

イネの種子寿命に関する量的遺伝子座 *qLG-9* の作用に対する母親由来組織の影響

重宗明子¹⁾・三浦清之¹⁾・笹原英樹¹⁾・後藤明俊¹⁾・吉田智彦²⁾

(¹⁾中央農業総合研究センター, ²⁾宇都宮大学・農学部)

イネ種子の寿命には品種間差があり, インド型品種 *Kasalath* の長い種子寿命には3個のQTL (*qLG-2*, *qLG-4*, *qLG-9*) が関与すると報告されている. 本研究では, 第9染色体に座し, 最も効果が大きい *qLG-9* の作用機構を解明する一環として, コシヒカリ, *Kasalath*, および *qLG-9* を含む断片のみが *Kasalath* 由来である染色体部分置換系統 SL226, さらにコシヒカリと SL226 の正逆交雑種子を用いて, 母親由来組織である穎および種皮の影響について調査した. 種子寿命は, 加齢処理をした種子の発

芽率によって評価した. その結果, 穎の有無に関わらず, SL226 はコシヒカリよりも加齢処理後の発芽率が高いことから, *qLG-9* の効果に対する穎の影響は少ないことが明らかになった. さらに, 上記の正逆交雑種子間には発芽率の差異が認められなかったため, 種皮の影響もないものと考えられた. 以上の結果から, *qLG-9* は種子寿命に対して, 主に胚や胚乳を介した作用を示すことが示唆された.

Breeding Science 58: 1-5 (2008)

イネにおける根の中心柱および導管構造の自然変異に関与する QTLs

宇賀優作¹⁾・奥野員敏^{1,2)}・矢野昌裕¹⁾

(¹⁾農業生物資源研究所, ²⁾現: 筑波大学)

栽培イネの根系は, 根の太さばかりでなく中心柱や導管構造にも品種間に幅広い形態変異がみられる. 我々は, これらの形態変異に関与する QTL を明らかにするため, 根の細い水稲品種 IR64 と根の太い陸稲品種 *Kinandang Patong* の交雑に由来する F₃I17 系統の表現型データと 197 個の DNA マーカーの遺伝子型データを用いて, 中心柱および導管構造に関する解析を行った. 各系統において節根基部の断面画像から中心柱断面面積および後生木部導管 II 断面面積, 後生木部導管 II 数, 根の太さの 4 形質を計測した. QTL 解析の結果, 中心柱断面面積 QTL は第 2 および第 9 染色体に計 2 箇所, 後生木部導管 II 断面面積は第 2 (2 箇所) および第 9, 第 10 染色体に計 4 箇所, 後生木部導管 II 数は第 3 および第 9 染色体に計 2 箇所, 根の太さは第 1 および第 2 染色

体に計 2 箇所を見出した. 第 10 染色体上の後生木部導管 II 断面面積に関与する QTL を除く全 QTLs の相加効果は *Kinandang Patong* 型で形質値を大きくすることがわかった. また, QTLs の寄与率は 8.7% から 23.9% であった. このうち, 第 9 染色体で検出された後生木部導管 II 断面面積 QTL は寄与率が 23.9% と最も大きかった. 第 2 染色体で検出された中心柱断面面積 QTL は根の太さ QTL の近傍で見出されたが, ほかの中心柱および導管構造に関連した QTL は根の太さの QTL とは同じ領域に検出されなかった. これらの結果から, 中心柱および導管構造は根の太さと異なる遺伝要因によって支配されていると考えられる.

