

遺伝子銃法によるダイズ不定胚への遺伝子導入条件の至適化

Mutasim M. Khalafalla^{1,2,5)}・Rahman S. Mizanur^{1,2,6)}・Hany A. El-Shemy^{1,2,7)}・中本有美²⁾・若狭 暁^{2,3,4)}・石本政男^{1,2,8)}

(¹⁾近畿中国四国農業研究センター, (²⁾科学技術振興機構・CREST, (³⁾作物研究所, (⁴⁾東京農業大学・農学部, (⁵⁾現: Commission of Biotechnology and Genetic Engineering・Sudan, (⁶⁾現: 福岡県農業総合試験場, (⁷⁾現: Faculty of Agriculture・Cairo University, (⁸⁾現: 北海道農業研究センター)

遺伝子銃法はダイズ形質転換体の作出に広く使用されている方法である。この方法では、金粒子などの微粒子表面に導入遺伝子を塗布し、ガスなどの圧力によって未熟子葉から誘導した不定胚（体細胞胚）へ導入する。遺伝子の導入条件は形質転換の効率に影響すると考えられるが、導入条件を体系的に調査した研究はない。そこで、遺伝子銃法によるダイズ形質転換体の作出における、金粒子の大きさ、撃ち込み距離、ガス圧、DNA量、回数の5つの導入条件の影響を調査した。緑色蛍光タンパク質 [sGFP (S65T)] 遺伝子を各種条件で不定胚へ撃ち込み、観

察により緑色蛍光タンパク質の一過的発現強度を比較した。その結果、0.8 μg の遺伝子導入用プラスミドを直径 0.6 μm の金粒子の表面に塗布し、6 cm の撃ち込み距離で 7.6 MPa (1,100 psi) の圧力（ラプチャーディスク）を用いて二度撃ち込んだ場合に、最も良好な一過的発現を示した。この導入条件で形質転換体を作成したところ、以前の方法と比較して形質転換効率は有意に改善された。

Breeding Science 55: 257–263 (2005)

ゲノミック *in situ* ハイブリダイゼーションによるヒガンバナ属 (Amaryllidaceae) におけるゲノム分化の同定

尾川武史¹⁾・樽本 勲¹⁾・馬 彪¹⁾・上野美華子¹⁾・栗田子郎²⁾

(¹⁾大阪府立大学大学院・農学生命科学研究科, (²⁾千葉大学・理学部)

ヒガンバナ属の染色体構成を明らかにするために、ヒガンバナ属 6 種と 3 つの種間雑種についてゲノミック *in situ* ハイブリダイゼーション (GISH) による調査を行った。プローブ DNA とブロッキング DNA には、それぞれ *L. aurea* ($2n=13, 9M+4T$) と *L. sprengeri* ($2n=22, 22A$) の全 DNA を用いた。*L. aurea* ($9M+4T$) と *L. longituba* ($6M+10T$) の染色体は、すべてプローブ DNA とハイブリダイズし、黄色くラベルされたが、*L. sprengeri* ($22A$) と *L. radiata var. pumila* ($22A$)、*L. sanguinea* ($22A$) の染色体は、全くラベルされなかった。 $6M+10T$ の核型をもつ種と $22A$ の核型をもつ種との交雑による異質三倍体と考えられている *L. incarnata* ($3M+5T+20A+1M'+1m$) では、ラベルされた 8 本 ($3M+5T$) の染

色体とラベルされなかった 22 本 ($20A+1M'+1m$) の染色体が観察された。また、同様の方法によって *L. incarnata* と二倍体種 3 種 (*L. sprengeri*, *L. radiata var. pumila*, *L. sanguinea*) との種間雑種 ($3M+5T+31A+1M'+1m$) のゲノム構成について調査を行った。これら種間雑種では、ラベルされた 8 本 ($3M+5T$) の染色体とラベルされなかった 33 本 ($31A+1M'+1m$) の染色体が観察された。このように M+T 型と A 型染色体間に DNA 配列レベルでの違いが確認されたことから、ヒガンバナ属においてゲノム分化が生じていることが明らかとなった。

Breeding Science 55: 265–269 (2005)

SSR マーカーを用いた北日本におけるクリ (*Castanea crenata*) の遺伝的多様性

田中孝尚¹⁾・山本俊哉²⁾・鈴木三男¹⁾

(¹⁾東北大学植物園, (²⁾果樹研究所)

