

## オオムギの発芽種子中に含まれる機能性成分（GABA と $\beta$ -グルカン）の蓄積と分解およびそれらにみられる品種間差異

木原 誠<sup>1)</sup>・岡田吉弘<sup>1,2)</sup>・飯牟礼 隆<sup>1)</sup>・伊藤一敏<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>サッポロビール(株) バイオ研究開発部, (<sup>2)</sup>九州沖縄農業研究センター)

イネの種子において、発芽に伴いアミノ酸の一種である  $\gamma$ -アミノ酪酸 (GABA) が増加することが知られている。しかし、オオムギ種子中の発芽過程における GABA 含有量の変化に関する知見は非常に少ない。本研究では、オオムギの発芽過程における GABA 含有量の変化を、発芽に伴い低分子化することが知られている  $\beta$ -グルカン含有量の変化とあわせて調査した。その結果、特定の発芽条件下において、GABA を蓄積させるとともに  $\beta$ -グルカンの低分子化を抑制することが可能であることを見い

だした。さらに、本条件下で 43 の品種について GABA および  $\beta$ -グルカンを定量し、品種間差異を調査した。GABA および  $\beta$ -グルカンともに品種によって含有量が大きく異なり、モチ性品種の中に、他に比べてこれらの成分を豊富に含む品種を見いだした。本研究で得られた結果は、オオムギの発芽種子が GABA や  $\beta$ -グルカンなどの機能性成分を豊富に含む食品素材として有用であることを示唆する。

**Breeding Science** 57: 85–89 (2007)

## 中国雲南省におけるイネ在来品種の遺伝的変異

Yawen Zeng<sup>1,2)</sup>・Hongliang Zhang<sup>3)</sup>・Zichao Li<sup>3)</sup>・Shiquan Shen<sup>2)</sup>・Jianli Sun<sup>3)</sup>・Meixing Wang<sup>3)</sup>・Dengqun Liao<sup>3)</sup>・Xia Liu<sup>3)</sup>・Xiangkun Wang<sup>3)</sup>・Fenghui Xiao<sup>1)</sup>・Guosong Wen<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>雲南農業大学, (<sup>2)</sup>雲南省農業科学院, (<sup>3)</sup>中国農業大学)

中国南西部の雲南省で収集したイネ在来品種 6,121 点について、31 項目の形態形質 (Ding と Cheng の評価形質を含む) を評価するとともに、1 次コアコレクション 912 系統における形態形質 41 項目と 12 座のアイソザイム変異、およびコアコレクション 692 系統における 20 個のマイクロサテライトマーカー変異を解析し、遺伝的変異と地理的分布を検討した。雲南省は、イネ遺伝資源の変異が中国の中で最も豊富な地域であり、供試した系統は 16 県 108 郡に由来するインディカ品種と、17 県 99 郡に由来するインディカ品種である。生態型の地理的分布や変異および形態形質の特性には明瞭な差異が認められ、雲南省のイネ在来品種における各生態型の変異指数は、javanica (1.2319), aman (1.1738), communis (1.1726), nuda (1.1618), aus (1.1371),

boro (0.9889) で、それぞれの割合は 3.6%, 43.9%, 32.1%, 18.1%, 20.1%, 0.2% であった。Lincang, Simao, Xishuangbanna および Dehong の各県は、雲南省における在来イネ品種の遺伝的な変異の中心となっている。とりわけ、Lincang 県は在来品種における遺伝変異の中心であるのみならず、“Ding と Cheng の評価形質”における変異も大きく、ミャンマーとの国境付近の水稲と陸稲が栽培される地域が雲南のイネ在来品種の変異の中心であると考えられた。以上のように、雲南省のイネ在来品種のコアコレクションにおける形態やアイソザイム、DNA の変異を解析した結果、雲南省がアジアの栽培イネにおけるインディカ型とジャポニカ型の遺伝的な分化の中心であることが確認された。

**Breeding Science** 57: 91–99 (2007)

## トマト由来 NAD 依存型グルタミン酸脱水素酵素遺伝子 (*legdh1*) を導入した組換えトマトの解析

木坂広明<sup>1)</sup>・木田隆夫<sup>2)</sup>・三輪哲也<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>味の素(株)健康基盤研究所, (<sup>2)</sup>味の素(株)基盤研究所 現: ライフサイエンス研究所)

