

ルテイン含量の高いツルマメ（野生ダイズ）の同定およびその特徴

金丸京平・王 紹東・阿部 純・山田哲也・喜多村啓介

(北海道大学大学院・農学院)

ルテインは脂溶性の抗酸化物質であり、近年、眼の白内障や加齢黄斑変性症等に対して予防効果をもつ機能性成分として注目されている。このことから、作物や野菜においてルテイン含量の増加は重要な育種目標となっている。これまで、ダイズのルテイン含量の品種・系統間差についてはほとんど知られていなかった。本研究において、遺伝資源として保存されている多数のダイズ (*Glycine max* (L.) Merr.) 品種およびツルマメ (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.) 系統のルテイン含量を高速液体クロマトグラフィー (HPLC) でスクリーニングすることにより、ルテイン含量が普通ダイズ品種の 10–20 倍程度であるツルマメ系統を複数同定した。これらのツルマメ系統はルテインに加え β -カロテンとクロロフィル-a および -b の HPLC ピークを示した。これらの系統の子葉は濃い黄色を呈していたことから、高ルテイン含

量のツルマメ 3 系統 (00033715, 00112742, B01167) の種子を子葉と種皮に分けて分析したところ、ルテインはそのほとんどが子葉に由来し、 β -カロテンとクロロフィルは種皮に由来することが明らかとなった。また、高ルテインツルマメ系統を 2004 年および 2005 年の 2 年間にわたり増殖して得た種子においても、ルテイン含量は高く維持されていたことから、高ルテイン含量は安定した形質であると考えられた。これらの結果は、高ルテインツルマメ系統の子葉が濃い黄色を呈することと符合するとともに、ツルマメの高ルテイン形質を利用してダイズの主な可食部位である子葉のルテイン含量を高められる可能性を示唆している。

Breeding Science 56: 231–234 (2006)

イネ種子発達の初期段階における遺伝子発現のマイクロアレイ解析

近藤博明¹⁾・大岡久子²⁾・山田仁美²⁾・佐藤浩二²⁾・菊池尚志²⁾・高原美規¹⁾・山元皓二¹⁾

(¹⁾長岡技術科学大学, (²⁾農業生物資源研究所)

イネ (*Oryza sativa*) の種子発達の初期段階において、発現する遺伝子に関する詳細な情報を得るために、受粉後 2–3 日 (2–3DAP) と 4–6 日 (4–6DAP) の野生型と *endospermless (enl)* 変異体の遺伝子発現プロファイルをマイクロアレイにより調査した。rice 22k custom oligo DNA microarray を使用し、2–3 DAP の野生型種子 (WT-3D) における遺伝子発現の強度を他のグループと比較した。その結果、マイクロアレイ上の 22,000 クローンのうち 1,620 クローンでシグナル強度に変化が見られた。これらのクローンについて相同性検索を行なったが、それらの約半数の機能は未知であった。野生型と *enl* 変異体の遺伝子発現プロファイルの比較分析に基づき、以下の結果を得た。約 1,000 遺

伝子の発現強度が 2–3DAP と 4–6DAP との間で変化した。2–3 DAP では、輸送タンパク質遺伝子と共に、病気に対する防御応答遺伝子あるいはストレス応答遺伝子が強く発現した。4–6 DAP では、貯蔵タンパク質遺伝子、デンプン合成酵素遺伝子、および転写調節因子 (zinc finger) 遺伝子が強く発現した。これらの結果より、マイクロアレイ分析が種子発達のそれぞれの時期において発現する遺伝子の特徴付けを通して、胚乳形成の分子メカニズムを解明するのに有用であることが示された。発達段階における遺伝子発現強度の変化が多く見出されたが、その多くは遺伝子機能が特定されなかった。

Breeding Science 56: 235–242 (2006)

オオムギの東亜型品種と西域型品種の組換え近交系を用いた農業形質の QTL 解析

Mohammad Sameri¹⁾・武田和義²⁾・小松田隆夫¹⁾

(¹⁾農業生物資源研究所, (²⁾岡山大学・資源生物科学研究所)

オオムギ (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) の東亜型品種「アズマムギ」と西域型品種「関東中生ゴール」の交配に由来する組