北日本に自然分布する野生クリ集団の遺伝的多様性について解析を行った。解析に用いた 245 個体を 7 地域から採集し、5 種の SSR マーカーを用いて遺伝的多様性の評価を行った。クリの

全集団において 79 種 (1 座平均: 15.8) の対立遺伝子を検出した。全集団の 1 座におけるヘテロ接合度の観察値 (H_0) の範囲は、0.638 ~ 0.835 であった。また、各集団におけるヘテロ接合

度の観察値 (H_D) の平均値の範囲は、0.677 ~ 0.793 であり、野生のクリ集団における高いレベルの遺伝的多様性が示された。作成したフェノグラムの結果から野生のクリ 6 集団は、3 つのクレード (小樽, 津軽—青森—南茅部—下北, 筑波) に分けられた。津軽—青森—南茅部—下北のクレードでは、他の 2 つのクレードに比べ、遺伝的分化の程度は非常に低かった。野生のクリと栽培品種のヘテロ接合度および対立遺伝子サイズの範囲の

比較を行った。その結果、ヘテロ接合度において両者間で顕著な差異は検出されなかった。さらに、栽培品種で検出した対立遺伝子サイズの範囲は、野生のクリ集団で検出した対立遺伝子サイズの範囲内に含まれており、栽培品種は、野生のクリから選抜されてきた可能性が示唆された。

Breeding Science 55: 271–277 (2005)

異なる遺伝的背景におけるイネ主働遺伝子 *Ur1* (Undulate rachis -1) の収量増加効果

村井正之¹⁾・中村克也¹⁾・斉藤美香¹⁾・永山敦士¹⁾・伊勢一男²⁾

(¹⁾高知大学・農学部, (²⁾国際農林水産業研究センター)

イネの不完全優性遺伝子 *Ur1* は、1 穂穎花数の増加によってシンクサイズを拡大し、収量を増加することができる (Murai *et al.* 2002)。本研究では、*Ur1* による収量増加効果と遺伝的背景の関係を検討した。九州地方における極短稈品種「ニシヒカリ」(N と略称) を母方として *japonica* 品種台中 65 号の *Ur1* と *sdl-d* の両方を有する同質遺伝子系統を父方とした F_1 から、ヘテロ型反復自殖法により *Ur1* に関する 4 対の同質遺伝子系統対 (27^U などの *Ur* 系統と 27^+ などの + 系統, F_9 または F_{10} から選抜) を育成した。また、戻し交雑法により N の *Ur1* に関する同質遺伝子系統 (N^U) を育成した。これら 5 対の同質遺伝子系統を 2001 年に水田条件で栽培・調査した。分散分析によると、収量、1 穂穎花数、登熟歩合および稈長において、*Ur1*、遺伝的背景および両者の相互作用はいずれも有意であった。*Ur* 系統の収量は、最大 752 g/m^2 (N^U) から最小 542 g/m^2 (30^U) であった。*Ur1* による

収量増加は、 250 g/m^2 (61%) から 75 g/m^2 (16%) の差異があった。*Ur1* による 1 穂穎花数の増加 (増加率) は、62.1 ~ 39.2 (90 ~ 42%) であり、遺伝的背景による差違が大きかった。また、+ 系統 (遺伝的背景) の 1 穂穎花数の値と *Ur1* によるその増加率の間には、有意な負の相関があった。 30^U の登熟歩合は 30^+ より相対的に 17% 低下したが、それ以外の同質遺伝子系統対においては *Ur1* による有意な低下はみられなかった。*Ur1* は、 27^+ などの遺伝的背景においては稈長を増加したが、N と 30^+ の遺伝的背景では増加しなかった。以上の結果および 2000 年の実験結果は、N の遺伝的背景においては、*Ur1* による授精歩合の低下と長稈化の効果が発現しないことを示唆した。 N^U は、*Ur1* を用いた多収育種のための交配母本として有用と考えられる。

Breeding Science 55: 279–285 (2005)

Capsicum annuum の種内交雑由来半数性倍数体集団を用いた高能率ゲノムスキニング法 (HEGS/AFLP) および RAPD 法による連鎖地図の迅速な作製

杉田 亘¹⁾・木下哲次¹⁾・河野朋恵¹⁾・湯地健一^{1,5)}・山口和典^{1,6)}・長田龍太郎^{1,7)}・清水顕史²⁾・陳 蘭庄³⁾・川崎信二⁴⁾・轟 篤¹⁾