赤色トマト果実中には多量の遊離グルタミン酸が含まれており、これがうま味の主成分であると考えられている。この果実中のグルタミン酸含量をさらに高めるために、トマトより単離

したグルタミン酸脱水素酵素遺伝子 (*legdh1*) を、CaMV35S プロモーターに繋いでトマトに導入し、過剰発現させた組換えトマトの作出を行った。得られた組換えトマトの葉組織では、非

組換えトマトに比べて、グルタミン酸脱水素酵素活性が2倍に増加していた。さらに、後代の植物 ( $T_1$ ) の果実中の遊離アミノ酸含量の分析を行った結果、組換えトマトでは、果実中の遊

離アミノ酸含量の顕著な増加が認められ、特にグルタミン酸含量が2倍に増加していることが分かった。

**Breeding Science** 57: 101–106 (2007)

## 日本型水稻品種を用いた高温ストレス下における背白および基白米の発生に関する量的形質遺伝子座の検出

小林麻子<sup>1)</sup>・鮎根良<sup>1,2)</sup>・葉勝海<sup>1,2)</sup>・富田桂<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>福井県農業試験場, <sup>2)</sup>現: 浙江省農業科学院)

両者とも日本型水稻品種であるが、玄米の外観品質が良い「ハナエチゼン」と背白および基白の発生が多く玄米の外観品質が不良な「新潟早生」の交雑を行い、その後代である  $F_2$  および  $F_3$  集団を用いて、玄米の外観品質に関する量的形質遺伝子座 (QTL) 解析を行った。  $F_2$  個体は2003年に福井県農業試験場の圃場で栽培し、その後代である  $F_3$  系統は2004年に同圃場で栽培するとともに、高温ストレスを与えるため温室内で栽培した。玄米の外観品質は背白米または基白米の発生率 (%) を算出して評価した。2004年の温室栽培では背白と基白の発生が非常に多く、また両者が同時に発生したため、両者を併せて背基白米として発生率を算出した。2003年圃場栽培の  $F_2$  集団では、背白米に関する QTL が第3染色体 RM4512 近傍および第6染色体 RM3034 近傍に検出され、基白米に関する QTL が第6染色体 RM3034 近傍に検出された。2004年圃場栽培の  $F_3$  集団では、背

白米に関する QTL が第4染色体 RM3288 近傍および第6染色体 RM3034 近傍に検出された。2004年温室栽培の  $F_3$  集団では、背基白米に関する QTL が第6染色体 RM3034 近傍に検出された。第6染色体短腕上の RM3034 近傍に検出された QTL は、  $F_2$  および  $F_3$  集団両方で検出され、また背白、基白および温室栽培での背基白のいずれでも検出されたことから、玄米の外観品質に対して非常に大きな作用力を持つと考えられた。また RM4512 および RM3288 近傍に検出された QTL も玄米の外観品質に影響するものであったが、  $F_2$  または  $F_3$  集団のいずれかのみで検出されたものであった。本研究で検出された QTL は、玄米の外観品質が良い品種、特に登熟期間の高温ストレスによる玄米の外観品質の劣化が少ない品種の育成に向けた DNA マーカー選抜に有用である。

**Breeding Science** 57: 107–116 (2007)

## *T. fournieri* と近縁種 14 種間の種属間交雑における花粉管伸長

菊池真司<sup>1)</sup>・城野浩希<sup>2)</sup>・田中裕之<sup>2)</sup>・辻本 壽<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>鳥取大学大学院・連合農学研究科, <sup>2)</sup>鳥取大学・農学部)

花粉管伸長は、受精の可否の大きな要因である。種間および属間交雑における花粉管伸長の異常をもとに、胚嚢が胚珠から突出しているため植物受精を研究するためのモデル植物とされている *Torenia fournieri* における花粉管誘導機構を調査した。 *T. baillonii* および *T. concolor* との種間交雑では、花粉管伸長の異常は観察されず、 *T. fournieri* (♀) × *T. baillonii* の交配組み合わせでは雑種が得られた。一方、他の 12 種との属間交雑では花粉管の伸長異常が観察された。それらの異常はシロイヌナズナ変異体で明らかにされている 5 段階の花粉管誘導機構 (①花粉の発芽, ②花粉管の柱頭への侵入, ③花柱 (誘導組織) での伸長, ④