換え近交系 99 系統を 2 カ年反復栽培し、出穂日、穂長、穂軸節間長、芒長、三小穂数、節間長などの形質を支配する量的遺伝

子座のマッピングを行った。供試系統は全ての形質に関して大きな分散を示した。複合区間マッピングにより、穂軸節間長に大きな効果を持つ新たなQTL, *qSIL.ak-2H* を2H染色体長腕上に見いだすことができた。このQTLは閉花性遺伝子および赤かび病抵抗性QTLと密接に連鎖していた。つぎに桿の節間長に大きな効果を持つ新規QTL, *qCUL.ak-7H* を7H染色体長腕上に見いだした。このQTLは桿の上位よりも下位の節間伸長により大

きな効果を及ぼすという特徴を示した。さらに既知の密穂遺伝子 *dsp1* を7H染色体短腕連鎖地図上にマッピングしたが、この遺伝子は桿においては下位の節間伸長にのみ関与するという特徴を示した。一方渦遺伝子 *uzu* は全節間に効果を及ぼした。その他本研究で検出された全てのQTLに関して、既に報告されたQTLとの同一性を議論した。

Breeding Science 56: 243–252 (2006)

日本型イネ品種の米の理化学的特性に関する QTL 解析

和田卓也・内村要介・尾形武文・坪根正雄・松江勇次

(福岡県農業総合試験場)

食味は、日本型イネ品種の育成上、重要な選抜形質の一つである。食味に関する選抜は、食味関連の理化学的特性を用いて行われることが多い。そのため、理化学的特性を支配する遺伝的領域が明らかになれば、食味に関する選抜をより効率的に行うことが可能となる。日本型イネ品種であり食味が劣る「森田早生」は食味が優れる「コシヒカリ」と遺伝的に比較的近縁であるが、食味だけでなく、理化学的特性においても大きな違いを示す。両品種の交配後代から養成した組換え自殖系統92系統を用いて、日本型イネ品種の食味関連理化学的特性に関するQTLの検出を試みた。McCouch *et al.* (2002) によって報告されている119種類のSSRマーカーを用いて総地図距離1,060 cMからなる連鎖地図の構築を行い、QTL Cartographerの複合区間マッピング法を用いてQTL解析を行った。タンパク質含有率に関する

QTLは、第2、第6、第9染色体に見出され、このうち第2、第6染色体上のQTLは出穂期に関するQTLの近傍に位置していた。第9染色体のQTLは出穂期がほぼ同じRI系統60系統を用いたQTL解析でも同様に検出され、出穂期の影響を受けないQTLと考えられた。アミロース含有率に関するQTLは、第3、第7、第9、第12染色体に見出された。第9染色体のQTLは2カ年を通して検出され、コシヒカリ型の対立遺伝子がアミロース含有率を下げる効果を有していた。また、アミロース含有率に関するQTLで出穂期のQTL近傍に位置したものはなかった。テクスチャー特性値に関するQTLは第3染色体に見出された。これらのQTL近傍のDNAマーカーは良食味品種育成のための選抜に利用可能と考えられる。

Breeding Science 56: 253–260 (2006)

イネの dm 型節間伸長パターンを制御する *Ssi1* 遺伝子の耐倒伏性および穂形質への影響

春原英彦¹⁾・三浦孝太郎²⁾・呉雄³⁾・小枝剛⁴⁾・水野真也⁵⁾・芦荊基行¹⁾・松岡信¹⁾・北野英己¹⁾

(¹⁾名古屋大学・生物機能開発利用研究センター, ²⁾名古屋大学・生命農学研究科, ³⁾松永種苗, ⁴⁾岐阜県科学技術振興センター, ⁵⁾名古屋大学・フィールド教育支援センター東郷フィールド)

イネ品種フジミノリに由来する第2節間が伸長しない dm 型突然変異体 DMF-1 は、第1染色体長腕側の約20 cMの領域に座乗する単一の優性遺伝子 *Short second internode 1* (*Ssi1*) に支配されている。*Ssi1* 突然変異体は、莖葉形質に対する多面発現が比較的小さく同様な草姿で半矮性型を示す。本研究では、*Ssi1* 変異の異なる遺伝的背景における耐倒伏性および穂形質への作用を明らかにするため、フジミノリ、DMF-1、レイメイ（フジミノリ由来の *sd1* 変異体）、DMF-1 と品種間交配で得られた6種類の *Ssi1* ホモ型の F₁₀ 系統 (DML-1～6) およびそれらの交雑親6品種について耐倒伏性と穂形質を比較した。極めて安定した dm 型の節間伸長パターンを示す DMF-1 突然変異体と同様に、雑種系統 DML-1～6 の節間伸長パターンも安定した dm 型であった。供試系統の耐倒伏性を調査した結果、DML-6 (*Ssi1* と *d35* の

