大の収量を確保するための育種の重要な因子のひとつである。開花時期は、まず日長と温度条件によって変更され、大きな遺伝子的変異が存在する。大部分の春播き性コムギ品種の栄養生長期間は日長反応性を制御する遺伝子によって強く影響される。本研究では、品種‘Chinese Spring’の第2同祖群染色体置換系統と部分染色体欠失系統の短日条件下における日長反応を

解析した。優性遺伝子 *Ppd1* と *Ppd2* がそれぞれ 2D 染色体と 2B 染色体上にあることを確認し、日長に対する *Ppd1* と *Ppd2* 遺伝子の開花時期に対する効果を比較した。‘Chinese Spring’の部分染色体欠失系統の日長反応から、*Ppd2* は 2B 染色体短腕の動原体から切断点 0.27 と切断点 0.53 の間に存在することを明らかにした。この結果は、分子マーカーを用いた *Ppd2* 遺伝子の座位と一致する。また、*Ppd2* 遺伝子の量的効果を見出した。

Breeding Science 55: 81–86 (2005)

準同質遺伝子系統によるモチ小麦の品質特性の比較

高田兼則¹⁾・西尾善太・入来規雄・田引 正・船附稚子・山内宏昭

(北海道農業研究センター, ¹⁾現: 近畿中国四国農業研究センター)

澱粉はコムギ (*Triticum aestivum* L.) 子実中の主要な成分であり、モチ小麦の澱粉はウルチ性の小麦と大きく異なる糊化特性を示し、小麦粉製品への新しい利用が検討されている。しかし、モチ性が澱粉特性以外の加工適性へ与える影響については明確になっていない。そこで、モチ小麦の品質特性について春播コムギ品種‘春のあけぼの’のモチ性の準同質遺伝子系統 (NIL) を育成して調査した。NIL は製粉歩留やミリングスコアが低く製粉性が劣っていた。小麦粉中の成分としてはアラビノキシラン含量、灰分含量、ポリフェノール含量が高く、また小麦粉の L* (明るさ) が低く、これらのモチ小麦の特性を改善することは困難であると考えられた。小麦粉の物性はファリノグラフの生地

形成時間やミキソグラフのピークタイムには有意な差はなかったが、NIL のファリノグラフの弱化度やミキソグラフのエンベロープエリアは弱い物性値であった。これはファリノグラフの吸水率がしめすようにモチ小麦粉の吸水が著しく高かったためと考えられた。NIL のモチ小麦粉を‘春のあけぼの’小麦粉に 5~40% ブレンドした小麦粉の製パン試験では、40% のモチ小麦のブレンド粉は‘春のあけぼの’や 5~20% のブレンド粉からのパンよりも製パン後 3 日目でもパンが軟らかく老化の遅延効果が高かった。

Breeding Science 55: 87–92 (2005)

CAPS/dCAPS 法によるイネ SNP の PCR マーカーへの変換

小森俊之¹⁾・新田直人²⁾

(日本たばこ・遺伝育種研究所, ¹⁾現: 日本たばこ・植物イノベーションセンター, ²⁾現: 日本たばこ・たばこ事業本部)

イネ RFLP マーカーは幅広い分野で利用され、遺伝子型データも豊富に蓄積されている。しかし、RFLP 分析は煩雑であるため、簡便に検定できる PCR マーカーへの変換が望まれ本研究では、53 個の RFLP マーカープローブに対応するゲノム配列を、

日本型品種あそみのりとインド型品種 IR24 との間で比較した。その結果、33 個の RFLP マーカープローブ領域において、何らかの塩基配列多型が見出された。そのうち、3 個の領域では 19 bp 以上の挿入/欠失が見出されたので、amplicon length polymor-

phism (ALP) マーカーを作成した。残りの 30 領域では, single nucleotide polymorphism (SNP) および/または 8 bp 以下の挿入/欠失しか見出されなかったが, それらの塩基配列多型を利用することにより, 9 個の cleaved amplified polymorphic sequence (CAPS) マーカーおよび 21 個の derived CAPS (dCAPS) マーカーを作成することができた。dCAPS 法は, 主として, 制限酵素部

位に塩基配列多型が存在しないなど, CAPS 化が困難な場合に用いられたが, 遺伝子型判別を鮮明にするためにも用いられた。また, dCAPS 法においてプライマーにミスマッチを導入する際, ミスマッチの位置はプライマー 3' 末端から 3 塩基目またはそれ以上遠位に配置することが好ましいことが明らかになった。

Breeding Science 55: 93-98 (2005)

ハクサイ・キャベツの薬・小孢子培養における自然倍加の発生頻度

佐藤正紀¹⁾・加藤紀夫・岩井純夫²⁾・萩森 学³⁾

(日本たばこ産業(株)植物開発センター,¹⁾現:日本たばこ産業(株)葉たばこ研究所,²⁾現:鹿児島大学・農学部,³⁾現:近畿中国四国農業研究センター)

ハクサイの薬・小孢子培養, およびキャベツの薬培養により得られた再分化植物体の倍数性を調査した。ハクサイ品種 W1116 と信玄の薬培養由来と小孢子培養由来の再分化植物における二倍体の出現頻度を比較したところ, 小孢子培養由来では 60% 以上であったのに対し, 薬培養由来の場合は 20-30% であった。また, 異なるハクサイ 12 品種・系統の小孢子培養に由来する再分化植物では, 二倍体の出現頻度は 38-85% であった。キャベツの場合, 5 品種・系統の薬培養により得られた再分化植物の二倍体の出現頻度は 50-80%, 四倍体の出現頻度は 7-50% で, ハクサイ