(¹⁾宮崎県総合農業試験場, (²⁾日本大学・生物資源科学部, (³⁾宮崎大学・遺伝子実験施設, (⁴⁾農業生物資源研究所, (⁵⁾現: 児湯農業改良普及センター, (⁶⁾現: 中部農業改良普及センター, (⁷⁾現: 宮崎県立農業大学校)

ピーマン (*Capsicum annuum* L.) 種内交雑による薬培養由来 176 系統の半数性倍数体系統 (DH) 集団を用いて、HEGS システムを利用した AFLP および RAPD 等による連鎖地図の作製を行った。それぞれ 382 の AFLP マーカー、122 の RAPD マーカー、3 の RFLP マーカー、7 の SCAR マーカーおよび 4 の CAPS マーカーを含め、計 518 の分子マーカーを用いて連鎖解析を行った結果、224 のフレームワークマーカーによる 11 の大きな連鎖群 (56.7–118.5 cM)、5 の小さな連鎖群 (1.8–33.1 cM)、計 16 の連鎖群からなる、総連鎖グループ長 1043.1 cM、平均マーカー間距離 4.6 cM の連鎖地図が得られた。一般的に種間交雑集団に比べ多型の検出頻度が低い種内交雑 DH 集団においても、HEGS シ

ステムを利用することで迅速に AFLP マーカーの開発が可能である。この連鎖地図作製に要した期間は短く、実質 2ヶ月の作業で得られた。連鎖解析の結果から PMMoV 抵抗性遺伝子座 (L^3) に連鎖した 3 の AFLP マーカーおよび 1 の RAPD マーカーが得られ、また、辛味発現に関する遺伝子座 (C) に連鎖した 1 の AFLP マーカーが得られた。さらに C 遺伝子座近傍のマーカーを得るため、マイクロサテライトマーカー (PAP-SSR) を利用したところ C 遺伝子座から 0.6 cM の距離に位置づけられた。また、*Capsicum* 属 3 種において、フラグメント解析と塩基配列解析により PAP-SSR の有効性検定を行った結果、この座において多くのアリルが認められた。以上のことからこれらのマーカー

はピーマン育種におけるマーカー選抜育種 (MAS) に有効であると思われる。

Breeding Science 55: 287–295 (2005)

ヨシ (*Phragmites australis*) の 2 つのクローン間における硝酸吸収の遺伝的差異

荒木良一¹⁾・森 真理²⁾・森 正之³⁾・長谷川 博^{1,4)}

(¹⁾滋賀県立大学大学院・環境科学研究科, ²⁾滋賀県農業技術振興センター, ³⁾石川県立大学・生物資源工学研究所, ⁴⁾滋賀県立大学・環境科学部)

ヨシ (*Phragmites australis*) は河川や湖沼の富栄養化物質の除去に有用と考えられている。本研究ではファイトレメディエーションに有効なヨシの育種を行うための基礎として、ヨシの硝酸吸収能力に関する遺伝的差異を明らかにした。硝酸吸収の生理学および分子生物学的研究には琵琶湖周辺に自生するヨシ群落から分離した 2 つのヨシのクローン (W-6 と W-8) を用いた。硝酸吸収に対する W-6 と W-8 の K_m の値はそれぞれ 80.8 と 45.2 μM , V_{max} はそれぞれ 10.62 と 2.37 $\mu\text{mol g}^{-1} \text{root f.w. h}^{-1}$ であり、ヨシのクローン間には硝酸吸収に対する遺伝変異の存在が示唆された。この変異を分子レベルで明らかにするために、2 つのクローンからヨシの高親和性硝酸トランスポーター遺伝子

(*NRT2*) を単離し、その *NRT2* の構造と発現を解析した。ヨシの *NRT2* は 523 残基のアミノ酸からなることが推定され、他種の単子葉植物の *NRT2* と高い相同性を示した。ヨシの *NRT2* は 200 μM の硝酸で処理をした根で強く発現していた。W-6 と W-8 の *NRT2* の間には 3 つのアミノ酸配列の違いが見られた。*NRT2* の転写の差異も両クローン間で見られた。硝酸吸収に対する K_m と V_{max} の差異がヨシの *NRT2* の構造と遺伝子の転写量の差異によるものかどうかについては不明な点が残ったが、本研究により得られた結果は硝酸除去に有用なヨシの選抜が可能であることを示している。

Breeding Science 55: 297–302 (2005)