二重変異体系統)を除く、dm 型5系統は、各々の親系統よりも高い耐倒伏性を示した。一方、DMF-1 においては、割れ粉の頻度も原品種に比較して高く、収量性が原品種であるフジミノリよりも低かったことから、*Ssi1* 遺伝子が穂形質に対して負の作用を及ぼしていることが示唆された。しかしながら、安定した dm 型を示す F₁₀ 系統のうちの3系統 DML-1、DML-2 および DML-4 においては、割れ粉の頻度が有意に低く、遺伝的背景を変えることによって *Ssi1* 遺伝子の穂形質に対する負の影響を緩和することが可能であると考えられた。以上の結果より、*Ssi1* は耐倒伏性を有する実用的な半矮性品種育成のための有効な遺伝資源となり得ることが示唆された。

Breeding Science 56: 261–268 (2006)

加熱調理用 F₁ トマト品種ニタキコマとその両親における低温耐性と圃場における形質比較

Yasser M.M. Moustafa¹⁾・由比 進²⁾・上村松生^{1,3)}

(¹⁾岩手大学大学院・連合農学研究科, ²⁾東北農業研究センター, ³⁾岩手大学・農学部附属寒冷バイオシステム研究センター)

低温は、農業上重要な作物の収量に対して影響を与える重要な環境因子の一つである。最近岩手県で育成された加熱調理用 F₁ トマト品種であるニタキコマの生産増加に貢献するため、実験室内での低温に対する応答に関する実験と圃場における農業上の形質評価を行った。ニタキコマとその両親である品種との比較を行ったところ、母親品種 (Coudoulete) は、父親品種 (Piline) と比較して、農業上のいくつかの形質において優れており、さらには、発芽速度も速く、低温耐性も大きかった。両者の F₁ で

あるニタキコマは、個体当たりの花房数、着果数、果実収量において、優良親ヘテロシスを示した。さらに、ニタキコマの平均果重、草丈、温耐性は、中間親ヘテロシスを示した。発芽実験においては、F₁ 品種ニタキコマの種子は、Piline に比べて、低温下で速く発芽した。従って、ニタキコマは、低温耐性を持つと同時に、果実生産においても優れた品種と言える。

Breeding Science 56: 269–276 (2006)

ソバにおけるマイクロサテライトマーカーの開発

小西武彦¹⁾・岩田洋佳²⁾・八城和敏³⁾・津村義彦⁴⁾・大澤 良⁵⁾・安井康夫¹⁾・大西近江¹⁾

(¹⁾京都大学大学院・農学研究科, ²⁾中央農業総合研究センター, ³⁾茨城県農業総合センター, ⁴⁾森林総合研究所, ⁵⁾筑波大学大学院・生命環境科学研究科)

ソバにおけるマイクロサテライトマーカーを作出するために、(CT) 反復と (GT) 反復が豊富に含まれるマイクロサテライト濃縮ゲノミックライブラリーから 2785 クローンの塩基配列を決定した。その結果、1483 クローンにマイクロサテライトが含まれていることが明らかとなり、そのうち 352 種類は異なるゲノム領域から由来するものであった。これらの配列から、237 組のプライマーを作成し、PCR によりマイクロサテライト領域が増幅されるかどうかを確認したところ、180 組において PCR 産物が得られた。予想される大きさの増幅断片のみが認められた

54 組のプライマーについて、1) どの程度の遺伝的変異を検出できるか、2) ソバ属内の 7 つの近縁種でも利用できるかについて評価した。54 組のうち、48 組 (88.9%) で多型を検出することができた (平均対立遺伝子数 = 12.2, 平均多型情報指数 = 0.79)。また、近縁種においても、本研究において作成されたマイクロサテライトマーカーは利用可能であり、特に、ソバ野生祖先種では 54 組全てにおいて、単一の増幅断片を検出した。

Breeding Science 56: 277–285 (2006)

塩害水田におけるイネ葉身の Bronzing 発症を制御する 2QTL の相補的作用

竹久妃奈子¹⁾・上田忠正²⁾・福田善通³⁾・小原実広⁴⁾・阿部知子⁵⁾・矢野昌裕²⁾・山谷知行⁴⁾・亀谷壽昭¹⁾・東谷篤志¹⁾・佐藤雅志¹⁾

(¹⁾東北大学大学院・生命科学研究所, ²⁾農業生物資源研究所, ³⁾国際農林水産業研究センター, ⁴⁾東北大学大学院・農学研究科, ⁵⁾理研・仁科センター)