Breeding Science 58: 7-14 (2008)

trnK/matK 塩基配列を用いた栽培・野生ダイコンの遺伝的多様性および系統類縁関係の分析

律 娜¹⁾・山根京子²⁾・大西近江¹⁾

(¹⁾京都大学大学院・農学研究科, ²⁾大阪府立大学・生命環境科学研究科)

葉緑体遺伝子, *trnK/matK* 領域を用い, 栽培ダイコン (*Raphanus sativus*) とその野生種 (*R. raphanistrum*, *R. landra*, *R. sativus* var. *raphanistroides*) の遺伝的多様性と系統類縁関係を分析し, さらに *Brassica* 属との系統類縁関係を調査した. *Raphanus* 属では 2 つの挿入・欠失と 9 つの塩基置換が検出され, 栽培ダイコンの

塩基多様度 (π) (0.00184) は野生ダイコン (0.00134) より高かった. 塩基置換に基づいて, 系統樹を作成し, 系統類縁関係の分析を行った. 用いた全ての *Raphanus* 属の種は 1 つのクレードをなし, *Brassica barrelieri* と姉妹グループとなり, *Brassica* 属を二分する *Rapa/Oleracea* と *Nigra* グループのうち *Rapa/Oleracea* グ

ループに属した。 *Raphanus* 属の位置により、 *Brassica* 属は偽系統的であることが明らかになった。しかし、従来の *Brassica* 属とその近縁種に関する系統類縁分析の結果とは矛盾しなかった。 *Raphanus* 属に注目すると、高いブーツストラップ値でダイコン属は3つのグループ (A, B, C) に分岐した。各野生種とも異なる複数のグループに属していた。一方、栽培ダイコンの3亜種

(ハツカダイコン、ダイコンとクロダイコン) はそれぞれ異なる3つのグループに属した。このことにより栽培ダイコンは多起原であることが示唆された。栽培・野生ダイコンの遺伝的多様性と系統類縁関係に基づいて、栽培ダイコンの野生祖先種と栽培の起原地について考察した。

Breeding Science 58: 15–22 (2008)

四分子分析によって作成された担子菌の一種であるシイタケの遺伝地図

宮崎和弘¹⁾・Faxin Huang²⁾・Bianxiang Zhang²⁾・白石 進²⁾・坂井美穂³⁾・嶋谷智佳子^{4,5)}・宍戸和夫⁶⁾

(¹⁾森林総合研究所・九州支所, (²⁾九州大学大学院・農学研究院, (³⁾日本文理大学・工学部, (⁴⁾崇城大学・生物生命学部, (⁵⁾現:九州沖縄農業研究センター, (⁶⁾東京工業大学大学院)

四分子分析を利用し、食用きのこであるシイタケの骨格地図を構築した。本地図は、23 四分子分離菌株 (92 担子胞子菌株) 間の分離データを基に、264 の randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) マーカー、14 構造遺伝子、1 expressed sequence tag (EST) マーカー、2 交配因子 (*matA* および *matB*)、および 8 sequence-characterized amplified regions (SCARs) の合計 289 の遺伝子座からなる。LOD スコア 3.0、および 25 cM (センチモル

ガン) を閾値としてグループ化することで、11 の連鎖群を特定した。連鎖群長は 157.2 cM から 24.4 cM で、連鎖地図の全長は 908.8 cM であった。ポテトデキストロース寒天培地上での菌糸伸長速度を制御する量的形質遺伝子座のひとつが、連鎖群 2 上に存在するマーカー、D18CCA-360 と S08-100c の間に位置づけられた。

Breeding Science 58: 23–30 (2008)

キャベツ (*Brassica oleracea* L.) における秋作型と春作型の早晩性と発育形質の関係

田中紀史¹⁾・新倉 聡¹⁾・武田和義²⁾

(¹⁾(株) トーホク・清原育種農場, (²⁾岡山大学・資源生物科学研究所)

キャベツについて、夏播種・晩秋収穫となる秋作型と、初春播種・初夏収穫となる春作型の全く異なる2作型における早晩性と発育形質との関係を調査・比較した。両作型ともに早晩性(目的の収穫球重に到達する定植後日数)と結球葉位に高い相関関係が認められ、早生品種ほど結球葉位が低いことが明らかとなった。また、結球葉位には遺伝子型×作型の交互作用が有意となり、結球葉位が2作型間で大きく変動する品種が存在した。結球葉位を早生 F₁ 品種育成の選抜指標として用いる際に遺伝子型×作型の交互作用の影響を明らかにするため、結球葉位と高い相関関係にある葉形の発育パターンについて詳細に調査した。

