

ブラシカ属種間キメラおよび体細胞雑種後代由来細胞質雄性不稔系統の葉緑体ゲノム解析

太田雄三¹⁾・平田 豊²⁾・茂木 岳²⁾・服部 玄²⁾・野口 貴²⁾

(¹⁾東京農工大学大学院・連合農学研究所, ²⁾東京農工大学大学院・農学教育部)

筆者らは今まで、*Brassica rapa* と *B. oleracea* の間の *B. rapa* 型種間接木キメラおよび、*Raphanus sativus* と *B. oleracea* の *B. oleracea* 型非対称体細胞雑種後代の CMS 系統を得た。これら CMS 系統についてはミトコンドリアにオグラ型 (*orf138*) 遺伝子を持つことがこれまでの研究で示された。また、これら CMS 系統はオグラ型特有のクロロシスを起こすことが観察され、イネ葉緑体 BAC ライブラリーをプローブに用いた RFLP 解析により、両親の稔性系統と比較してミトコンドリアだけではなく葉緑体についても変化が起きていると予想された。しかし現在まで葉緑体と CMS との関連を研究したものはほとんどない。そこ

で本研究では、CMS 系統の葉緑体ゲノムに着目し研究を行った。*Brassica* 属を含む多くの植物での系統分類に使われる葉緑体の *matK* 遺伝子を用いて稔性系統とこれら CMS 系統の葉緑体の変異について調査した。*Brassica rapa* と *B. oleracea* の種間キメラの後代において、*matK* 遺伝子の配列が *R. sativus* 型の配列に変異し、さらに両親系統の *Brassica rapa* と *B. oleracea* において少コピー数ながら *R. sativus* 型の *matK* 遺伝子が存在することが示された。これは、ミトコンドリアゲノムの変異現象と極めて類似していた。

Breeding Science 56: 1-5 (2006)

品種候補系統集団の中から最高収系統を選抜するための多段階収量選抜方式の最適化

石井卓朗¹⁾・米澤勝衛²⁾

(¹⁾茨城県農業総合センター・生物工学研究所, ²⁾京都産業大学・工学部)

一群の品種候補系統に対して3段階収量選抜試験を適用する場面で、最高収系統を獲得する確率 (S) を最大にするという観点から、各選抜段階(年次)で用いるべき試験地数 (s_j , j は選抜段階を示す)、各試験地内の反復数 (u_j)、選抜比率 (p_j) および年次あたりの圃場面積 (α_j) を検討した。収量スコアに誤差をもたらす諸条件を現実的な範囲に設定してモンテカルロシミュレーションを行った結果、 S を決定するのは反復数 u_j ではなく、試験地 s_j の総数と各段階へのその配分のしかたであることが示された。試験地の総数が同じ場合、 $s_1=s_2=s_3$ と等配分するのがよい(遺伝子型×場所の交互作用が大きい場合は、 $s_1>s_2>s_3$)。試験地はできれば選抜段階ごとに新たに設けるのが望ましい。選抜比率 (p_j) と圃場面積 (α_j) の配分に関しては、多くの場合

$p_1<p_2<p_3$, $\alpha_1>\alpha_2>\alpha_3$ のように配分するのがよい。反復数 (u_j) については、特にこだわるべき配分パターンはなく、利用可能な圃場総面積や上述の s_j , p_j , α_j の配分に沿って決めればよい。これまで広く受け容れられてきた $1 (=s_1)<s_2<s_3$ という試験地数の配分は、圃場面積が厳しく制限されている中で多くの系統を供試しなければならない等の理由で、第1段階に複数の試験地を配分できない場合を除いて適当ではない。系統×年次の交互作用が収量スコアの最大の誤差要因である場合(年々の気象変動が著しい地域での試験)は、選抜比率の配分は $p_1<p_2<p_3$ ではなく $p_1>p_2>p_3$ とする方がよい。

Breeding Science 56: 7-15 (2006)

高蛋白および低トリプシンインヒビター活性サツマイモ系統の選抜

外山 潤^{1,2)}・吉元 誠¹⁾・山川 理^{1,3)}

(¹⁾九州沖縄農業研究センター, ²⁾科学技術振興事業団・重点研究支援協力員, ³⁾現:九州沖縄農業研究センター)