過剰な Na⁺ で汚染された塩害水田において生育させたイネの障害の一つとして、葉身に赤褐色の斑点 (Bronzing) の発症が認められた。日本型イネ品種日本晴とインド型イネ品種カサラスの戻し交配後代 (BILs) を塩害水田で生育させた結果、日本晴とカサラスには Bronzing の発症は認められず、BILs 中 15 系統にのみ Bronzing の発症が認められた。BILs を用いて QTL 解析を行った結果、第 3 染色体の R1925 マーカーの近傍に 1 個 (*qLb-3*)、第 11 染色体の C1350 マーカーと C477 マーカー間に 1 個 (*qLb-11*)、合計 2 個の QTLs が検出された。また、カサラス由

来の *qLb-3* と日本晴由来の *qLb-11* により Bronzing の発症が促進されることが示唆された。この 2QTLs の相補的作用を確認するため、カサラス由来の *qLb-3* と日本晴由来の *qLb-11* を持つ染色体部分置換系統 SL2 と SL61、カサラス由来の *qLb-3* と *qLb-11* を持つ SL47 の 3 系統の Bronzing の発症を調査した。その結果、SL2 と SL61 には Bronzing の発症が認められ、SL47 では認められなかった。さらに、この 2QTLs の相補的作用は SL47 と SL61 の交配後代 F₂ 集団を用いた解析の結果においても確認された。本研究の結果から、カサラス由来の *qLb-3* と日本晴由来の *qLb-11* の

相補的作用により、塩害水田におけるイネ葉身の Bronzing の発症が促進されていることが明らかになった。

Breeding Science 56: 287–293 (2006)

硝酸誘導時にみられたイネ (*Oryza sativa* L.) の高親和性硝酸輸送関連遺伝子の発現

荒木良一¹⁾・長谷川博^{1,2)}

(¹⁾滋賀県立大学大学院・環境科学研究科, ²⁾滋賀県立大学・環境科学部)

窒素の利用効率に注目した作物育種の基礎として、分子レベルでの硝酸吸収の制御の解明が重要である。本実験では硝酸誘導時における2種類の硝酸吸収関連遺伝子 (*NRT2* と *NAR2*) の発現と硝酸吸収に焦点を当てた。4個の *NRT2s* (*OsNRT2.1* ~ *2.4*) と2個の *NAR2s* (*OsNAR2.1* ~ *2.2*) をイネのゲノムデータベースより単離した。これらの遺伝子について、硝酸供与前にアンモニア前処理を行なうものと行なわないものとに分け、RT-PCR法により根とシュートにおける硝酸誘導時の発現を解析した。硝酸吸収も同条件で測定した。*OsNRT2.1* および *OsNRT2.2* は5'-および3'-UTRの配列が異なるが同一のORFを持つ遺伝子であり、両遺伝子の発現はアンモニア前処理を行なうことにより異

なる発現パターンを示した。ネット硝酸吸収は、アンモニア前処理の有無の条件でみられた硝酸供与後の根における *OsNRT2.1* の発現パターンと同調して増加した。*NRT2* の機能活性化に関与すると考えられる *OsNAR2.1* も *OsNRT2.1* と同様に発現が誘導された。*OsNRT2.1* の発現はアンモニア前処理により誘導時間が長くなった。一方、*OsNRT2.2* はアンモニア前処理終了直後から発現しており、還元土壌条件における硝酸吸収のためにも転写されることが示唆された。本研究は *OsNRT2.1*, *OsNRT2.2* および *OsNAR2.1* がイネの硝酸利用効率を高める育種において重要な候補遺伝子であることを明らかにした。

Breeding Science 56: 295–302 (2006)

カーネーション (*Dianthus caryophyllus* L.) とハマナデシコ (*D. japonicus* Thunb.) との種間雑種からの人為染色体倍加による可稔の複二倍体誘導

二村幹雄¹⁾・加藤淳太郎²⁾・洞口陽彦³⁾・三位正洋³⁾・酒井広蔵¹⁾・加藤俊博¹⁾

(¹⁾愛知県農業総合試験場, ²⁾愛知教育大学, ³⁾千葉大学・園芸学部)