その結果、結球葉位が大きく変動した品種は、秋作型に比較して春作型で、結球開始に必要な、葉位が高くなるに従って幅広い葉形に発育するパターンが大きく遅延しており、より高い葉位まで縦長の葉形を呈した。その主な原因は、葉位が高くなるに従って葉柄が短くなる発育パターンが遅延して、高い葉位まで葉柄の伸長が観察されたことにあった。以上の結果を踏まえて、春作型におけるキャベツ早生 F₁ 品種の特徴付けを行い、結球葉位が秋作型に加え春作型の早生品種育成における選抜指標としても利用できることを示唆した。

Breeding Science 58: 31–37 (2008)

浮イネの節間伸長を制御する3つのQTLのマッピング

服部洋子^{1,2)}・永井啓祐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)

浮イネは他の栽培イネとは異なり、生育初期段階においても水位の増加にあわせて節間を伸長することが可能である。浮イネに独特なこの形質は、雨季に起こる洪水を回避するために必

要である。これまでにパングラデシュの浮イネ品種 (*Oryza sativa* ssp. *indica*) を用いた、総節間長、伸長節間数および最下位伸長節間節位の3形質に関するQTL解析によって、第1, 3, 12番

染色体に深水条件下での節間伸長に関わる QTL が検出された。これらの QTL を単離するためには、それぞれの準同質遺伝子系統 (NIL) を作出することが必須となる。浮イネ品種に栽培イネ (*Oryza sativa* ssp. *japonica*) を連続戻し交配し、それぞれの QTL に関する NIL (NIL-1, NIL-3, NIL-12) を作出した。作出したそれぞれの NIL は深水条件下で節間伸長を示したことから、この検出した QTL 近傍に深水条件下で節間伸長を誘導する遺伝子が存在することが明らかとなった。さらにそれぞれの NIL の後代

を育成し、3つの QTL 全てに関してマッピングを行った。また、最も強い作用を示した第 12 染色体の QTL のマッピング領域は浮イネ性を有する野生イネ (*O. rufipogon*) で検出された、最も作用力の強い QTL 領域と一致した。このことから、第 12 染色体に存在する QTL は浮イネ品種と野生イネに共通して最も重要な QTL である可能性が示唆された。

Breeding Science 58: 39–46 (2008)

イネの浮イネ性に関する QTL のマッピング

河野律子^{1,2)}・土井一行¹⁾・安井 秀¹⁾・望月俊宏¹⁾・吉村 淳¹⁾

(¹⁾九州大学大学院・農学研究院, (²⁾日本学術振興会特別研究員)

浮イネは上昇する水位に応じて草丈を伸ばし、水没を回避する能力 (浮イネ性) を有している。浮イネ性は、節間伸長を開始する時期と増水条件下での節間伸長能力の二要素に大別できる。本研究では、節間伸長開始時期と増水条件下での節間伸長能力を評価するための指標として、伸長を開始する節間の位置 (最低伸長節間, lowest elongated internode; LEI) および節間伸長速度 (cm day^{-1} , rate of internode elongation; RIE) を用い、浮イネ性に関する量的形質遺伝子座 (QTL) のマッピングを行った。浮イネ品種と非浮イネ品種を交配して得られた F₂ 集団を用い、浮イネ性に関する QTL 解析を行った結果、LEI に関する二