サツマイモ (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) の塊根を家畜飼料として用いる場合、低い蛋白質含量と抗栄養因子のトリプシンイ

ンヒビター (Trypsin inhibitor: TI) の存在は、飼料価値を低める要因となる可能性がある。そこで、高蛋白や低 TI 活性のサツマイ

イモ系統の育成を試みた。1998–2003年に約800系統のサツマイモ塊根の粗蛋白質含量とTI活性を測定し、標準品種の「シロユタカ」(粗蛋白質含量:19.9 mg/g DW, TI活性:186 U/mg DW)との比較により、高蛋白の15系統(粗蛋白質含量:27.8–44.6 mg/g DW)と、低TI活性の7系統(TI活性:11–137 U/mg DW)を選抜した。さらに、サツマイモの系統間においては、粗蛋白質含量とTI活性間に高い相関が認められたため($r=0.871^{**}$)、同時に両形質を付与することは難しいと考えられたが、「九系94128-

1」(粗蛋白質含量:28.9 mg/g DW, TI活性:21 U/mg DW)と「KNF94225-13」(粗蛋白質含量:35.5 mg/g DW, TI活性:63 U/mg DW)の2系統を高蛋白・低TI活性の系統として見出すことができた。SDS-PAGE分析において、両系統は「シロユタカ」と比べてTIバンドの割合が著しく小さい特性を示した。「シロユタカ」から粗精製したTIは、サツマイモの主要な貯蔵蛋白質として知られるスボラミンに相当すると推定された。

Breeding Science 56: 17–23 (2006)

二条オオムギ品種間の交雑に由来する組換え自殖集団における赤かび病発病程度のQTL解析

堀 清純・佐藤和広・小林哲朗・武田和義

(岡山大学・資源生物科学研究所)

赤かび病抵抗性のオオムギ品種「ハルビン二条」と罹病性品種「トルコ6号」の交雑から組換え自殖集団を育成し、赤かび病の発病程度を評価した。「ハルビン二条」は、岡山大学資源生物科学研究所で保存しているオオムギ遺伝資源約5,000系統の中で最も高度の抵抗性を示す系統の1つである。赤かび病の発病程度は、2000–2001と2003–2004シーズンに切り穂検定法によって0(抵抗性)から10(罹病性)の11段階で評価した。育成した組換え自殖集団において、328のAFLPマーカー、45のSSRマーカー、1つのRFLP-STSマーカー、1つのAFLP-STSマーカーおよび4つの形態形質マーカーを含む連鎖地図を構築し、赤かび病の発病程度に関するQTL解析を行った。複合区間マッピング法によるQTL解析の結果、2000–2001シーズンは2H染色

体に1つ、2003–2004シーズンは4Hおよび6H染色体に1つずつのQTLを検出した。検出した3つのQTLは全て、「ハルビン二条」型の対立遺伝子を持つ系統が発病程度を抑制する効果を示した。2H染色体に見出されたQTLは、開閉花性の遺伝子座(*clv1/Clv2*)近傍に位置していた。「ハルビン二条」と同様に高度の抵抗性を示す「ロシア6号」を用いたQTL解析においても*clv1/Clv2*座近傍に赤かび病発病程度に関するQTLが見出されており、これらの2つの品種は同じ抵抗性遺伝子座を有する可能性が示唆された。*clv1/Clv2*座近傍に座乗するQTLは、オオムギの赤かび病抵抗性育種に有用であると考えられる。

Breeding Science 56: 25–30 (2006)

炭疽病抵抗性導入のための *Capsicum annuum* と *C. baccatum* の種間交雑における受精後の2つの遺伝的障壁の克服

Jae Bok Yoon^{1,2)}・Dong Cheol Yang¹⁾・Jae Wahng Do¹⁾・Hyo Guen Park^{1,2)}

¹⁾ Department of Horticultural Science, Seoul National University, ²⁾ The Center for Plant Molecular Genetics and Breeding Research, Seoul National University

最近栽培トウガラシ(*C. annuum*)の近縁野生種である*C. baccatum*に、炭疽病抵抗性の遺伝資源が発見されたが、抵抗性遺伝子の導入には両種の種間交雑が不可欠である。しかし従来の種間交雑では受精後の胚の致死により雑種が得られなかった。本実験では、*C. annuum*の多数系統を種子親として種間交雑を行った後、胚の発達を観察し、部分的に交雑可能な組合せをいくつか発見した。そこでそれら部分可稔の組合せに胚培養法を用いることにより、雑種個体を獲得した。受精後35–40日目の種子から魚雷型以降のステージの胚を摘出し、シュークロースと植