染色体倍加による複二倍体化は、雑種不稔である種間雑種を育種に利用する最も効果的な方法である。以前我々は、カーネーション (*Dianthus caryophyllus* L.) とハマナデシコ (*D. japonicus* Thunb.) 間で種間雑種を獲得することに成功したが、その雑種は不稔であった。従って本研究では、稔性回復させるため人為染色体倍加による複二倍体化を試みた。すなわち、温室で育成した植物体の茎頂はコルヒチン滴下処理、あるいは無菌培養した植物から切り取った茎の節部はコルヒチンもしくはアミプロホスメチル (APM) 溶液中で *in vitro* 振とう培養処理を行った。これらの処理の後に再生した雑種植物 156 個体中で、9 個体は

四倍体、さらに1個体が八倍体および88個体は混数体であると判明した。2,000 mg・l⁻¹ コルヒチン滴下1日間処理が最高割合 (14%) で四倍体を形成し、一方、5および10 mg・l⁻¹ APMの24時間 *in vitro* 振とう培養処理は四倍体形成率が10%であった。四倍体 (複二倍体) は、元の二倍体雑種と比較して花が大型化して開花期が晩生となり、花粉と種子の両方の稔性が回復した。今回得た複二倍体は、日本の気象条件下での育成に適したカーネーション品種育成への利用が期待される。

Breeding Science 56: 303–310 (2006)

シャトル育種を利用した世代促進がコムギの出穂特性におよぼす効果

谷尾昌彦^{1,6)}・加藤謙司²⁾・石川直幸³⁾・田引正⁴⁾・西尾善太⁴⁾・中道浩司⁵⁾・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, ³⁾近畿中国四国農業研究センター, ⁴⁾北海道農業研究センター, ⁵⁾北海道立北見農業試験場, ⁶⁾現: 北海道農業研究センター)

関東以西の地域を対象とした早生コムギ育種に利用できる効果的な世代促進法を開発するため、沖縄 (石垣市, 北緯24度)

の秋播栽培と北海道 (芽室町, 北緯42度) の春播栽培を組合せたシャトル育種による晩生個体の淘汰について調査を行った。コ

ムギ品種および F₂ 集団を用いた解析の結果、沖縄における出穂早晩性は *Ppd* および *Vrn* 遺伝子型と密接に関係し、北海道における出穂早晩性は *Vrn* 遺伝子型と関係することが示された。*Ppd* または *Vrn* 遺伝子が分離する 2 組合わせの雑種集団について世代促進 (F₂ 世代: 沖縄, F₃ 世代: 北海道) を行い、各集団の日長反応性および春化反応性を解析した結果、沖縄では日長感受性個体および秋播型個体が淘汰され、北海道では秋播型個体が淘汰されることが明らかとなった。さらに、世代促進により育

成した各 F₄ 集団を西南日本で栽培し出穂日を調査した結果、日長感受性個体の淘汰により晩生個体が減少したのに対し、秋播型個体の淘汰による影響は認められなかった。以上の結果より、西南日本におけるコムギの出穂早晩性は *Vrn* 遺伝子型とは関係なく、*Ppd* 遺伝子型と密接に関係することが確かめられるとともに、この世代促進法は日長感受性の晩生個体を淘汰する効果を持つことが示された。

Breeding Science 56: 311–320 (2006)

ネギ (*Allium fistulosum*) F₁ 品種における高い異質性と SSR マーカーによる品種トレーサビリティ付与のための育種法の提案

塚崎 光¹⁾・福岡浩之¹⁾・Yeon-Sang Song^{1,2)}・山下謙一郎¹⁾・若生忠幸¹⁾・小島昭夫¹⁾

(¹⁾野菜茶業研究所, ²⁾現: 韓国農村振興庁作物研究所木浦試験場)

DNA マーカー多型の利用は、品種同定や F₁ 純度検定に有効な手段である。近年、ネギにおいても農業形質について高い均一性を示す F₁ 品種が主流になりつつある。ネギは他殖性作物であり自殖弱勢の傾向が顕著なため、F₁ 親系統にはある程度のヘテロ接合性が存在する。このため F₁ 品種においてもある程度の遺伝的異質性が保持されていると考えられる。そこで、14 SSR 座を用いて F₁ 品種を含むネギ 8 品種 (各 33 個体) における品種内同質性程度を調査した。その結果、各品種における対立遺伝子数は 3 から 7, polymorphic information content (PIC) は 0.41 から 0.76 であり、調査した全ての品種内のほぼ全ての SSR 座について高い異質性が存在することが明らかとなった。この結果