つの QTLs, *qLEI3* と *qLEI12* をそれぞれ第 3 染色体と第 12 染色体上に、RIE に関する二つの QTLs, *qRIE1* と *qRIE12* をそれぞれ第 1 染色体と第 12 染色体上に検出した。さらに BC₃F₂ 集団を用いて、これらの QTL の存在を再確認した。また、これらの QTLs の準同質遺伝子系統を作出し、浮イネ性を評価した。その結果、LEI と RIE は部分的に異なる遺伝的支配を受けており、第 12 染色体の *qLEI12* と *qRIE12* は浮イネ性に関して重要な役割を果たしていることが明らかとなった。

Breeding Science 58: 47–53 (2008)

ダイコンにおける根の形と胚軸部の赤色着色性を支配する QTL マッピング

津呂正人¹⁾・諏訪部圭太^{2,5)}・久保中央^{3,4)}・松元 哲²⁾・平井正志^{3,4)}

(¹⁾名城大学・農学部, (²⁾野菜茶業研究所, (³⁾京都府立大学大学院・農学研究科, (⁴⁾京都府農業資源研究センター, (⁵⁾現: 東北大学大学院・生命科学研究所)

ダイコンにおける根の形および胚軸部 (根地上部) の着色性を支配する遺伝因子を明らかにするため、'黄河紅丸' と '打木源助' の F₂ 集団を用いて分子連鎖地図に基づく QTL 解析を行った。AFLP, *Brassica rapa* 由来 SSR および自家不和合性特異的 SLG マーカーの多型をもとに連鎖解析を行った結果、198 個のマーカー (AFLP が 169 個, *Brassica* SSR が 28 個および SLG-CAPS が 1 個) が座乗した、14 の連鎖群 (LOD 値の閾値は 5.0) からなる全長 667.6 cM の連鎖地図を構築することができた。得られたダイコンの連鎖地図で同一連鎖群に座乗する SSR が、*B. rapa* の異なる複数の連鎖群に由来していることから、*R. sativus* と *B. rapa* のゲノム間で遺伝的組換えが高頻度に生じていること

が示唆された。一方、根の形を調査したところ、第 3, 第 8 および第 9 連鎖群に、合計 42.4% の寄与率を持ち、LOD 値がそれぞれ 2.42, 3.22 および 2.88 である 3 つの QTL を検出することができた。また、根径の大きさを支配する 2 つの QTL が、第 4 および第 8 連鎖群に検出された。これらの QTL のうち、第 8 連鎖群の QTL は根の肥大性を制御しており、根の形にも影響を及ぼしていると推察された。胚軸部の赤色着色性については、単独で 43.8% の寄与率を持ち、LOD 値が 9.58 を示す QTL が、第 11 連鎖群に検出された。

Breeding Science 58: 55–61 (2008)

ダイズの裂莢性に関する主要な QTL *qPDH1* の位置と効果の確認

船附秀行¹⁾・羽鹿牧太²⁾・萩原誠司³⁾・山田哲也²⁾・田中義則⁴⁾・辻 博之¹⁾・石本政男¹⁾・藤野介延⁵⁾

(¹⁾北海道農業研究センター, ²⁾作物研究所, ³⁾北海道立十勝農業試験場, ⁴⁾北海道立中央農業試験場, ⁵⁾北海道大学・農学研究院)

ダイズの裂莢性は、機械収穫が普及した今日、非常に重要な農業形質となっているが、本州以南の品種で、機械収穫に適した難裂莢性が付与されている品種は少ない。そこで、本研究では、ダイズの裂莢性に関する主要な量的遺伝子座 *qPDH1* を利用したマーカー育種法の開発に向け、連鎖するマーカーの有用性および異なる遺伝背景・栽培地における QTL の効果を検証した。まず、トヨムスメ (易裂莢性) × ハヤヒカリ (難裂莢性) の交雑後代から *qPDH1* 近傍のゲノム領域のみをヘテロにもつ残余ヘテロ接合系統をスクリーニングし、その自殖後代でこの領域内で組換えが起こった、いくつかの系統を選抜した。それらのグラフ遺伝子型と裂莢率との関係を解析し、*qPDH1* が連鎖群 J の SSR マーカー Sat_093 と Sat_366 の間に位置することを確認した。ま

