

SSR マーカーによる良食味形質を持つフィリピンイネ品種の遺伝的多様性評価

Victoria C. Lapitan^{1,3)} · Darshan S. Brar²⁾ · 阿部利徳³⁾ · Edilberto D. Redona²⁾

(¹⁾ Philippine Rice Research Institute (PhilRice) Los Baños, Philippines, (²⁾ International Rice Research Institute (IRRI), Philippines, (³⁾ 山形大学・農学部)

マイクロサテライトと呼ばれる SSR (simple sequence repeat) マーカーは遺伝的多型の検出に有効であることが知られている。本研究ではフィリピンの品種を中心に、良食味品種を含む 24 品種について 164 種の SSR マーカーを用いて、遺伝的多型性を評価した。このうちの 151 種は多型性の高いマーカーで、合計で 890 のアリルが検出され、一座あたり平均で 5.89 であった。これらのマーカーのうち、89 種で 147 のレアアリルを検出できた。Shannon の多型指数に基づき計算すると、遺伝的多型性は平均で 0.71 であった。このことはこれらの品種間で高い遺伝的多様性があることを示している。PIC (polymorphism information content) 値はマーカーにより異なり、最も低い RM420 の 0.18 から、最も高い RM473B の 0.91 にわたり、平均 1 マーカーあたり 0.68 であった。NTSYS-Pc によりクラスター分析を行った結果、

大きく 3 つのグループに分けられた。グループ 1 は *japonica* の 8 品種が属し、グループ 2 とグループ 3 には *indica* 品種が属した。グループ 1 とグループ 2 には香り米や良食味品種が属した。*japonica* と *indica* 品種を比較すると、*indica* 品種では *japonica* 品種より多くのアリルが検出でき、遺伝的多様性は大であった。遺伝的多様性は *indica* 品種では第 11 染色体で高く、*japonica* では第 2 染色体で高かった。これらの SSR マーカーは *indica* と *japonica* の識別にも有効であった。本研究で用いた良食味品種は高い遺伝的多様性を持つことから、育種計画の中で連鎖地図作成のための親品種として用いることができ、またこれらの知見は MAS (marker-assisted selection) を利用しイネ育種を行う上で有効である。

Breeding Science 57: 263–270 (2007)

trnT-F 非コード領域の塩基配列変異に基づくミャンマー産の野生および栽培ササゲ属植物 (リョクトウ亜属, マメ科) の系統関係

Ye Tun Tun¹⁾ · 山口裕文¹⁾

(¹⁾ 大阪府立大学・生命環境科学研究科)

ミャンマーから採集された 7 野生種および 3 栽培種を含むリョクトウ亜属 15 種の系統的多様性を明らかとするために葉緑体ゲノムの *trnT-F* の 3 非コード領域を分析した。ミャンマー産種は、この亜属に提唱されている 3 節には対応せず、よく分化した 2 群であるアズキ類とリョクトウ類に含まれた。ミャンマー産の 6 種はアズキ類に含まれ、4 種はリョクトウ類に含まれた。アズキ類は、*angularis-nepalensis*, *minima*, *riukiensis-nakashimae-umbellata-hirtella-exilis* の 3 つの亜クレードから構成された。アズキ (*V. angularis*) の 3 つのレースと *V. nepalensis* には明瞭な系譜の分化はみられなかった。野生および栽培アズキに外部形態の似たミャンマー産の 1 系統はアズキおよび *V. nepalensis* と同じ 51 塩基の欠失を持っていた。*V. minima* の 3 系統は明瞭な

クレードを形成した。ヒナアズキ (*V. riukiensis*) はヒメツルアズキ (*V. nakashimae*) と網状の関係を示し、*V. hirtella*, タケアズキ (*V. umbellata*), *V. exile* と姉妹関係を示した。リョクトウ類は放射状の亜クレードから構成された。リョクトウ類のうち、ミャンマー産 *V. ternervia* はオオヤブツルアズキ (*V. reflexopilosa*) とまとまり、野生リョクトウは栽培系統とまとまった。リョクトウ (*V. radiata*) とケツルアズキ (*V. mungo*) とには多数の塩基置換、挿入欠失、マイクロサテライト変異が見られ、両種はリョクトウ類の中で良く分化していた。ミャンマーはリョクトウ亜属の二つの群が混在する場所である。