製パン適性の少量選抜法の遺伝率に対する選抜方向とピュロインドリン遺伝子型の影響

西尾善太¹⁾・高田兼則^{1,3)}・池田達哉³⁾・藤田由美子³⁾・伊藤美環子¹⁾・田引 正¹⁾・船附 (丸山) 稚子²⁾・山内宏昭¹⁾・入来規雄²⁾

(¹⁾北海道農業研究センター, ²⁾北海道農業研究センター, ³⁾近畿中国四国農業研究センター)

パン用小麦品種の育種における重要な選抜法には、タンパク質含量、SDS 沈降量、単一穀粒分析装置 (SKCS) による穀粒硬度を用いた少量選抜法がある。これらの少量選抜法の遺伝率に対して、選抜方向 (上方向、下方向) と親品種のピュロインドリン遺伝子型がおよぼす影響を“ホクシン /KS 831957// 北見 72 号 / 札系 226 号” (*Pinb-D1a/D1b//D1a/D1b*) と“東北 195 号 /KS 831957// 北見 72 号 / 札系 226 号” (*Pinb-D1b/D1b//D1a/D1b*) の F_3 , F_4 集団を用いて解析した。SKCS 硬度と SDS 沈降量は比較的高い遺伝率を示したが (0.71–0.89)、タンパク質含量の遺伝率は低かった (0.27–0.38)。SDS 沈降量は上方向の遺伝率 (0.66–0.67) よりも下方向の遺伝率 (0.88–0.91) が高い値を示したが、SKCS

硬度の遺伝率は両方向で同様の遺伝率を示した。SKCS 硬度とタンパク質含量は、親品種のピュロインドリン遺伝子型が *Pinb-D1a/D1b//D1a/D1b* の組合せで高い遺伝率を示したが、SDS 沈降量の遺伝率は親品種のピュロインドリン遺伝子型の影響を受けなかった。以上より、SDS 沈降量による選抜は、親品種のピュロインドリン遺伝子型に関わらず、製パン性が劣る系統の足切り選抜に適していることが明らかになった。SDS 沈降量と SKCS 硬度はそれぞれ高い遺伝率を示し、両者の相関係数が低いことから、両指標による同時選抜が効率的なパン用小麦の選抜に有効であると考えられた。

Breeding Science 55: 303–310 (2005)

シロイヌナズナ由来の *DREB1A* 遺伝子および *rd29A* プロモーターを導入した遺伝子組換え体の 4 倍性ジャガイモ品種 Desiree における耐塩性の誘導について

Fevziye Celebi-Toprak^{1,4)}・Babak Behnam¹⁾・Gustavo Serrano²⁾・春日美江³⁾・篠崎和子³⁾・中 寛⁵⁾・渡邊純子^{1,5)}・山中慎介^{1,6)}・渡邊和男^{1,5)}

(¹⁾筑波大学大学院・遺伝子実験センター, (²⁾筑波大学大学院・バイオシステム研究科, (³⁾国際農林水産業研究センター, (⁴⁾現: Pamukkale University, Turkey, (⁵⁾元: 近畿大学・生物理工学部, (⁶⁾現: 農業生物資源研究所)

シロイヌナズナ由来の *DREB1A* 遺伝子および *rd29A* プロモーターは、環境ストレスにより誘導され、異なる耐乾燥性、耐塩性を発現させる。これらを用いて、4 倍性ジャガイモ品種 Desiree について遺伝子組換え体を多数作成した。これら組換え体 (T_0) 当代の遺伝子発現と耐塩性の程度は対応しており、正の相関があった。組換え遺伝子を一コピーのみ持つと見なされる耐塩性の組換え体系統について非組換え体と交雑を行い、後代実生を

得た。後代 (T_1) での分離検定により、これら組換え体当代 (T_0) には Simplex である系統があることが認められた。これら Simplex の系統は、組換え遺伝子およびこれから誘導されると考えられる耐塩性について高い発現が認められており、同質 4 倍体においてもシングルコピーの *DREB1A* 遺伝子および *rd29A* プロモーターの組み合わせは有効であることが認められた。

Breeding Science 55: 311–319 (2005)

幼根長によるトウモロコシ耐塩性に関する三重検定交配解析

Asif Ali Khan¹⁾・Thomas McNeilly²⁾

(¹⁾Dept. of Plant Breeding and Genetics, University of Agriculture, Faisalabad, Pakistan, (²⁾School of Biological Sciences, The University of Liverpool)

