

## ヒョウタン (*Lagenaria siceraria*) の子葉培養における、エチレン生産と関連した高再分化におよぼすカイネチンと BA の共用の効果

Saha Shyamali・森 仁志・服部一三

(名古屋大学大学院・生命農学研究科)

植物体再分化と発育に関する種々の植物ホルモンの交互作用は複雑である。本研究において、植物ホルモンとエチレン抑制剤との関連を明らかにする目的で、ヒョウタンの子葉からの新たなシュート形成についていくつかの実験を行った。その結果、BA およびカイネチンの共用は、BA またはカイネチン単独さらには硝酸銀添加区と比較して高いシュート再分化率 (80.6%) をもたらした。BA またはカイネチン単独区および共用区において、芽形成時期に、エチレン形成によるものと考えられる特徴的な子葉の褐変化が認められた。カイネチンを添加した MS 培地上で培養した子葉では、BA 単独ないし共用と比較してエチレン

生産はより低かった。しかしながら、カイネチン単独区では再分化能が非常に低くシュートの伸長が遅延した。BA は旺盛な芽の形成を促すが、芽が形成されると、エチレン生産を助長し、褐変化を起し、生育を停止させた。一方カイネチンと BA の共用はエチレン生産を減少させ、ヒョウタンの子葉からの高い植物体再分化および伸長を促した。これらの結果にもとづき植物体再分化に関するエチレンの作用機作とホルモンの関連について考察した。

**Breeding Science** 57: 197–202 (2007)

## ペチュニアのアントシアニン生合成系 *Hfl* 遺伝子の系譜の再構築と育種選抜の効果

陳 素梅<sup>1)</sup>・松原紀嘉<sup>1)</sup>・國分 尚<sup>2)</sup>・児玉浩明<sup>3)</sup>・渡辺 均<sup>2)</sup>・Eduardo Marchesi<sup>4)</sup>・安藤敏夫<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>千葉大学大学院・自然科学研究科, <sup>2)</sup>千葉大学・環境健康都市園芸フィールド科学教育研究センター, <sup>3)</sup>千葉大学・園芸学部, <sup>4)</sup>Facultad de Agronomía, Universidad de la República)

ペチュニアの花のアントシアニンの質 (デルフィニジン系かシアニジン系) を決定する鍵酵素, Flavonoid 3', 5'-hydroxylase をコードする *Hfl* 遺伝子の塩基配列について、野生種全種と市販の 84 品種の間で比較した。市販品種の優性遺伝子 *Hfl* は品種間で多型がみられず、その配列はいずれの野生種の配列とも一致しなかった。市販品種の *Hfl* は、配列の相同性から、市販品種の起源となったとされる、ペチュニア・アキシラリス (亜種アキシラリスあるいは亜種パロディ) とペチュニア・インテグリフォーリア (あるいはインフラータ) の種間交雑後に生じた *Hfl*

遺伝子の部分組換えによって生じたものと推定された。さらに、劣性 *hfl-3* は、部分組換えによって市販品種に生じた *Hfl* 遺伝子に、レトロトランスポゾン *rTph1* が挿入されて、また、劣性 *hfl-2* は、ペチュニア・インテグリフォーリア (あるいはインフラータ) 由来の *Hfl* 配列にトランスポゾン *dTph9* が挿入されて生じた変異であると推定された。種間交雑後の育種操作によって、市販品種から野生種由来の *Hfl* 遺伝子が排除され、部分組換え *Hfl* 遺伝子が残された理由を考察した。

**Breeding Science** 57: 203–211 (2007)

## 主に 2 つの先祖遺伝子型で構成されている日本栽培稲品種のゲノム構造

田淵宏朗<sup>1)</sup>・佐藤洋一郎<sup>2)</sup>・芦川育夫<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>北陸研究センター, <sup>2)</sup>総合地球環境学研究所, <sup>3)</sup>作物研究所)

日本の栽培稲品種のゲノム構造、およびその遺伝的な起源を探ることを目的とし、これら品種のゲノムが幾つの遺伝子型から構成されているか、そしてそれら遺伝子型を持つ染色体部分がどのように組み合わせられて各品種の染色体を構築しているかを調べた。日本の栽培稲 25 品種から抽出したゲノム DNA を用