Breeding Science 57: 271–280 (2007)

ペルーのイネ品種 Jamaica と日本型イネ品種の間で見られる雑種弱勢の発生学的観察と高温栽培による弱勢の回避

齋藤利弥¹⁾・一谷勝之²⁾・鈴木 主¹⁾・丸橋 亘³⁾・久保山 勉¹⁾

(¹⁾茨城大学・農学部, ²⁾鹿児島大学・農学部, ³⁾明治大学・農学部)

正常に生育する二つの植物の間で得られた雑種が雑種第一代で正常に成長せず、弱々しい植物になる現象を雑種弱勢という。多くの日本稲とペルーのイネ品種 'Jamaica' の間で見られる雑種弱勢は *Hwc1* と *Hwc2* が優性補足作用によって生じると報告されている。本論文では、日本晴と 'Jamaica' の雑種第一代 (NJF₁) の発生に関する観察を行った。NJF₁ は短い根、細く巻いた葉を持ち、矮性であった。NJF₁ の胚は正常に形成されるが、発芽後、種子根は成長を停止し、多くの場合、種子から外に出ることがなかった。根端分裂組織について組織学的な調査を行うと、NJF₁ では細胞分裂帯が失われ、分裂組織の中心付近から液胞の発達が見られた。また、細胞の長さは両親系統のもの比べて、根の短さを説明するほど短くはなく、NJF₁ の根の短さの主な原因は根端分裂組織が維持されず、細胞分裂が減少した結果である

と考えられた。一方、茎頂分裂組織は NJF₁ と両親系統に形態的な違いは観察されなかったが、NJF₁ では葉原基の出現が両親系統に比べて遅れていた。また、この雑種弱勢における根の成長は 34°C において回復し、この回復効果の閾値は 29°C と 30°C の間に存在した。*Hwc2* を持つ 8 品種と Jamaica との雑種において、高温処理による効果を調査したところすべてにおいて根の伸長回復が確認された。85 個体の NJF₁ を発芽から 10 日間 34°C で栽培し、その後、屋外で栽培したところ、18 個体の植物が開花に至った。これらの植物は矮性で、開花期が両親系統より遅延し、形態的な生育不良にもかかわらず、稔性を持っていた。高温処理はこの組み合わせにおいても、雑種弱勢を回避し、次世代を得るのに有効であることが示された。

Breeding Science 57: 281–288 (2007)

濃縮ゲノムライブラリー法によるモモの 3 塩基 / 6 塩基モチーフのマイクロサテライトマーカークの開発とバラ科植物への適用

西谷千佳子¹⁾・木村鉄也²⁾・上田恵理子¹⁾・Werner Howad³⁾・Pere Arus³⁾・山本俊哉¹⁾

(¹⁾果樹研究所, ²⁾種苗管理センター, ³⁾IRTA)

濃縮ゲノムライブラリーから、72 種類の 3 塩基もしくは 6 塩基モチーフを持つモモの新規マイクロサテライトマーカークを開発した。その内訳は、3 塩基モチーフを持つもの、6 塩基モチーフを持つもの、および両者の複合型のモチーフを持つものが、それぞれ 49、6、7 種類であった。開発したマイクロサテライトの多型程度は、2 塩基モチーフのものと比較して小さかった。サクラ属標準地図を用いた領域マッピングにより、15 種類のマイクロサテライトマーカークについてゲノム上の座乗領域を決定した。そのうちの 2 種類のマイクロサテライトについては、新しいゲノム領域に位置付けられた。開発した 3 塩基 (6 塩基) モ