トウモロコシの耐塩性に関する遺伝学的知見を得るために三重検定交配 (Triple Test Cross, TTC) にもとづく解析を行った。NaCl 濃度を 0 (対照区) および 80 mM (処理区) とし、TTC 後代の幼根長を調査した。根長解析の結果、エピスタシスが実生段階の耐塩性に重要であることが示唆された。NaCl ストレス下の絶対的・相対的な根長にとって優性×優性効果が重要であっ

た。相加×処理交互作用は有意ではなかったが、エピスタシス×処理相互作用は有意となった。非相加効果が実生段階での耐性を制御していること、優性効果は耐塩性に関して両方向へ現れることが明らかとなった。

Breeding Science 55: 321–325 (2005)

コムギにおける日長反応性の遺伝解析ならびに西南日本における出穂早晚性との関係

谷尾昌彦¹⁾・加藤鎌司²⁾・石川直幸³⁾・田村泰章¹⁾・佐藤光徳¹⁾・高木洋子¹⁾・松岡 誠¹⁾

(¹⁾国際農林水産業研究センター, (²⁾岡山大学・農学部, (³⁾近畿中国四国農業研究センター)

西南日本におけるコムギの出穂早晚性と春播性遺伝子型および日長反応性遺伝子型との関係を解明するため、コムギ 8 品種を供試して播性および日長反応性の遺伝解析を行った。春播性遺伝子に関する対立性検定の結果、「フクワセコムギ」、「ゼンコウジコムギ」および「Schomburgk」はそれぞれ *Vrn-D1*, *Vrn-D1* および *Vrn-A1* を単独で持つことが明らかになった。日長反応性については、「ハルヒカリ」は感受性であり、 F_2 および B_1F_1 世代を用いた分離分析の結果、非感受性の主働遺伝子を持たないことが確認された。その他の 7 品種は非感受性であり、分離分析の結果、中生～晩生の 6 品種、「農林 61 号」、「ゼンコウジコ

ムギ」、「埼玉 27 号」、「Schomburgk」、「農林 59 号」および「農林 67 号」、は単一の非感受性主働遺伝子 *Ppd-S* を持つこと、および極早生品種「フクワセコムギ」は 2 個の非感受性主働遺伝子 *Ppd-S* と *Ppd-F* を持つことが明らかになった。また、これら 2 遺伝子のうち *Ppd-F* は *Ppd-S* よりも強い日長非感受性効果を持つことが示唆された。以上の結果より、西南日本におけるコムギの出穂早晚性は *Vrn* 遺伝子型とは関係なく、*Ppd* 遺伝子型と密接に関係していることが示された。

Breeding Science 55: 327–334 (2005)

コムギの遺伝的背景に添加された異種染色体を分析するためのオオムギ EST マーカーの拡大利用

Adel Abdel-Aziz Hagra¹⁾・岸井正浩^{1,3)}・佐藤和広²⁾・田中裕之¹⁾・辻本 壽¹⁾

(¹⁾鳥取大学・農学部, ²⁾岡山大学・資源生物科学研究所, ³⁾Genetic Resources, CIMMYT)

この研究の主目的は、コムギと近縁異種植物の間で多型を示す DNA マーカーを作ることである。そのために、オオムギにおいて作られた 1,165 種類の EST プライマーセットをコムギおよびコムギ連の広い変異を包含する 10 種に適用した。これらのプライマーは 4 つのグループから構成される。第 1 シリーズはオオムギの EST プライマーセットからランダムに選んだマーカーのプールである。残りの 3 シリーズは、これまでの研究によって、オオムギとコムギの間で多型および共増幅パターンを示したものである。これらのプライマーセットのうち、22% から 100%

が、各々の種において単一バンドの増幅を示し、そのうち 29% から 75% がコムギに対して多型であった。増幅率は、オオムギからの系統学的距離と関連があった。この研究によって、それぞれの種とコムギとの間で多型を示す多数 (78–859) のマーカーを得ることができた。これらのマーカーは、コムギの遺伝的背景に添加された異種染色体の同定に有用であることが期待される。野生種の基礎および応用研究において、このマーカーの有用性を議論する。

Breeding Science 55: 335–341 (2005)

熱帯系トウモロコシの湛水条件下における地表の不定根形成能の QTL 解析

間野吉郎¹⁾・大森史恵¹⁾・村木正則²⁾・高溝 正¹⁾

(¹⁾畜産草地研究所, ²⁾九州沖縄農業研究センター)