い、染色体上の 23 箇所での塩基配列、および 44 箇所での RFLP 多型をこれら品種間で比較したところ、大部分の染色体箇所での塩基配列と RFLP 多型は 2 種類からなっていた。この結果は、日本の栽培稲の染色体はもともと主に 2 種類の先祖ゲノムから構成されていることを示唆している。各品種のゲノムは、これ

ら2つの先祖ゲノムの組み合わせにより成っており、組み合わせ方が品種特異的であった。中国と朝鮮半島のジャポニカ在来稲品種のDNAを同様な手法で調べたところ、構成する先祖ゲノムの種類、およびその組み合わせの仕方は、日本品種に比べ多

様であった。これらの実験結果は、日本の栽培稲は、中国と朝鮮半島のジャポニカ稲品種の1つのサブグループであることを示している。

**Breeding Science** 57: 213–221 (2007)

## WA型およびBT型細胞質雄性不稔イネの稔性回復に対する *Rf-1*, *Rf-3* および *Rf-6(t)* 遺伝子の効果

多田雄一

(東京工科大学・バイオニクス学部)

WA型細胞質雄性不稔イネの稔性回復遺伝子 (*Rf*) は、その数や座乗位置について異なる報告があるため明確に同定されていない。BT型細胞質雄性不稔イネの稔性回復遺伝子 *Rf-1* が最近になってクローニングされたが、WA型細胞質雄性不稔に対するこの遺伝子の効果は明確にされていない。本研究では、ジャポニカを遺伝的背景とするBT型およびWA型の細胞質雄性不稔系統を用いて *Rf* 遺伝子の効果を明らかにするために、それぞれの *Rf* 遺伝子をもつジャポニカの準同質遺伝子系統をマーカー育種によって育成した。育成した各準同質遺伝子系統は、ジャポニカの雌性不稔系統と交配し、 $F_1$  植物の花粉稔性と種子稔性を調べた。インディカ品種 IR36 由来の *Rf-1* 遺伝子を持つ準同質

遺伝子系統は、BT型細胞質雄性不稔イネの稔性を回復させることができたが、WA型細胞質雄性不稔イネに対しては極めて低い稔性回復を示した。第一染色体に座乗する *Rf-3* 遺伝子および第十染色体に座乗する *Rf-6(t)* 遺伝子をもつ準同質遺伝子系統は、どちらの型の細胞質雄性不稔イネの種子稔性も回復できなかった。しかし、これらの準同質遺伝子系統を交配した  $F_1$  では、WA型細胞質雄性不稔イネと比較して、より発達したステージの花粉が形成されていた。また、これらの遺伝子の効果は相加的であった。インディカ品種 IR24 由来の *Rf* 遺伝子をもつ染色体部分置換系統と交配した場合にも同様の結果が得られた。

**Breeding Science** 57: 223–229 (2007)

## コシヒカリとKasalathの交雑後代を用いた米飯の食味に関するQTLのマッピング

竹内善信<sup>1)</sup>・野々上慈徳<sup>2)</sup>・蛭谷武志<sup>3)</sup>・鈴木啓太郎<sup>4)</sup>・青木法明<sup>1)</sup>・佐藤宏之<sup>1)</sup>・出田 取<sup>1,6)</sup>・平林秀介<sup>1)</sup>・平山正賢<sup>1,7)</sup>・太田久稔<sup>1)</sup>・根本 博<sup>1)</sup>・加藤 浩<sup>1)</sup>・安東郁男<sup>1)</sup>・大坪研一<sup>4)</sup>・矢野昌裕<sup>5)</sup>・井辺時雄<sup>1,8)</sup>

(<sup>1)</sup>作物研究所, (<sup>2)</sup>農林水産先端技術研究所, (<sup>3)</sup>富山県農業技術センター, (<sup>4)</sup>食品総合研究所, (<sup>5)</sup>農業生物資源研究所, (<sup>6)</sup>現: 近畿中国四国農業研究センター, (<sup>7)</sup>現: 茨城県農業総合センター, (<sup>8)</sup>現: 国際農林水産業研究センター 熱帯・島嶼研究拠点)