胎座への誘導, ⑤珠孔への精細胞の放出) において観察された。 *T. fournieri* の自殖受精において、 *in vivo* では、花粉管は胎座から突出している胚嚢へ直接伸長しており、胚柄上を伸長することはなかった。ところが *T. fournieri* (♀) と *Mimulus hybridus* 間の属間交雑では、 *M. hybridus* の花粉管の 64% は突出した胚嚢の助細胞よりむしろ胚珠の珠孔に向かって伸長していることは、 *T. fournieri* の珠孔が *M. hybridus* の花粉管を誘導していることを示唆している。

**Breeding Science** 57: 117–122 (2007)

## 外被タンパク質遺伝子導入ダイズの転写後サイレンシングによる SMV 抵抗性

古谷規行<sup>1)</sup>・山岸紀子<sup>2)</sup>・日高 操<sup>2)</sup>・静川幸明<sup>1)</sup>・兼松誠司<sup>2)</sup>・小坂能尚<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>京都府農業資源研究センター, (<sup>2)</sup>東北農業研究センター)

SMV 弱毒ウイルスの CP 遺伝子 (*SMVM2-CP*) と hpt 遺伝子をダイズ 'Jack' の不定胚塊にコ・トランスフォーメーションし、ハイグロマシインを含む液体培地で選抜し、育成した SMV 抵抗性組換えダイズ 3 個体の内、抵抗性が RNA-mediated resistance によるものと推察した組換え個体 (No. 55) は、自殖後代 (T<sub>4</sub>, T<sub>5</sub>) においても SMV 抵抗性を有していた。SMV 抵抗性組換えダイズ

は、ウイルス接種前の葉で *SMVM2-CP* に特異的な siRNA が検出された。組換えダイズの生育に伴い siRNA の蓄積が始まり、SMV 抵抗性と siRNA の蓄積には完全な相関関係があり、SMV 抵抗性組換えダイズの抵抗性のメカニズムは、導入した *SMVM2-CP* の PTGS によるものであると考えられた。

**Breeding Science** 57: 123–128 (2007)

## SSR マーカーによる高密度連鎖地図を用いたトウガラシ疫病抵抗性の QTL 解析

南山泰宏<sup>1)</sup>・津呂正人<sup>1,3)</sup>・久保 崇<sup>1,4)</sup>・平井正志<sup>1,2)</sup>

(<sup>1)</sup>京都府農業資源研究センター, (<sup>2)</sup>京都府立大学大学院・農学研究科, (<sup>3)</sup>名城大学・農学部, (<sup>4)</sup>専修大学北海道短期大学・園芸緑地科)

トウガラシ疫病抵抗性個体の選抜に有効に利用できるマーカー情報を得るために、疫病罹病性の '万願寺' と抵抗性の 'CM334' の F<sub>1</sub>DHLs (n=96) を用いて、疫病抵抗性に関する QTL 解析を行った。118 の SSR マーカーが座乗した 16 の連鎖群からなる全長 878 cM の連鎖地図を作成した。Interval mapping 法を用いた QTL 解析により、寄与率の高い QTL (58.1%) を第 15 連鎖群に検出し、この QTL 近傍の SSR マーカー、CAMS420、を

中心とした 21 cM の間に 7 つの SSR マーカーが位置付けられた。また、寄与率の低い QTL (16.8%) を第 3 連鎖群に検出し、この QTL の近傍 10 cM の領域に 8 つの SSR マーカーが座乗していた。本実験で得られた多数の連鎖マーカーは、疫病抵抗性トウガラシの選抜に大きく寄与するものと考えられる。

**Breeding Science** 57: 129–134 (2007)

## 韓国の統一系短稈イネ品種群の地域適応性を支配する出穂期遺伝子の同定

齊藤大樹・奥本 裕・寺西 健・袁 清波・中崎鉄也・谷坂隆俊

(京都大学大学院・農学研究科)

1970 年代から 1990 年代に韓国で育成された日印交雑品種群 (以下、統一系短稈イネ品種群) は長い基本栄養生長性 (BVG) 期間と弱い感光性 (PS) を示す。このような BVG と PS の組合せは、韓国や日本の日本型品種には存在しない。遺伝分析の結果、統一系品種群のもつ長い BVG 期間は、晩生遺伝子座の早生 (劣性) 対立遺伝子 *lh(t)*、および感光性遺伝子座 *Se1* 座の不感光性対立遺伝子の効果によること、また弱い PS は *Se1* 座の不感光性対立遺伝子の効果によることが明らかになった。統一系品種群のもつ *Se1* 座の不感光性対立遺伝子の塩基配列を「日本晴」