トウモロコシデント種 B64 と熱帯系フリント種 Na4 との交雑 F₂ 集団 110 個体を供試して湛水条件下における地表の不定根形成能の QTL 解析を行った。F₂ 集団における幼植物の不定根形成能は連続変異を示した。QTL 解析の結果、不定根形成能に関連する QTL が第 3 染色体、第 7 染色体、第 8 染色体に座乗することが明らかとなった。また、いずれの QTL も Na4 の対立遺伝子を持つ系統が高い不定根形成能を示した。B64 と Na4 の交

雑集団と B64 と *Zea mays* ssp. *huehuetenangensis* の交雑集団の不定根形成能に関連する QTL の位置を比較したところ、第 8 染色体の QTL が一致した。B64 と Na4 の交雑集団における不定根形成能に関連する QTL とすでに報告されている水耕栽培で測定した根の各種形質の QTL との関連性が示唆された。

Breeding Science 55: 343–347 (2005)

アジアのパンコムギにおける低分子量グルテニンサブユニット遺伝子の多様性

田中裕之・豊田昌子・辻本 壽

(鳥取大学・農学部)

アジアのパンコムギ品種の低分子量グルテニンサブユニット遺伝子の多様性を解析した。低分子量グルテニンサブユニットの遺伝子座特異的プライマーを用いて行った PCR の結果、*Glu-A3* 座では 4 個、*Glu-B3* 座では 4 個、*Glu-D3* 座では 1 個の対立遺伝子が見出された。日本のパンコムギ品種における *Glu-A3* 座の対立遺伝子頻度は、その他のアジアのパンコムギ品種と比べて非常に異なっていた。3 つの *Glu-3* 座の対立遺伝子の組み合わせは、15 タイプの遺伝子型に分類された。アジアの各地域に由来する各遺伝子型頻度は、様々であった。*Glu-3* 座の遺伝子型 *BAA* (*Glu-A3* 座が *B*, *Glu-B3* 座が *A*, *Glu-D3* 座が *A* 対立遺伝子) は、多くのアジアのパンコムギ品種でみられた。*Glu-3* 座の遺伝子型

BBA, *CAA*, *DBA* は南アジア、北アジア、日本においてそれぞれ高頻度に見られた。さらに、*Glu-3* 座の遺伝子型 *BBA* または *CAA* を保有するパンコムギ品種は、それぞれ特異的な高分子量グルテニンサブユニットとグリアジンの構成をもっていた。DNA の塩基配列を調べた結果、*Glu-A3* 座の対立遺伝子 *B* はシステイン残基を 1 つ余分にもっており、対立遺伝子 *C* は特異的な領域にアミノ酸残基の欠失がみられた。このようなアミノ酸残基の変異は、小麦粉の主要な特性である生地強度に影響を与えると考えられる。

Breeding Science 55: 349–354 (2005)

野生種トマトにおけるトマトうどんこ病菌 *Oidium neolycopersici* 抵抗性系統の選抜

松田克礼¹⁾・森 義典¹⁾・阪野洋平¹⁾・西田正芳¹⁾・樽本浩司¹⁾・野々村照雄¹⁾・西村浩明²⁾・草刈眞一³⁾・豊田秀吉¹⁾

(¹⁾近畿大学・農学部, ²⁾カゴメ総合研究所, ³⁾大阪府食とみどりの総合技術センター)

トマトうどんこ病は急激にその発生地域を拡大し、トマト栽培に被害を及ぼしている。実際、著者らの実験圃場で発生したうどんこ病菌は、年々その被害を拡大する傾向にある。また、本菌の発生は日本各地で報告され、北海道から九州まで全国的規模に被害は拡大している。一方、オランダにおいて本菌に対する抵抗性の栽培品種「グレース」が育種され、欧米を中心にうどんこ病耐病性トマト品種として栽培が開始された。しかしながら、近畿大学農学部において単離されたトマトうどんこ病菌 *Oidium neolycopersici* (KTP-01) は、その感染宿主範囲の相違から諸外国で報告されている *O. neolycopersici* と異なる病原型であると考えられる。そこで、KTP-01 を「グレース」に接種し、その抵抗性レベルを調査したところ、罹病性品種の「マナーメーカー」と同程度の標徴が確認され、KTP-01 は「グレース」に感染することが明らかとなった。以上の状況から、トマトうどん