た、これらのマーカー座における対立遺伝子型を、難裂莢性品種を含む様々な品種・系統について調査したところ、難裂莢性の供与親であるタイの品種 SJ2 およびその後代の難裂莢性品種・系統と、日本の代表的な易裂莢性品種の間で多型が観察された。さらに、*qPDH1* において SJ2 由来の対立遺伝子を有する難裂莢性品種・系統と易裂莢性品種・系統との交雑 4 組み合わせの後代を、北海道と関東の 3 カ所で栽培し調査したところ、すべての集団で Sat_366 のマーカー遺伝子型と裂莢性の難易との関連が認められた。以上の結果から、*qPDH1* における SJ2 由来の難裂莢性の対立遺伝子とそれに連鎖するマーカーが広く育種に利用できることが示唆された。

Breeding Science 58: 63–69 (2008)

PolA1 塩基配列解析による *Petunia axillaris* Complex および *P. integrifolia* Complex の分子識別

張 新望¹⁾・高橋弘子¹⁾・中村郁郎²⁾・三位正洋²⁾

(¹⁾千葉大学大学院・自然科学研究科, ²⁾千葉大学大学院・園芸学研究科)

ペチュニア園芸品種の育成親と言われている野生種 *Petunia axillaris* Complex および *P. integrifolia* Complex はそれぞれ 3 亜種 (ssp. *axillaris*, ssp. *parodii*, ssp. *subandina*) および 2 種 (*P. integrifolia*, *P. inflata*) を含む。これら 2 つの Complex 内の種 (亜種) を形態上で識別することは難しい。本研究では、RNA ポリメラーゼ I の最大サブユニットをコードする *PolA1* 遺伝子の第 19 イントロンおよび第 20 エクソンの塩基配列を解析し分子識別を試みた。その結果、2 つの Complex は、第 19 イントロンの

7 塩基および第 20 エクソンの 3 塩基の indel (挿入/欠失) により明瞭に識別できた。また、*P. axillaris* Complex の 3 亜種および *P. integrifolia* Complex の 2 種は、それぞれ 3 ヶ所の特異的な塩基置換により識別可能であった。本研究で得られた *PolA1* 遺伝子の塩基配列の多型に基づき、簡便な PCR マーカーを開発することができれば、ペチュニア園芸品種の育成親や品種分化の解析に応用できると思われる。

Breeding Science 58: 71–75 (2008)

カロテノイドを高含有するばれいしょ品種「インカのひとみ」の育成

小林 晃¹⁾・高田明子^{1,2)}・津田昌吾¹⁾・遠藤千絵¹⁾・高田憲和^{1,3)}・梅村芳樹¹⁾・中尾 敬^{1,4)}・

吉田 勉^{1,5)}・林 和也⁶⁾・森 元幸¹⁾

(¹⁾北海道農業研究センター, ²⁾現:作物研究所, ³⁾現:種苗管理センター, ⁴⁾現:長崎県島原農業改良普及センター, ⁵⁾現:東北農政局, ⁶⁾東京家政学院短期大学)

2 倍体の橙黄肉品種「インカのめざめ」の開放受粉種子集団の中からカロテノイド系色素を高含有し、一般農業特性にも優れた「インカのひとみ」を育成した。2002–2005 年まで「インカのひとみ」、「インカのめざめ」、「男爵薯」の 3 品種の生育を調査し分散分析を行ったところ、収量、でんぶん価、塊茎の休眠期間、茎数、株当たりイモ数に品種間差異が認められ、出芽日

数と熟期、茎長には品種間および年次間差異も認められた。「インカのひとみ」の熟期は中早生、規格内収量は「インカのめざめ」比で 128%、「男爵薯」比で 48%、平均 1 個重は 51 g と非常に小さく、でん粉価は 16.8% であった。塊茎の皮色は赤と黄色の 2 色を呈しており、特徴的な外観を有していた。塊茎の休眠期間は「男爵薯」の 101 日に対して 48 日と極めて短かった。塊