のもつ感光性対立遺伝子と比較したところ、第 2 エキソンに 4 塩基の欠失があることがわかった。この不感光性対立遺伝子はこれまで知られている不感光性対立遺伝子 *Se1-e* と塩基配列および効果が異なることから、*Se1-k* と命名した。また、*lh(t)* は染色体 8 に座乗する新規遺伝子であることから、この遺伝子座を *Lh4* (*Late heading-4*) と命名した。これらの対立遺伝子は日本型品種には存在しないことから、統一系品種群の育成過程で用いられたインド型品種に由来すると考えられた。

**Breeding Science** 57: 135–143 (2007)

## *Solanum tuberosum* と *S. commersonii* の交雑によって作出された 5 倍性雑種個体における耐凍性と塊茎軟腐病抵抗性

Domenico Carputo<sup>1)</sup>・Luigi Castaldi<sup>1)</sup>・Immacolata Caruso<sup>1)</sup>・Riccardo Aversano<sup>1)</sup>・Luigi Monti<sup>2)</sup>・Luigi Frusciante<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup> University of Naples “Federico II”, Italy, (<sup>2)</sup> Institute of Plant Genetics (CNR-IGV), Italy)

本研究では、二倍体 (1EBN) の *Solanum commersonii* (CMM) と四倍体 (4EBN) の *S. tuberosum* (TBR) 交雑によって得られた五倍体および五倍性異数体 (2n=54 から 67) における低温抵抗性と軟腐病抵抗性の評価を行った。耐凍性は、イオン漏出経過から LT50 を算出して死滅温度とし、低温順化した場合としない場合の死滅温度の差を順化能とした。雑種個体の耐凍性は両親である野生種と栽培種の範囲に分布し、いくつかの個体は抵抗性の種と同程度の順化能を示した。軟腐病については、*Pectobacterium carotovorum* ssp. *carotovorum* (旧名 *Erwinia carotovora* ssp. *carotovora*) を塊茎に人為的に接種することによ

て検定し、非常に強い抵抗性を示す雑種個体が見出された。7 組み合わせのプライマー (*Eco*-AGG/*Mse*-CAA; *Eco*-ACC/*Mse*-CAT; *Eco*-ACT/*Mse*-CAC; *Eco*-ACT/*Mse*-CAG; *Eco*-ACT/*Mse*-CAA; *Eco*-ACT/*Mse*-CAT; *Eco*-AGG/*Mse*-CAG) を用いて雑種個体の AFLP 分析を行い、CMM に特異的な AFLP マーカーによって野生種ゲノムの割合を推定した。CMM に特異的な AFLP マーカーの割合は、4.3% から 56.7% の間で、平均は 28.1% であった。AFLP 解析は、将来の育種利用を目的とした雑種個体の選抜に有効である。

**Breeding Science** 57: 145–151 (2007)

## 熱中性子線照射によるイネ Waxy 遺伝子座を含む大きな欠失型変異の誘発

川上新一<sup>1,3)</sup>・門脇光一<sup>1,4)</sup>・森田竜平<sup>2)</sup>・西村 実<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup> 農業生物資源研究所, (<sup>2)</sup> 農業生物資源研究所・放射線育種場, (<sup>3)</sup> 現: 農林水産先端技術研究所, (<sup>4)</sup> 現: 農林水産技術会議事務局)

イネ Waxy 遺伝子はアミロース合成に関わり、米の食味を決める重要な遺伝子の一つである。熱中性子線照射によって誘発された、ジャポニカ品種「農林 8 号」由来のモチ性突然変異体「KURwx4N1」において、Waxy 遺伝子が完全に欠失していることが以前の研究で示唆されていた。しかし、その欠失範囲について詳細に調べられていなかった。本報ではこの突然変異体の欠失領域を明らかにした。「農林 8 号」および「KURwx4N1」の Waxy 遺伝子座およびその近傍領域が、様々なプライマー対を用いた PCR 法によって増幅するか否かを調べた。その結果、「KURwx4N1」の Waxy 遺伝子座を含む大きな領域にわたって増幅が認められなかった。この結果から、Waxy 遺伝子座が完全に欠失していることが示唆された。次に、その欠失後に再結合