チーフのマイクロサテライトプライマーについて、サクラ属内での異種での増幅を調べたところ、90% 以上が異種で利用可能であった。さらに、バラ科の *Malus* 属、*Pyrus* 属、*Fragaria* 属、*Rosa* 属の種での増幅を試験した。40–51% のマイクロサテライトプライマーが他の属で利用可能であった。本研究で新規に開発したマイクロサテライトは、相似性の解析やサクラ属での連鎖地図作成に適用可能であろう。3 塩基モチーフで濃縮したゲノムライブラリーの作成条件について、検討した。

Breeding Science 57: 289–296 (2007)

ダイズ種子中の α -トコフェロールとルテイン含量をともに高濃度に蓄積する可能性

王 紹東¹⁾・金丸京平¹⁾・李 文斌²⁾・阿部 純¹⁾・山田哲也¹⁾・喜多村啓介¹⁾

(¹⁾北海道大学大学院・農学研究院, ²⁾中国・東北農業大学)

α -トコフェロール (α -Toc) とルテインはともに脂溶性抗酸化物質である。 α -Toc は動脈硬化や癌の予防などの機能性を有し、ルテインは眼の白内障や加齢性黄斑変性症に対して予防効果を

持つ機能性成分として注目されている。通常、ダイズ品種では α -Toc およびルテインの含量は低いため、ダイズ種子の栄養機能性を高める上でこれらの含量を高めることが求められている。本

研究では、これまで遺伝資源から同定された高 α -Toc含量のダイズ品種 Keszthelyi A.S.を母親、高ルテイン含量のツルマメ系統 B09092を花粉親として交配し、 F_2 種子および F_2 個体別に採種した F_3 種子を用い両形質の遺伝解析を行った。 α -Tocおよびルテインを同時に検出・定量する方法を確立し、本法を用いて F_2 種子および F_2 個体(F_3 種子)の両含量を定量した。これらの集団における α -Tocおよびルテイン含量は、それぞれ、両親の含量に近い含量の範囲に連続分布した。 F_2 種子および F_2 個体(F_3 種子)において、 α -Toc含量とルテイン含量の間にそれぞれ正の相関を認めた。また、 α -Tocおよびルテイン両含量において、

F_2 種子と F_2 個体(F_3 種子)の間に正の相関を認め、 α -Tocおよびルテイン両含量がともに高い複数の F_2 個体を得た。 F_2 種子および F_2 個体別の F_3 種子における α -Toc含量およびルテイン含量に関する広義の遺伝率はそれぞれ0.598, 0.656および0.693, 0.824であり、狭義の遺伝率はそれぞれ0.598, 0.413および0.693, 0.718であった。高ルテイン形質とツルマメ特有の小粒形質の間には有意な相関が認められなかった。これらの結果は、種子中の α -Toc含量とルテイン含量を同時に高めたダイズを作出することが可能であることを示唆している。

Breeding Science 57: 297–304 (2007)

1つのQTLが浮イネにおける深水条件下での節間伸長を付与する

服部洋子^{1,2)}・三浦孝太郎^{1,2)}・浅野賢治^{1,2)}・山本英司¹⁾・森 仁志³⁾・北野英己¹⁾・松岡 信¹⁾・芦荻基行¹⁾

(¹⁾名古屋大学・生物機能開発利用研究センター, ²⁾日本学術振興会特別研究員, ³⁾名古屋大学大学院・生命農学研究科)

浮イネは、洪水による被害を回避するため、水位の上昇にあわせて急激に節間伸長する能力を持つ。この浮イネが示す深水条件下での節間伸長に、どのような遺伝子が関与しているかを明らかにするため、バングラデシュの浮イネ品種 (*Oryza sativa*, C9285) およびイネの祖先種で浮イネ性を持つ野生イネ (*O. rufipogon*, W0120) を栽培イネ (*Oryza sativa*, T65) と交配して2種の F_2 集団を育成した。作出した F_2 集団を深水処理し、総節間長 (TIL)、伸長節間数 (NEI) および最下位伸長節間節位 (LEI) の3形質についてQTL解析を行った。その結果、2種の F_2 集団に共通して第12染色体に上記3形質を増加させる作用力の大きいQTL (*qTIL12*, *qNEI12*, *qLEI12*) を検出した。また、W0120に