物ホルモンを含むMS培地で培養した。培養の結果生育した植物の雑種性が、*C. baccatum*に特異的な花卉の黄色スポットの存在とRAPD分析の結果により確認された。すべての雑種個体は旺盛な生育を示す一方で完全に不稔であったが、この不稔性は*C. annuum*を花粉親として戻し交雑を行うことによって克服された。その結果、多数の種間BC₁F₁個体が得られ、かつその世代に炭疽病抵抗性が伝達されていることが確認された。

Breeding Science 56: 31–38 (2006)

エゾリンドウ (*Gentiana triflora* var. *japonica*) の越冬芽では非ストレス条件下でストレス関連タンパク質が発現している

高橋美穂¹⁾・日影孝志^{1,2)}・山下哲郎³⁾・齋藤靖史¹⁾・遠藤元庸³⁾・堤 賢一¹⁾

(¹⁾岩手大学・寒冷バイオシステム研究センター, ²⁾安代町花き開発センター, ³⁾岩手大学・農学部)

エゾリンドウの越冬芽は春に根茎から成長し、初秋に休眠に入り、次の年の春に休眠から覚めて成長する。従って、休眠中の越冬芽は越冬のために耐冷性および耐凍性を有している。本論文では、耐冷性などの越冬芽の機能に関与するタンパク質を同定するために、越冬芽で特異的に発現しているタンパク質を二次元電気泳動で分離し、その部分アミノ酸配列を決定した。同定した越冬芽特異的あるいは越冬芽に特に多いタンパク質の中には、これまでにストレス誘導性タンパク質として報告されているエチレン誘導性エステラーゼ (2種類)、脱水誘導性タンパク質、グリオキサラーゼI、チオレドキシソニペルオキシダーゼ、アスコルビン酸ペルオキシダーゼ (2種類) およびある種の膜タンパク質と相同性の非常に高いものが含まれていた。興味あ

ることに、これらのタンパク質は初夏の低温などのストレスのない条件下でも冬期とほぼ同程度に発現していた。これらのタンパク質の発現量を、耐冷性の欠損した (低温下では枯死する) 越冬芽をつくるエゾリンドウ変異体で調べたところ、上記2種類のエチレン誘導性エステラーゼのうちの1つ、エノラーゼ、2種類のアスコルビン酸ペルオキシダーゼのうちの1つを含むいくつかのタンパク質の発現が極度に低下していた。従って、これらの越冬芽特異的タンパク質は越冬に備え、低温等のストレスを受ける前に越冬芽で予め発現する、耐冷性に関与するタンパク質であると考えられた。

Breeding Science 56: 39-46 (2006)

葉面温度による陸稲の耐干性評価法について

平山正賢^{1,3)}・和田義春²⁾・根本 博^{1,3)}

(¹⁾茨城県農業総合センター・生物学研究所, ²⁾宇都宮大学・農学部, ³⁾現: 作物研究所)

陸稲の品種育成における耐干性選抜法として、葉面温度を指標とする評価法の有効性を検討した。1995年から1997年に茨城県農業総合センター農業研究所畑圃場において陸稲育種事業の生産力検定試験に供試した水陸稲品種系統を用いて、葉面温度と蒸散速度、光合成速度の関係を調査した。葉面温度は放射温度計か携帯式光合成蒸散測定装置を用いて測定した。実験を行った3ヶ年とも葉面温度は蒸散速度と光合成速度の間に有意な負の相関関係を示した。さらに、1995年には葉面温度と玄米収量の関係を調査し、葉面温度の低いイネは有意に収量が高くなる傾向を認めた。また、深根性程度と葉面温度の関係について水陸稲7品種を用いて調査し、深根性品種ほど葉面温度が低く、蒸散速度と光合成速度が高い傾向が認められた。これらの結果から、深根性で吸水力の優れた陸稲品種は水分ストレス下でも高い蒸散速度と光合成能力とを示し、生産力を維持できることが示された。また、葉面温度による母本効果と選抜効果を