した領域を増幅し、塩基配列を決定した。その領域の塩基配列と「日本晴」のゲノム情報を比較することにより、そのサイズが「日本晴」では 39,867 塩基対に相当し、欠失領域に Waxy 遺伝子および少なくとも 4 つの遺伝子 (3 つの unknown protein と phosphate-responsive I family protein の各遺伝子) が含まれることが明らかとなった。再結合した領域は「農林 8 号」の対応する塩基配列との比較から、欠失領域の両末端に存在する短い塩基対が相補することにより再結合が生じたものと推察された。また、再結合の際に塩基の挿入や欠失は生じていなかった。この再結合様式は、高 LET 放射線の照射によって生じる、非同末端結合 (NHEJ) と同様であった。

**Breeding Science** 57: 153–157 (2007)

## ニホンナシの新規 S-RNase 遺伝子の単離と PCR-RFLP による S 遺伝子型同定法の開発

Hoytaek Kim<sup>1)</sup>・角井宏行<sup>2)</sup>・木庭卓人<sup>1)</sup>・平田 豊<sup>3)</sup>・佐々英徳<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup> 千葉大学・園芸学部, (<sup>2)</sup> 千葉大学大学院・自然科学研究科, (<sup>3)</sup> 東京農工大学大学院・農学府)

ニホンナシは S 遺伝子座に座乗する複対立遺伝子に支配される配偶体型自家不和合性を示す。ニホンナシの雌ざい S 遺伝子産物は S-RNase であり、高い配列多型を示すことが知られている。ニホンナシ品種の S 遺伝子型は、果実生産時に必要な受粉

樹の選定や、交雑育種において重要な情報である。本研究では S-RNase 遺伝子の PCR-RFLP 分析により、品種「巾着」、「なつひかり」、「若光」、およびニホンナシとセイヨウナシの F1 雑種品種である「大原紅」の S 遺伝子型をそれぞれ (S<sup>1</sup>S<sup>4</sup>)、(S<sup>3</sup>S<sup>4</sup>)、

( $S^3S^4$ ), ( $S^9S^6$ ) と決定した。「巾着」から同定された新規の  $S^k$ -RNase 遺伝子については、その完全長 cDNA の配列を決定した。 $S^k$ -RNase 遺伝子は既報のプライマーでは効率よく増幅されなかったため、新規のプライマーを設計した。このプライマーを

用いることで、既知のニホンナシ  $S^1 \sim S^9$  に加えて  $S^k$ -RNase 遺伝子も増幅が可能となり、これら対立遺伝子の同定が可能な PCR-RFLP システムを確立することができた。

**Breeding Science** 57: 159–164 (2007)

## *Primula denticulata* と *P. modesta* 3 変種間の交配で得られた種間雑種に見出された倍数性変異

林 麻衣<sup>1)</sup>・加藤淳太郎<sup>2)</sup>・市川幸奈<sup>2)</sup>・松原典子<sup>1)</sup>・大橋広明<sup>3)</sup>・三位正洋<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>千葉大学・園芸学部, (<sup>2)</sup>愛知教育大学, (<sup>3)</sup>愛媛大学・農学部)

サクラソウ属の 4 倍体 *Primula denticulata* (Denticulata 節) とユキワリソウ (*P. modesta*; Aleuritia 節) の 3 変種であるユキワリコザクラ (*P. modesta* var. *fauriae*; 2 倍体), サマニユキワリ (*P. modesta* var. *samanimontana*; 2 倍体) およびレブンコザクラ (*P. modesta* var. *matsumurae*; 4 倍体) との正逆交配を試みた結果, *P. modesta* var. *samanimontana* に *P. denticulata* の花粉をかけた交配を除く全ての正逆交配から後代が得られた。4 倍体の *P. denticulata* および *P. modesta* var. *matsumurae* を種子親に用いた交配では雑種が多く獲得できたのに対して, 2 倍体の *P. modesta* var. *fauriae* を種子親に用いた交配から得られた雑種の数は非常に少なかった。また *P. denticulata* を種子親に用いた全交配組合

せでは適法 (和合的) 受粉および不適法 (不和合的) 受粉の両方で雑種が得られた。このことは 4 倍体の *P. denticulata* の異型花型自家不和合性が少なくとも雌性側で減少もしくは消失した可能性を示唆している。ほとんどの交配において, 雑種の DNA 含量は両親の中間を示したが, *P. modesta* var. *fauriae* と *P. denticulata* との交配では *P. modesta* var. *fauriae* の非還元性雌性配偶子との受精により主に 4 倍体雑種が得られた。以上の結果は, *Primura* 属の種間交配において雄性側より雌性側のゲノムの割合が低い場合の接合子のほとんどは成長が阻害されることを示唆している。