T65を連続戻し交配し、第12染色体に座乗する浮イネ性QTLの準同質遺伝子系統 (NIL-12^{W0120}) を作出した。作出した NIL-12^{W0120} は深水条件下で節間伸長を示し、さらに、NIL-12^{W0120} にT65を交配して得られる F_1 個体も深水条件下でNIL-12^{W0120}と同程度の節間伸長を示したことから、第12染色体のQTLは優性であることが示唆された。また、1つのQTLの導入で浮イネ性が獲得できたことから、浮イネと非浮イネでは節間伸長の基本的な制御機構は同じであり、この第12染色体に座乗するQTLが、深水に対するレスポンスとして、節間伸長を誘導するトリガーと推測した。

Breeding Science 57: 305–314 (2007)

少肥条件下で高レベルのヘテロシスを示す油料ナタネ (*B. napus* L.) の新しい雑種

Anke Gehringer・Rod Snowdon・Tobias Spiller・Panjisakti Basunanda・Wolfgang Friedt

(Department of Plant Breeding, Research Centre for BioSystems, Land Use and Nutrition, Justus Liebig University)

秋播きナタネはヨーロッパにおいて最も重要な油料作物である。最近油料ナタネの需要が年々増加していることから、より高い収量の F_1 品種を作出する必要性が増々高くなってきている。しかし、ヨーロッパに適応したナタネ品種の遺伝的基盤が比較的狭いため、油料ナタネにおけるヘテロシスの組織的な活用は十分に進んでいない。本研究では、まずナタネの優良な Double Low 品種 (ゼロエルシン酸, 低グルコシノレート) と、種間交雑により得られた合成ナタネに由来する遺伝的に多様な系統 (高エルシン酸, 高グルコシノレート) との間で交雑を行い、190の Doubled Haploid (DH) 系統を作出した。得られたDH系統を雌性不稔の検定系統と交雑してできた雑種を、気候条件

と土壌条件が著しく異なるドイツの2つの試験地で栽培し、収量を調査した。雑種が両親の平均値に対して示す種子収量のヘテロシスを調査したところ、雑種の中には43%増のヘテロシスを示すものが観察された。ヘテロシスのレベルは特に少肥条件の試験地で顕著に高く、最も優れた雑種は既存の品種より有意に高い種子収量を示した。この結果は、高いヘテロシスを示すナタネの F_1 が、肥料条件などの劣悪な地域での栽培に適することを示すとともに、吸肥効率においてヘテロシスの効果が高いことを示唆している。

Breeding Science 57: 315–320 (2007)

SSR および AFLP マーカーによるナシの統合標準連鎖地図

山本俊哉^{1,2)}・木村鉄也³⁾・寺上伸吾^{1,2)}・西谷千佳子¹⁾・澤村 豊¹⁾・齋藤寿宏¹⁾・壽 和夫¹⁾・林 建樹¹⁾

(¹⁾果樹研究所, ²⁾筑波大学大学院・生命環境科学研究科, ³⁾種苗管理センター)

ナシとリンゴで開発された SSR マーカー, AFLP や他のマーカーを用いて, セイヨウナシ (*Pyrus communis* L.) 品種「パートレット」, 「ラ・フランス」の統合連鎖地図を作成した。「パートレット」と「豊水」の交雑 F₁ 集団を用いて作成した「パートレット」の地図は, 58 のナシ由来 SSR 座, 60 のリンゴ由来 SSR 座, 322 の AFLP 座を含む 447 座から構成される。本地図は, 17 連鎖群で 1,000 cM 以上の地図距離を持ち, 平均マーカー間距離は 2.3 cM であった。「ラ・フランス」の連鎖地図は, 「新星」と 282-12 (「豊水」×「ラ・フランス」) の交雑 F₁ 集団を用いて作成した。「ラ・フランス」の地図は, 66 のナシ由来 SSR 座, 68 のリンゴ由来 SSR 座, 279 の AFLP 座を含む 414 座から構成さ