確認するため、耐干性程度の異なる陸稲農林糯4号と陸稲関東糯168号の後代系統 (F₄世代) の葉面温度を放射温度計によって比較すると、耐干性程度の高い関東糯168号の後代系統は、農林糯4号の後代系統よりも低い葉面温度を示し、葉面温度に関して母本能力が認められた。また、F₄とF₅世代間では、供試系統全体で有意な正の親子相関 ($r=0.812^{**}$) が認められたことから、葉面温度による系統選抜の有効性が示唆された。放射温度計を用いて陸稲品種系統における葉面温度の品種検索を1995年に行った。その結果、葉面温度の比較的高い早生陸稲系統群から、耐干性程度の高い中晩生陸稲系統と同程度に低い葉面温度を示す早生系統を簡便に見いだすことができた。これらの結果から、葉面温度に基づく選抜は陸稲育種事業での簡易な耐干性選抜法として有用であると考えられる。

Breeding Science 56: 47-54 (2006)

トウガラシの辛味に関与する候補遺伝子—アシルトランスフェラーゼ遺伝子

郎 亜琴¹⁾・柳川諭史²⁾・笹沼恒男¹⁾・笹隈哲夫¹⁾

(¹⁾横浜市立大学・総合理学 木原生物学研究所, ²⁾トキタ種苗 (株))

トウガラシ果実の辛みを引き起こすのは果実中で合成される

カプサイシノイドである。我々は辛いトウガラシの胎座からア

シルトランスフェラーゼ遺伝子 (*Capsicum acyl-transferase* (CATF) gene) と推定される 2 つの遺伝子, *Catf-1* と *Catf-2* を単離した. この二つの遺伝子はアシルトランスフェラーゼのモチーフ, H**D と DFG*G を持っていた. 辛いトウガラシ中で, *Catf-1* 遺伝子の発現パターンはカプサイシノイドの合成パターンと一致していた. *Catf-1* 遺伝子は辛いトウガラシ果実の胎座では発現されたが, 他の組織, 葉, 花, 種子および果皮では発現が見られなかった. また, メッセンジャー (m) RNA の蓄積は辛いトウガラシ果実の各発達ステージにより異なっていた. ゲノミック

PCR とサザン-プロットの分析結果から, 辛くないトウガラシでは *Catf-1* 遺伝子のコーティング領域の 5' 末端で配列の欠失があることが判った. 辛くないトウガラシ系統 msGTy-1 と辛い系統 277long の交雑した F₂ 集団では, *Catf-1* 遺伝子座での遺伝子型の変異は果実の辛みの分離と完全に一致していた. これらの研究結果から *Catf-1* 遺伝子はトウガラシの辛みを支配する候補遺伝子であることが示された.

Breeding Science 56: 55–62 (2006)

オオムギ・ホルドインドリンはその子実形成後期の糊粉層で優先的に発現される

Mi So Lee¹⁾ · Cheol Seong Jang^{1, 2)} · Sung Shin Lee^{1, 3)} · Jae Yoon Kim¹⁾ · Byoung Moo Lee⁴⁾ · Rak Chun Seong⁵⁾ · Yong Weon Seo¹⁾

¹⁾Division of Biotechnology and Genetic Engineering, Korea University, Korea, ²⁾University of Georgia, USA, ³⁾Dept. of Life Sciences, Tohoku University, Japan, ⁴⁾Dept. of Plant Biotechnology, College of Life Resources Science, Dongguk University, Korea, ⁵⁾Korea University, Korea)

オオムギ種子の登熟中の子実の特異的に発現する遺伝子の単離を目的として, Suppression subtractive hybridization (SSH) 法と differential hybridization (DH) 法の二種類の異なる手法でスクリーニングした. 種子の硬質性に関与することが知られているホルドインドリンをコードするふたつの cDNA を単離し, *Hordeum vulgare* の Indoline a と b (*HvIDa* と *HvIDb*). 一と名づけた. *HvIDa* と *HvIDb*. をコードする cDNA はそれぞれ 450 と 444 bp のオープンリーディングフレーム (ORF) を含み, 150 および 148 アミノ酸からなる推定ホルドインドリン a および b の前駆体をコードした. *HvIDa* と *HvIDb* 両者の推定アミノ酸配列

はひとつのトリプトファンに富むドメインと高度に保存された 10 個のシステイン残基を含んでいた. *HvIDa* 遺伝子は開花後 5 日目 (5DAF) で高度に発現し, 8DAF 頂点に達して, 20DAF まで次第に低下した. 一方, *HvIDb* の発現は 8DAF で検出され始めたが, この時期の発現が最も高く, 20DAF に向けて徐々に低下した. *HvIDa* と *HvIDb* 遺伝子は 20DAF など, 子実形成の後期の糊粉層細胞にもっぱら認められた. これらの知見はオオムギにおける子実形成の分子機構に手がかりを与えると同時に, 種子の性状を決定するためにも役立つとみられる.