米飯の食味官能値に関するQTLを探索するために、米飯の光沢、うま味、粘り、軟らかさに優れ食味の良い水稲品種コシヒカリと光沢、うま味、粘りが少なく、硬い特徴があるKasalathとの交雑に由来する戻し交雑系統群 (BILs) と染色体断片置換系統群 (CSSLs) を用いてQTL解析を行った。各系統の米飯の食味官能試験は、総合評価値 (OE)、光沢 (GL)、うま味 (TA)、粘り (ST) および硬さ (HA) の5項目で行った。各項目についてQTL解析を行ったところ、21個のQTLsが第1、第2、第3 (2箇所)、第6、第7、第9および第10染色体上の8領域に見出された。これらのうち、第3染色体上のQTLのqTA3および第6染色体上のqOE6、qGL6、qTA6、qST6およびqHA6は、BILsと

CSSLsにおいて共通に見出され、その他のQTLsはどちらかの集団のみで見出された。BILsとCSSLsの両集団において共通に見出された第3染色体上のqTA3領域には、アミロース、蛋白質含有率および他の食味関連遺伝子が見出されていない。組換え固定系統を用いてさらに詳しくqTA3のマッピングを行ったところ、qTA3は第3染色体の短腕のSSRマーカーRM1332とRM6676の間に位置づけることができた。また、第6染色体上のqOE6、qGL6、qTA6、qST6およびqHA6と同領域には、アミロース含有率に関するQTLが見出されたことからwx遺伝子座であると考えられた。

**Breeding Science** 57: 231–242 (2007)

## コムギ高分子量グルテニン遺伝子 *Glu-D1d* が生地物性およびめんの品質におよぼす効果

谷中美貴子・高田兼則・池田達哉・石川直幸

(近畿中国四国農業研究センター)

日本の温暖地西部では、めん用の軟質コムギのタンパク質含量は低くなりがちで、かつ、その質も優れないため、そのようなコムギから作られる生地の物性の弱さは、めんの品質上、問題となっている。著者らは3つの日本コムギ品種の準同質遺伝子系統を用い、高分子量グルテニン遺伝子 *Glu-D1d* が生地物性およびめんの品質に与える効果を調査した。*Glu-D1d* を持つ準同質遺伝子系統は、*Glu-D1f* を持つ反復親と比較して、SDS-沈降量やポリマータンパク質中の不溶性ポリマータンパク質の割合が有意に高く、より強い生地物性を示した。小麦粉のタンパク質含量が低くても(8%程度)、*Glu-D1d* は生地を強める効果

があることが明らかとなった。また、*Glu-D1d* の生地物性に対する正の効果は遺伝的背景により異なり、*Glu-A1c* (欠失型) を持ち、弱い生地物性を示す品種において顕著であった。小麦粉からめんを作成し、ゆでめんの物性測定と官能評価を行った結果、準同質遺伝子系統と反復親との間で、ゆでめんの破断力および官能評価におけるゆでめんのかたさにおいて、有意な差が見られた。いずれも *Glu-D1d* の導入によりゆでめんがかたくなったことを示した。*Glu-D1d* による生地物性の強化はゆでめんのかたさに影響することが示された。

**Breeding Science** 57: 243–248 (2007)

## 高品質・多収性フキ品種「大阪農技育成1号」

岩本 嗣・中曾根 渡

(大阪府環境農林水産総合研究所)

フキの新品種「大阪農技育成1号」は、大阪府内で収集した「愛知早生」在来優良系統を育種素材に用い、ソマクローナル変異選抜で育成した高品質・多収性品種である。「大阪農技育成1号」の生育は旺盛であり、葉柄の伸びが早く、「愛知早生」と比較して、第5葉出葉期の最大葉の葉柄長は71.0 cmで10.7 cm長く、葉柄中位の太さは11.5 mmで1.0 mm太く、収穫時の節当たりの出葉数は5.8枚で0.7枚多かった。その結果、ハウス抑制栽培作型における10 a当たりの収量は20.89 tとなり、「愛知早生」

に対して29.8%の増収になった。葉柄の緑色は鮮やかで冴えがあり、赤色の着色は少なく、秀品率は「愛知早生」より5.8%向上し91.3%となり、収益性が高まった。さらに、葉柄の食感は柔らかく、みずみずしくて歯切れが良いため、サラダにも向く。以上のように優れた栽培特性を示したため、2005年以降、大阪府内におけるフキの生産は、「愛知早生」から「大阪農技育成1号」に全面更新された。