こ病菌 KTP-01 に対する抵抗性遺伝子を検索するため、野生型トマト 8 種 72 系統から抵抗性系統の選抜を試みた。まず、野生種トマトおよび高度感受性品種「マナーメーカー」の苗を温室内に定植し、本菌に罹病したトマト個体から分生胞子を拡散・接種した (1 次選抜)。その結果、本菌に対して抵抗性を示す 8 系統の *L. hirsutum* が確認された。そこで、2 次選抜としてこれら 8 系統に本菌分生胞子を接種し、2 週間後に標徴の有無を確認したところ、4 系統は強度抵抗性を示し、他の 4 系統は壊死を伴う中度抵抗性を示すことが明らかとなった。また、それら抵抗性系統の反応を細胞化学的に調査したところ、特に、前者の系統では侵入を受けた表皮細胞の過敏感反応によって、接種 24 時間以内にうどんこ病菌の 1 次吸器の形成が完全に抑制されていた。

Breeding Science 55: 355–360 (2005)

イネ *Chlorophyllide a Oxygenase* (CAO) の解析

森田竜平¹⁾・草場 信¹⁾・山口博康¹⁾・天野悦夫²⁾・宮尾安藝雄³⁾・廣近洋彦³⁾・西村 実¹⁾

(¹⁾農業生物資源研究所・放射線育種場, ²⁾福井県立大学・生物資源学部, ³⁾農業生物資源研究所)

クロロフィル (Chl) は光合成におけるエネルギー捕捉等に重要な役割を果たしている。陸上植物には 2 種類のクロロフィル、Chl *a* と Chl *b* が存在し、このうち Chl *b* は周辺集光タンパク質である light-harvesting chlorophyll *a/b*-protein complex (LHCP) にのみ含まれている。Chl *b* 合成の鍵酵素は Chlorophyllide *a* Oxygenase (CAO) である。イネにおいてはアミノ酸配列で互いに 86.7% の相同性を示す CAO 類似遺伝子が隣接して 2 つ (CAO-9 および CAO-11) 存在することが判明した。放射線により誘発された Chl *b* 欠損突然変異体 2 系統はいずれも CAO-9 に変異を持っていた。また、CAO-9 の *Tos17* 遺伝子破壊系統は Chl *b* 欠損を示したのに対し、CAO-11 の *Tos17* 遺伝子破壊系統では Chl *b* を正常に蓄積していた。したがって、イネにおける CAO (*OsCAO*)

は CAO-9 であり、CAO-11 は偽遺伝子であると考えられた。CAO-11 には、CAO の活性に重要と考えられる Rieske center binding motif にアミノ酸置換が観察された。また *cao-2* 突然変異体では mononuclear iron binding motif のうち 1 アミノ酸が欠失していた。これらの結果は両モチーフが CAO の活性に重要であることを示唆する。イネ成熟葉タンパク質の SDS-PAGE 解析結果から、*cao* 突然変異体では 3 つのクロロフィル結合性タンパク質のバンドが欠失していることが判明し、それぞれ LHCP の 3 量体、2 量体、単量体であると考えられた。ウェスタン解析により 2 量体と考えられるバンドは主に LHCI で構成されているものと推察された。

Breeding Science 55: 361–364 (2005)

ミャンマー在来バナナ品種の多様性評価

宛 焜嵩^{1,2)}・渡邊純子¹⁾・San San Yi³⁾・Than Htaik³⁾・Kyaw Win³⁾・山中慎介¹⁾・中村郁郎⁴⁾・渡邊和男¹⁾

(¹⁾筑波大学大学院・遺伝子実験センター, ²⁾中国農業科学院・生物技術研究所, ³⁾ミャンマー野菜果樹研究開発センター, ⁴⁾千葉大学大学院・自然科学研究科)

バナナ (*Musa* spp.) は熱帯地域を中心に重要な食糧源として広範囲にわたり栽培・利用されている。ミャンマー連邦もそれ

らの地域のひとつであり、多数の品種が栽培されている。それらは用途に応じて伝統的な品種名がつけられているが、遺伝・育

種学的見地からの分類はなされておらず、不明な点が多い。本研究ではそのようなミャンマー在来バナナ 13 品種および比較対照として INIBAP より提供をうけた 11 の国際標準品種を用いて、PBA マーカーをもちいた機能ゲノム領域の多型性について調べた。得られた多型パターンをもとにクラスター分析および主成分分析を行ったところ、ミャンマーおよび国際標準品種はそれぞれ 4 つおよび 5 つのグループに分かれた。また、両者