茎にはカロテノイド系色素が「インカのみぎめ」とほぼ同量含まれており、その量は黄肉品種「キタアカリ」の4倍以上に相当していた。ゼアキサントニンが主成分であったが、ルテイン、ピオラキサントニン、 β -カロテン等も含まれていた。低温貯蔵による塊茎中の糖の変動について調査した結果、果糖、ブドウ糖、ショ糖が顕著に増加し、ショ糖しか増加しなかった「インカのみぎめ」(ショ糖増加型)とも、果糖とブドウ糖しか増加しなかった「男爵薯」(還元糖増加型)とも異なる糖変動が認められた。食

味試験において、「インカのみぎめ」に特有のナッツの風味が「インカのみぎめ」にも感じられ、食味も非常に優れていた。病害虫抵抗性については、ジャガイモそうか病に対しては「インカのみぎめ」、「男爵薯」よりも強い中程度の抵抗性を有していた。しかしながら、ジャガイモシスト線虫、ジャガイモYウイルス、疫病に対する抵抗性はなかった。

Breeding Science 58: 77-82 (2008)

ホールクロップサイレージ用の多収水稻品種「タチアオバ」

坂井 真¹⁾・岡本正弘^{1,2)}・田村克徳¹⁾・梶 亮太¹⁾・溝淵律子^{1,3)}・平林秀介^{1,2)}・八木忠之^{1,4)}・西村 実^{1,3)}・深浦壮一^{1,5)}

(¹⁾九州沖縄農業研究センター, ²⁾作物研究所, ³⁾農業生物資源研究所, ⁴⁾国際協力機構, ⁵⁾熊本県農業研究センター)

日本におけるホールクロップサイレージ(WCS)用イネは、水田で生産可能な飼料作物として、転作水田を有効利用した飼料自給力向上と作物生産と畜産が結びついた資源循環型農業の実現のため、その作付けが推進されている。WCS用として乾物生産性の高い専用品種の育種が進められている。「タチアオバ」は、強稈で全重収量の高い九州平坦部向きのWCS用品種として2006年に育成され、「水稻農林419号」として命名登録された。その育成経過は、米国の太根性品種「Lemont」を母本として、初期世代でくり返し根の太さによる選抜を行いつつ、日本型系統との多系交配を行って育成された。「タチアオバ」の特性は出穂期は主食用品種の「ミナミヒカリ」より5日程度遅く、九州地域では“極晩生”に属する。「ミナミヒカリ」に比べ、稈長は20cm程度長く、穂長も約5cm長く、穂数は少ない。草型は“穂重型”

で、極長稈で一般主食用とは明らかに異なる草姿から圃場での識別は容易である。いもち病抵抗性遺伝子 *Pia*, *Pii*, *Pbi* を持つと推定され、圃場抵抗性は葉いもちに中、穂いもちにやや強である。また、縞葉枯病にも抵抗性である。太い稈と太い根を有し、極長稈にもかかわらず耐倒伏性は移植栽培、直播栽培を問わずきわめて強い。全重は「ミナミヒカリ」比で早植えて126~128%、普通期栽培で116%と多収である。推定TDN(可消化養分総量)含量は60%前後で主食用品種と同程度で、推定TDN収量は主食用品種より高い。「タチアオバ」はWCS用として九州地域を中心とした暖地の平坦部を中心とする地域に適すると考えられる。

Breeding Science 58: 83-88 (2008)

グラジオラス野生種の香気成分と芳香性育種素材の選定

鈴木一典¹⁾・大久保直美²⁾・中山真義²⁾・高津康正¹⁾・霞 正一¹⁾

(¹⁾茨城県農業総合センター・生物学研究所, ²⁾花き研究所)