Breeding Science 56: 63–68 (2006)

イネ *Adh1* 遺伝子の 1 塩基置換は冠水条件下での子葉鞘伸長の抑制に関与する

雑賀啓明¹⁾ · 松村英生²⁾ · 高野哲夫³⁾ · 堤 伸浩¹⁾ · 中園幹生¹⁾

¹⁾東京大学大学院・農学生命科学研究科, ²⁾岩手生物工学研究センター, ³⁾東京大学・アジア生物資源環境研究センター)

冠水条件下で発芽したイネは, シュノーケルの役割を果たす器官である子葉鞘を特異的に伸長させる. 子葉鞘の伸長は湛水直播栽培におけるイネの出芽・苗立ち性を向上させるための重要な因子であり, その伸長機構を解明することは重要な課題である. そこで, 冠水中で発芽しても子葉鞘が伸長しない *reduced adh activity* (*rad*) 変異体を用いて解析を行った. *rad* 変異体の子葉鞘において, これまでシュートや根で報告されていた結果と同様に, *Alcohol dehydrogenase 1* (*Adh1*) 遺伝子の mRNA 量は野生型と大差ないにもかかわらず, ADHI タンパク質の量は野生型に比べて減少していた. 次に, *rad* 変異体の原因遺伝子を調べた. これまでの結果から, *Adh1* 遺伝子に変異が生じていることが予想されたため, 野生型と *rad* 変異体における *Adh1* 遺伝子の塩基配列を決定したところ, 翻訳開始点から 106 番目の

塩基である G が A に置換しており, それによって, 推定アミノ酸配列の 36 番目のグルタミン酸がリジンに変化することが示された. また, インディカ品種カサラスとの交雑集団を用いた遺伝子タイピング実験の結果から, *rad* 変異体の原因遺伝子は *Adh1* 遺伝子であることが示された. さらに, *rad* 変異体の子葉鞘においては, ATP 含量が野生型と比較して大きく減少していた. 冠水条件下におけるエタノール発酵系の役割の 1 つとして NAD⁺ のリサイクルが挙げられる. 解糖系では, NAD⁺ のリサイクルによって ATP 合成を円滑に行うことができると考えられている. したがって, *rad* 変異体では, 子葉鞘における ADHI タンパク質が減少することで, 解糖系の ATP 合成効率が低下し, 子葉鞘の伸長が抑制されている可能性が考えられた.

Breeding Science 56: 69–74 (2006)

コマツナ (*Brassica rapa*) の花におけるネクターガイドの遺伝率の推定

Syafaruddin¹⁾・小林喜和¹⁾・吉岡洋輔¹⁾・堀崎敦史²⁾・新倉 聡²⁾・大澤 良¹⁾

(¹⁾筑波大学大学院・生命環境科学研究科, (²⁾(株) トーホク)

コマツナ (*Brassica rapa*) の花の中心領域は紫外線を吸収し、それ以外の領域は紫外線を反射することにより、ネクターガイドと呼ばれる模様を呈する。この模様は人間には感知できず、紫外線を感知できる昆虫には見ることができる。本研究の目的は、2つの近交系とその後代 (F_1 , F_2 , F_3) の表現型値から、統計遺伝学的解析により *Brassica rapa* の花におけるネクターガイドの遺伝性を調べることである。ネクターガイドの指標値として、各花の紫外線画像から紫外線吸収領域と反射領域の面積を求め、花に占める紫外線吸収領域の割合 (UVP) を算出した。UVP の世代分散から広義と狭義の遺伝率を求めた。遺伝率の推定に用いる環境分散は両親の系統内分散を平均した値を用いた。その結