に比べて自然倍加の頻度が高かった。これらのことから, ハクサイ・キャベツの薬・小孢子培養における染色体の自然倍加の発生頻度は, 材料植物の遺伝子型と培養条件に影響を受けていることが示唆された。また, ハクサイの小孢子培養により得られた不定胚の倍数性をフローサイトメーターにより調査した結果, 70% が二倍性で 30% が半数性であった。このことから, 小孢子胚形成における染色体の自然倍加は胚形成の初期段階で生じていることが示唆された。

Breeding Science 55: 99-102 (2005)

低グルテリン・26-kDa グロブリン欠失の水稲新品種「エルジーシー活」と「エルジーシー潤」

西村 実¹⁾・草場 信¹⁾・宮原研三¹⁾・西尾 剛²⁾・飯田修一³⁾・井辺時雄⁴⁾・佐藤宏之⁴⁾

(¹⁾農業生物資源研究所, ²⁾東北大学, ³⁾近畿中国四国農業研究センター, ⁴⁾作物研究所)

水稲新品種エルジーシー活とエルジーシー潤は, イネ種子の主要なタンパク質であるグルテリンの含量が減少した突然変異由来品種エルジーシー1に 26-kDa グロブリンが欠失した突然変異系統 89WPKG30-433 (コシヒカリの突然変異体) を交配して 2003 年に育成された品種である。両品種ともに片親のエルジーシー1 に比べて易消化性蛋白質のグルテリン含量はさらに減少し, 同じく易消化性蛋白質の 26-kDa グロブリンが完全に欠失しているため, 易消化性蛋白質は通常品種の約 1/2 まで減少している。従って両品種とも先に育成された低グルテリン品種エルジーシー1 をさらに改良した低易消化性蛋白質品種である。両新品種の総蛋白質含量はエルジーシー1 と同程度でやや低い方に属する。エルジーシー活の出穂期はコシヒカリよりやや早く, 温暖地東部から寒冷地南部までの栽培が可能である。稈長はエルジーシー1 並かやや短く, 穂数はエルジーシー1 に比べてやや

多い短稈穂数型である。耐倒伏性はエルジーシー1 と同程度でやや強く, 葉および穂もち圃場抵抗性はともにエルジーシー1 よりやや劣る。腹白, 心白, 乳白はエルジーシー1 よりやや発生が多い。食味はエルジーシー1 と同程度である。一方, エルジーシー潤の出穂期はコシヒカリより 2 日程度晩生で, エルジーシー1 とほぼ同程度で広く温暖地に適する。稈長はエルジーシー1 よりやや長く, 穂長・穂数ともにエルジーシー1 とほぼ同程度の中稈偏穂数型である。耐倒伏性はエルジーシー1 よりやや劣る。葉および穂もち圃場抵抗性はともにエルジーシー1 よりやや劣る。収量性はエルジーシー1 とほぼ同程度である。エルジーシー潤もエルジーシー活と同様に腹白, 心白, 乳白の発生がやや多い。食味はエルジーシー1 よりやや向上し, 腎臓病患者の食事療法用主食としてより使い易くなっている。

Breeding Science 55: 103-105 (2005)

AFLP および *Brassica*-SSR マーカーを利用したダイコン (*Raphanus sativus* L.) 分子連鎖地図の作成

津呂正人¹⁾・諏訪部圭太²⁾・久保中央^{1,3)}・松本 哲²⁾・平井正志^{1,3)}

(¹⁾京都府農業資源研究センター, ²⁾野菜茶業研究所, ³⁾京都府立大学大学院・農学研究科)

中国ダイコン‘黄河紅丸’と日本ダイコン‘打木源助’とのF₁分離集団を用いて, AFLP, *Brassica rapa* 由来 SSR および自家不和合性特異的 SLG マーカーによるダイコンの分子連鎖地図を作成した. 38 組の AFLP, 60 組の SSR および 1 組の SLG プライマーを供試したとき, 合計 328 個の多型が認められ, 221 個の遺伝子座 (221 個の AFLP, 19 個の SSR および 1 個の SLG) を 9 組の主要な連鎖群と 2 組の小連鎖群からなる全長 675.8 cM の連鎖地図に座乗させることができた. 自家不和合性遺伝子 (S- 遺伝子座) は第 2 連鎖群で認められた. 他方, SSR は 8 組の主要な

連鎖群に広範に分布しており, 第 1, 第 2, 第 3 および第 4 連鎖群では複数個座乗していた. しかしながら, 第 4 連鎖群以外のいずれの連鎖群においても, 同一連鎖群に座乗した SSR が *B. rapa* の異なる複数の連鎖群に由来しており, *R. sativus* と *B. rapa* とのゲノム間で遺伝的組み換えが高頻度で生じていることが示唆された. 本研究で得られた連鎖地図は今後, ダイコンの育種あるいはアブラナ科植物間の遺伝的関係を知る上で有用であると思われる.

Breeding Science 55: 107–111 (2005)