グラジオラス野生種 (*Gladiolus*) には香りを発散する種が存在し、芳香性育種素材として期待されるが、これらの香気成分については詳細な研究が行われていない。そこで、グラジオラス野生種の香気成分と発散の昼夜変化を調査し、有望な育種素材の選定を試みた。香気成分は、野生種の花1輪における24時間分の発散成分をダイナミックヘッドスペース法により採取し、GC-MS分析により同定した。その結果、供試した野生種9種から、芳香族化合物の成分として安息香酸メチル、安息香酸ベンジル、オイゲノール、酢酸ベンジル、フェニルアセトアルデヒド、2-フェニルエタノール、ベンジルアルコール、ベンズアルデヒド、メチルオイゲノールが、モノテルペン系の成分としては *cis*-オシメン、*trans*-オシメン、ゲラニオール、酢酸ゲラニル、

シトラール、ネロール、リナロールが、セスキテルペン系の成分としては α -イオノン、 β -イオノン、*dihydro*- β -イオノン、 β -カリオフィレンが確認された。野生種は香気成分の違いから、イオノン系、オシメン/カリオフィレン系、ネロール系およびリナロール/芳香族化合物系に大別できた。これらの中で、好ましい香気成分を有し発散量の多い *G. orchidiflorus*, *G. recurvus*, *G. tristis* および *G. watermeyeri* は芳香性育種のための素材として有望であると考えられた。次に、野生種3種の香気発散の昼夜変化を調査したところ、*G. orchidiflorus* は10時から14時の昼間に、*G. recurvus* と *G. tristis* は18時から22時の夜間に発散のピークを示した。これらの種には香気発散の昼夜変化に異なる機構が働いていると考えられ、これらを芳香性育種に活用する

ことで、目的とする時間帯に香気発散が可能な新品種の育成が期待できる。

Breeding Science 58: 89–92 (2008)

イネ (*Oryza sativa* L.) におけるごま葉枯病抵抗性の QTL 解析

佐藤宏之¹⁾・安東郁男¹⁾・平林秀介¹⁾・竹内善信¹⁾・荒瀬 栄²⁾・木原淳一²⁾・加藤 浩¹⁾・井辺時雄^{1,3)}・根本 博¹⁾

(¹⁾作物研究所, ²⁾島根大, ³⁾現: 国際農林水産業研究センター)

イネごま葉枯病は、イネごま葉枯病菌 (*Bipolaris oryzae*) によって引き起こされる糸状菌病害である。土壌改良資材の投与等により、我が国では同病害による被害は著しく減少したが、老朽化・砂質土壌および泥炭土壌の一部地域ではこの病害が依然として発生しており、穂枯れによる収量損失が現在も問題となっている。インド型品種のいくつかは、強度のごま葉枯病抵抗性を示すことが古くから知られているが、抵抗性の育種の利用および遺伝解析は行われていない。本研究では、インド型抵抗性品種「Tadukan」と、日本型罹病性品種「ヒノヒカリ」の交配に由来する F₅ 系統群を対象に、SSR および STS マーカーを用いて、

ごま葉枯病抵抗性に関する QTL 解析を行った。なお、抵抗性の検定は、幼苗への噴霧接種によって行った。解析の結果、第 2, 9 および 11 染色体上に抵抗性に関与する 3 つの QTL (*qBS2*, *qBS9* および *qBS11*) を検出した。*qBS9* および *qBS11* では、Tadukan 由来の遺伝子が発病程度を減少させる方向 (ごま葉枯病抵抗性) に働いていたが、*qBS2* では、逆にヒノヒカリ由来の遺伝子が抵抗性を付与する方向に働いていた。本研究で同定した QTL 近傍のマーカーを用いて、今後、DNA マーカー選抜によるごま葉枯病抵抗性育種を展開する予定である。

Breeding Science 58: 93–96 (2008)