**Breeding Science** 57: 249–251 (2007)

## 中国新疆ウイグル自治区のコムギ地方品種に新たに見出された高分子量グルテニン・サブユニット 2.6+12 の特徴

叢 花<sup>1,2,3</sup>・高田兼則<sup>2</sup>・池田達哉<sup>2</sup>・谷中美貴子<sup>2</sup>・藤巻 宏<sup>3</sup>・長峰 司<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>)中国新疆農業科学院, (<sup>2</sup>)近畿中国四国農業研究センター, (<sup>3</sup>)東京農業大学)

中国新疆ウイグル自治区のコムギ地方品種に新たに見出された高分子量グルテニン・サブユニット(HMW-GS) 2.6+12のサブユニット2.6のN末端アミノ酸配列を分析した。既知のサブユニットのアミノ酸配列との比較から、このサブユニットは1D染色体の *Glu-D1* 遺伝子座の対立遺伝子によりコードされるx-型のサブユニットであることを確認した。このサブユニット2.6+12のグルテン特性を評価するために、2.6+12, 2+12および

5+10を持つ品種をウルムチ市で栽培し、タンパク質含量およびSDS-沈降量を測定した。サブユニット2.6+12を持つ品種の沈降量はサブユニット2+12を持つ品種と同程度で、同じタンパク質含量のレベルではサブユニット5+10よりもグルテンを強める効果は小さかった。

**Breeding Science** 57: 253–255 (2007)

## イネ日本型品種「コシヒカリ」を遺伝的背景としたインド型品種「Nona Bokra」の染色体断片置換系統群の作出

高井俊之<sup>1)</sup>・野々上慈徳<sup>2)</sup>・山本伸一<sup>1)</sup>・山内歌子<sup>1)</sup>・松原一樹<sup>1)</sup>・Zheng-Wei Liang<sup>1,3)</sup>・

Hong-xuan Lin<sup>1,4)</sup>・小野 望<sup>2)</sup>・宇賀優作<sup>1)</sup>・矢野昌裕<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>農業生物資源研究所, <sup>2)</sup>農林水産先端技術研究所, <sup>3)</sup>現: Northeast Institute of Geography and Agricultural Ecology, <sup>4)</sup>現: Shanghai Institute of Plant Physiology and Ecology)

イネの品種間に認められる幅広い形質変異の遺伝解析を推進するために、日本型品種「コシヒカリ」を遺伝的背景としたインド型品種「Nona Bokra」の染色体断片置換系統群 (CSSLs) を作出した。作出した CSSLs は 44 系統で構成されている。全染色体に分布する 145 種類の SSR および EST マーカーの解析によって、CSSLs おける「Nona Bokra」の置換染色体断片の大きさは、全染色体の 2.1% ~ 11.7% (染色体の物理距離の割合) であり、それぞれの置換染色体断片は、第 1 染色体の短腕の一部を除く全染色体をお互いに重なり合いながらカバーしている。作出した CSSLs の遺伝解析における有効性を検証するために、各系統の出穂期に関する QTL 解析を行ったところ、18 系統においてそれらの到穂日数が比較対照品種である「コシヒカリ」よ

り有意に大きくなった。この結果、8 種類の染色体あるいは染色体断片に、出穂期に関与する QTL の存在が示唆された。これらの結果は、同じ交配組み合わせの雑種後代を用いた出穂期の QTL 解析 (Uga *et al.* 2007) によって明らかとなっている 12 種類の QTL のうち、10 種類と一致した。また、新規に 2 カ所の QTL を検出することができた。以上の結果から、本研究で作成した CSSLs の遺伝解析において有用であるとともに、今後の品種改良における新たな遺伝資源として利用可能であると考えられる。作出した CSSLs の遺伝子型情報ならびに種子は、農業生物資源研究所のイネゲノムリソースセンター (<http://www.rgrc.dna.affrc.go.jp/ineKNCSSL44.html>) から公開分譲されている。

**Breeding Science** 57: 257–261 (2007)