れ, 17 連鎖群で 1,156 cM の地図距離を持っていた。97 の共通の SSR マーカーを用いて比較したところ, 両地図は全 17 連鎖群に渡ってよく整列化され, また連鎖群数は染色体基本数 (n=17) と対応していた。リンゴ由来の 66 種類の SSR マーカーの場所がナシの地図上に決定され, リンゴの飽和標準地図と相似性を示した。本研究で作成したナシの高密度連鎖地図はゲノムのほとんどを網羅していることから, ナシの標準連鎖地図と考えられた。ナシの標準連鎖地図は, 有用遺伝子や量的形質の場所の同定やナシ亜科の他種のゲノム構造のシンテニー解析に利用可能であろう。

Breeding Science 57: 321–329 (2007)

イネの花粉発育異常変異体の同定

山形悦透・土井一行・安井 秀・吉村 淳

(九州大学大学院・農学研究科)

イネにおける花粉形成の遺伝的制御を明らかにするため, 花粉の発育が異常となる変異体の同定を行った。日本型イネ品種台中 65 号の, 開花直前から直後にわたる時期の穎花へガンマ線を照射し, 突然変異を誘発した。1000 系統の M₂ 系統より, 花粉稔性の低下した個体が観察された系統を選抜した。選抜した系統について, 後代検定および正逆交雑などの遺伝解析を行った結果, 24 系統の変異体を同定した。このうち 12 系統の変異体は主として高不稔を示した。これらの変異体は孢子体型で作用する単一劣性遺伝子に支配されていると考えられたため, *sps1-*

sps12 (*sporophytic pollen sterility*) と命名した。一方, 残りの 12 系統の変異体は半不稔を示した。これらの半不稔は単一の配偶体型遺伝子に起因し, 半不稔個体はヘテロ接合体であることが明らかとなった。これらの変異体を *gms1-gms12* (*gametophytic pollen sterility*) と命名した。連鎖解析により, *sps6*, *sps9*, *sps12* をそれぞれ染色体 3, 9, 7 に位置づけた。同定された変異体は, 花粉形成に関連する遺伝子の単離および機能解析において貴重な植物材料になると期待される。

Breeding Science 57: 331–337 (2007)

合成倍数体エンバクの育成および GISH と FISH による C ゲノム再編成の検出

上野美華子・森川利信

(大阪府立大学大学院・生命環境科学研究科)

種間雑種の染色体倍加により合成六倍体 (AsAsAACC) と合成八倍体 (AAAAABCC) エンバクを育成した。合成六倍体は *A. strigosa* (2n=2x=14;AsAs) と *A. maroccana* 2n=4x=28;AACC) あるいは *A. murphyi* (2n=4x=28;AACC) の三倍体雑種に由来し, 合成八倍体は *A. barbata* (2n=4x=28;AABB) と *A. maroccana* あるいは *A. murphyi* の四倍体雑種に由来した。C ゲノムの GISH 法と 18S-5.8S-26S rDNA の FISH 法によりこれらの合成倍数体の新しい C ゲノムの再編成を検査したところ, 二個体の合成倍数体で *A. maroccana* 由来の C ゲノムが As, A および B ゲノムに特異的に転座することがわかった。そのゲノム間転座は, C ゲノ

ム断片が As ゲノムの付随体染色体の付随体末端部に一方向的に転座するもので, その逆方向の転座は観察されなかった。また, 合成倍数体では付随体領域の欠失や低異数体の出現が認められたが, すべて As, A および B ゲノム染色体の減少であり, C ゲノムは転座により増加していた。この C ゲノム転座は, 自然四倍体や六倍体でも観察されているので, エンバクの倍数性進化において重要な役割を果たしていると思われた。この結果は, C ゲノム上の有用遺伝子を野生種から栽培種に遺伝子移入することができる可能性を示唆している。

Breeding Science 57: 339–343 (2007)