から、既存品種において品種を特定する遺伝子型を決めることは不可能であろうと考えられる。そこで、品種内で高い異質性をもつ作物において、品種同定を容易かつ正確に行うことを可能にする SSR-tagged breeding 法 (SSR マーカーによる品種標識法) を提案する。これは、原種圃で少数の SSR 座について特定の遺伝子型がホモの個体を選抜して採種を行う方法である。本法は、ネギのみならず自殖弱勢が著しい他殖性作物全般に適用可能であり、品種内多型の存在により DNA マーカーによる同定や純度検定が困難であった作物においても品種同定や F₁ 純度検定を可能にする、簡便かつ有効な育種法である。

Breeding Science 56: 321–326 (2006)

食用アスパラガス (*Asparagus officinalis* L.) における性と連鎖したマーカーの改変

中山北斗¹⁾・伊藤卓朗¹⁾・林 有子²⁾・園田高広³⁾・福田達哉¹⁾・落合利紀⁴⁾・亀谷寿昭¹⁾・菅野 明¹⁾

(¹⁾東北大学大学院・生命科学研究所, ²⁾福島県相双農林事務所, ³⁾福島県会津農林事務所, ⁴⁾広島大学大学院・理学系研究科)

食用作物であるアスパラガス (*Asparagus officinalis* L.) は雌雄異株植物であり、XY 型の性染色体 (雌 XX; 雄 XY) により性が決定される。アスパラガスは雌株に比べて雄株の方が生産性が高いと言われており、全雄品種が好まれる。全雄品種を得るためには間性株 (XY) の自殖後代から、性染色体の組み合わせが (YY) である超雄株を得る必要があるが、超雄株は通常の雄株との形態的な差は見られず、その判別には後代の花の形態から性の分離比を調べる他ない。このため、全雄品種の育種には多くの労力と時間を要する。近年、性の判別に利用可能な Y 染色体上に座乗する DNA マーカー (Asp1-T7) が報告された (Jamsari *et al.* 2004)。筆者らはこのマーカーを利用し、アスパラガスの雌雄判別を行ったところ、安定した結果を得る事ができなかつ

た。そのため本研究では、様々なアスパラガス品種の雌雄判別に応用可能なプライマーを新たに設計する事を目的とした。まず Asp1-T7 プライマーを用いて増幅されたバンドをクローニングし、その塩基配列を決定した。繰り返し配列を避けて新たにプライマーを作成し、アスパラガスの 8 品種で PCR を行ったところ、それぞれの品種の雄個体のみバンドが確認された。また、アスパラガスの近縁種であるキジカクシ (*A. schoberioides*) においても同じプライマーで PCR を行ったところ、雄個体のみバンドが確認された。これらの結果から、新規に作成したプライマーはアスパラガス各品種における雌雄判別に有効であると考えられた。

Breeding Science 56: 327–330 (2006)

細胞質雄性不稔トウガラシ系統を用いた稔性回復解析

Gergely Gulyas¹⁾ · Katalin Pakozdi²⁾ · Jang-Soo Lee³⁾ · 平田 豊⁴⁾

(1)東京農工大学大学院・連合農学研究科, 2)ハンガリー・バンノン大学・農学部, 3)韓国・東原種苗, 4)東京農工大学大学院・農学研究科)

本研究ではミトコンドリアに支配される細胞質雄性不稔性 (CMS) とその回復系との遺伝的相互作用について調べた。CMS は細胞質遺伝し、もし回復系が存在すれば育種上、ハイブリッド種子形成獲得に極めて簡便で、確実である。ここでは、回復系に含まれる遺伝子を調べ、回復機能と遺伝子マーカー (870 bp バンド) との連鎖価を知るため、F₂-F₄ を用いて評価した。F₂ では連鎖価は 20 cM であった。また、回復力の安定性についても調査した。その結果 F₁ 世代では稔性が回復したので、回復系に稔性回復遺伝子の存在することが示された。それに続く自殖次

代では、回復系に関与する遺伝子は一遺伝子優性で稔性であった。さらに、稔性回復と稔性回復分子マーカーを用いて連鎖解析を行ったところ、F₃ や F₄ 世代では F₂ 世代より、より連鎖価が高く、回復マーカーとの遺伝距離はより近かった。それぞれ、連鎖価は 5.3 cM および 4.8 cM であった。一方、ミトコンドリアにあるとされる雄性不稔の原因遺伝子や領域のクローニングを試みている。

Breeding Science 56: 331–334 (2006)