果、UVP の広義の遺伝率は F_2 世代では 0.75 ($h_B^2[F_2]$)、 F_3 世代では 0.84 ($h_B^2[F_3]$) と高い値を示した。このことから、UVP は遺伝的形質であること、そして UVP にはこれまでに強い選抜が加えられてこなかったことが示唆された。一方、狭義の遺伝率は、 F_2 世代では 0.12 ($h_N^2[F_2]$)、 F_3 世代では 0.24 ($h_N^2[F_3]$) と低く、UVP の遺伝には優性効果が大きく関与していることが示された。したがって、*Brassica rapa* においてネクターガイドを改良する場合には、自殖を進め、相加効果が大きくなる世代で選抜を行う必要がある。

Breeding Science 56: 75–79 (2006)

二倍体 *Ipomoea trifida* におけるサツマイモネコブセンチュウ 2 レースに対する抵抗性とそのメカニズム

小宮山 公¹⁾・佐野善一²⁾・村田達郎¹⁾・松田 靖¹⁾・吉田政博¹⁾・斎藤 彰³⁾・岡田吉弘³⁾

(¹⁾九州東海大学・農学部, (²⁾国際農林水産業研究センター, (³⁾九州沖縄農業研究センター)

サツマイモネコブセンチュウ (*Meloidogyne incognita*) は有害で広範囲に分布する植物寄生性センチュウで、サツマイモの品質および収量に重大な被害をもたらす。サツマイモにおいては、本種に対する抵抗性品種が多く育成されており、その一つである「ミナミユタカ」は、六倍体近縁野生種 *Ipomoea trifida* (K123-11) とサツマイモとの交雑により育成され、本種に対して強い抵抗性を示す。また、二倍体近縁野生種 *I. trifida* におけるサツマイモネコブセンチュウ抵抗性の遺伝様式も調査されたが、近年、寄生性を異にするサツマイモネコブセンチュウのいくつかのレースが同定された。本研究では、二倍体近縁野生種 *I. trifida* のサツマイモネコブセンチュウ主要 2 レースに対する抵抗性評

価と、抵抗性系統および感受性系統の組織学的観察により、その抵抗性メカニズムを調査した。その結果、両レースに強い抵抗性を示す系統を選抜することができた。また侵入直後の組織学的観察の結果、抵抗性および感受性の両系統とも線虫 (センチュウ) の侵入が観察されたが、抵抗性系統では侵入部位にネクロシスが引き起こされていることが明らかとなった。したがって二倍体近縁野生種 *I. trifida* のサツマイモネコブセンチュウ 2 レースに対する抵抗性メカニズムは、センチュウの不侵入ではなく、侵入後のネクロシスによるものと考えられた。

Breeding Science 56: 81–83 (2006)

韓国産ゴマ在来品種コアコレクションの作成

Churl Whan Kang¹⁾・Seo Young Kim²⁾・Sung Woo Lee¹⁾・Prem N. Mathur³⁾・Toby Hodgkin⁴⁾・Ming De Zhou⁵⁾・Jung Ro Lee⁶⁾

(¹⁾National Crop Experiment Station, RDA, (²⁾Chonnam National University, (³⁾IPGRI, Office for South Asia, NASC, Pusa Campus, (⁴⁾International Plant Genetic Resources Institute, (⁵⁾IPGRI, Office for East Asia, (⁶⁾National Institute Agricultural Biotechnology, RDA)

ゴマは韓国において古くから栽培されてきた作物であり、育種素材として各地の在来品種の収集が行われてきた。本研究では韓国産ゴマ在来品種コアコレクションを作成するために、韓国農林振興庁 (RDA) ジーンバンクに保存されている 2,246 在

来品種を栽培し、評価した 12 の農業形質データをもとにクラスター分析を行った。クラスター分析は、韓国を代表する 10 の農業生態地域から収集された品種ごとに行った。コアコレクションを構成する品種の選択には、最も類似度の高い最下層のクラ

スターを形成する2品種から無作為に1品種を選ぶ方法を用い、約20%の品種数になるまでこの方法を繰り返すことによって、475系統から構成されるコアコレクションを作成した。統計解析の結果、選ばれたコアコレクションは、オリジナルコレクショ

ンの遺伝的多様性をよく保存していることが実証された。本コアコレクションは、韓国 RDA ジーンバンクから評価データとともに配布可能である。

Breeding Science 56: 85-91 (2006)