**Breeding Science** 57: 165–173 (2007)

## 新たな餅加工特性を有するイネ糯誘発突然変異系統

小林和幸<sup>1)</sup>・西村 実<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>新潟県農業大学校, (<sup>2)</sup>農業生物資源研究所・放射線育種場)

*O. glaberrima* および *O. sativa* (品種: 農林 8 号, レイメイ, ニホンマサリ) から人為的に誘発された糯突然変異系統の餅加工特性を調査した結果, 特徴的な餅加工特性を有し, 交配母本および餅加工特性の遺伝解析に利用することができる人為誘発糯突然変異系統を見出すことができた。*O. glaberrima* の誘発糯突然変異系統は, わが国の実用水稲糯米品種中, 顕著に高い餅硬化性と糊化開始温度を示す「こがねもち」を超える特性値を示したことから, 餅生地硬化性をさらに高めるための有用な育種素材と考えられた。*O. sativa* の誘発糯突然変異系統は, 餅硬化性および糊化開始温度ともに低い値を示し, 「こがねもち」に比べ餅生地硬化の速度が遅いことから, 生菓子などの伝統的な和菓子製品の「日持ち性」を向上させるために有用な育種素材と考えられた。*O. sativa* の誘発糯突然変異系統のうち, 「レイメイ」由来系統において, 「こがねもち」に比べ餅硬化性と糊化開始温度は低いにも関わらず, 顕著に高い RVA 粘度特性値を示す

系統が存在した。これらの系統は, 通常の糯米に比べ, 見かけのアミロース含有率が高い傾向を示していたことから, 糯性澱粉構造の変異が一因である可能性が示唆された。「ニホンマサリ」由来の糯突然変異系統において, 餅硬化性と糊化開始温度とに相関が認められず, 餅硬化性に対する登熟温度の影響が小さい系統が認められた。この特性は, 近年高温登熟条件下で加工上問題となっている餅硬化性の過度の上昇を抑制するために極めて有用であり, 今後, さらに詳細な検証が必要と考えられた。本研究で選出したイネ糯誘発突然変異系統は, 我が国における糯米利用の幅を拡大させるための育種素材として, また餅硬化性や澱粉粘度の高低といった実用上重要な加工特性の発現機構, および遺伝様式を研究するための実験材料として, 重要な役割を果たすことが期待される。

**Breeding Science** 57: 175–180 (2007)

エンドウの近縁野生種 *Pisum fulvum* における新規うどん粉病抵抗性遺伝子の同定Sara Fondevilla<sup>1,2)</sup> · Ana María Torres<sup>1)</sup> · María Teresa Moreno<sup>1)</sup> · Diego Rubiales<sup>2)</sup><sup>(1)</sup> Centro-Alameda del Obispo, IFAPA, Spain, <sup>(2)</sup> Institute for Sustainable Agriculture, CSIC, Spain)

エンドウ (*P. sativum*) におけるうどん粉病抵抗性については、*er1* と *er2* の二遺伝子が同定されている。これらの遺伝子に対して罹病性を示すうどん粉病菌 (*Erysiphe pisi*) のレースは報告されていないが、*er1* と *er2* における抵抗性の崩壊については報告がある。したがって、この重要な病害を回避するため、エンドウにおける新たなうどん粉病抵抗性遺伝子の同定が求められている。我々は、エンドウの一次的な遺伝子プール (*P. sativum* とすべての亜種) と二次的なプール (*P. fulvum*) における抵抗性をスクリーニングし、*P. fulvum* に高い抵抗性を見出した。*P.*

*Fulvum* 系統 P660-4 を花粉親とすることでエンドウ栽培品種との交雑を行い、後代における遺伝解析によってひとつの優性遺伝子 (*Er3*) が *P. fulvum* の抵抗性に関与していることを明らかにした。*Er3* 遺伝子は *P. fulvum* が保有しており、エンドウに見出された *er1* や *er2* とは異なる遺伝子と推定される。*er1* が病原菌の進入を防ぐのに対して、*er2* と *Er3* は感染後の過敏感反応で発現する。現在、*Er3* に関連する DNA マーカーの開発を進めている。

**Breeding Science** 57: 181–184 (2007)