を統合して解析した結果、個別に解析した場合のミャンマーのグループと国際標準のグループの間にそれぞれ対応関係が認められた。また、ミャンマー在来品種の中には同じ品種名で呼ばれているが遺伝的には異なる品種であると考えられるものが存在した。これらの知見はミャンマーにおけるバナナ育種や多様性研究に有用な情報を提供できるものと考えられる。

Breeding Science 55: 365–369 (2005)

コシヒカリのいもち病真性抵抗性同質遺伝子系統の育成と特性評価

石崎和彦¹⁾・星 豊一²⁾・阿部聖一²⁾・佐々木行雄¹⁾・小林和幸¹⁾・松井崇晃¹⁾・重山博信³⁾・東 聡志¹⁾

(¹⁾新潟県農業総合研究所・作物研究センター, (²⁾新潟県三条農業振興事務所, (³⁾新潟県巻農業振興事務所)

連続戻し交雑法といもち病の抵抗性検定を組み合わせ、主働遺伝子支配であるいもち病真性抵抗性をコシヒカリに導入し、8 種類のいもち病真性抵抗性同質遺伝子系統 (以下 BL と略す) を育成した。コシヒカリ新潟 BL1 号, コシヒカリ新潟 BL2 号, コシヒカリ新潟 BL3 号, コシヒカリ新潟 BL4 号, コシヒカリ新潟 BL5 号, コシヒカリ新潟 BL6 号, コシヒカリ新潟 BL7 号およびコシヒカリ新潟 BL8 号は、それぞれ、ササニシキ, トドロキワセ, Pi No. 4, 新潟早生, 越みのり, ツユアケ, とりで 1 号および BL1 を 1 回親とした。いもち病真性抵抗性遺伝子型は、それぞれ、*Pia*, *Pii*, *Pita-2*, *Piz*, *Pik*, *Pik-m*, *Piz-t* および *Pib* を単独で有すると推定された。主要特性のうち、稈長について BL2 号, BL5 号および BL8 号に有意性が示されたが、コシヒカリと

の差は僅か 2% から 4% 程度であり、実用上問題となる大きさではなかった。また、BL1 号および BL2 号の玄米千粒重, BL3 号の玄米品質および BL7 号の食味についても有意性が示されたが、コシヒカリよりも優れる方向を示す僅かな差であり、問題となる大きさではないと考えられた。一方、新潟県における主要作付け 7 品種と BL の特性を主成分分析で解析したところ、両者を区別することが可能であった。したがって、BL は、いもち病真性抵抗性以外の特性について原品種コシヒカリと類似性が高く、他品種との区別性も明らかであることから、一般栽培への供用が可能と判断された。

Breeding Science 55: 371–377 (2005)

バーズフット・トレフォイル (*Lotus corniculatus* L.) とイネ (*Oryza sativa* L.) の非対称細胞融合による植物後代系統の特性

齊籐真弘¹⁾・千田峰生²⁾・石川隆二¹⁾・赤田辰治²⁾・原田竹雄¹⁾・新関 稔¹⁾

(¹⁾弘前大学・農学生命科学部, (²⁾弘前大学・遺伝子実験施設)

バーズフット・トレフォイル (品種 Viking) とイネ (系統 A-58) の非対称細胞融合によってバーズフット・トレフォイルの核を持つと思われる再分化植物を作出した。その後代種子を圃場に播種し、越冬後の次世代を鉢植えた。冬期間 20°C の温室で、弘前の自然日照条件下で生育させ、草丈と茎数を調査した。その結果、幼植物時の草丈の伸長は親品種のそれよりも有意に大きく、かつ茎数も多かった。4 月初旬にこれら全ての個体を温室外に移し、開花期に農業形質の調査を行った結果、乾物重、茎の直径、個体当たり花数は親品種よりも有意に高い値を示した。しかし、親品種の草丈は春から夏にかけて急伸長し、開花時に

は有意差は見られなかった。バーズフット・トレフォイルは春先の初期生育が悪く、雑草との競合に弱いことから牧草地育成が一般に困難であるが、この細胞融合後代系統の初期生育は親品種より低温かつ日照不足条件下で草丈や茎数の増加が旺盛な特性を有しているため、草地育成に有利であると考えられる。また、北アメリカやカナダでは土壌浸食防止のため、高速道路等の傾斜地に栽植され、一面に咲く黄色の花は美しい景観をもたらしてくれる。多茎、多花のこの細胞融合後代系統は花卉植物としての用途においても優れていると思われる。

Breeding Science 55: 379–382 (2005)