

イネアンモニウムトランスポーター*OsAMT1;2*と*OsAMT1;3*遺伝子のプロモーター機能解析

姚 善国^{1,2)}・園田 裕¹⁾・筒井友和¹⁾・中村英光³⁾・市川裕章³⁾・池田 亮¹⁾・山口淳二¹⁾

(¹⁾北海道大学大学院・生命科学院 先端生命科学院, ²⁾現:中央農業総合研究センター, ³⁾農業生物資源研究所)

我々は以前、2種類のイネアンモニウムトランスポーター遺伝子*OsAMT1;2*と*OsAMT1;3*が共に栄養成長期において根で発現することを報告した。両遺伝子の機能分担について検討するため、両プロモーター::*gusA*レポーター遺伝子を導入した形質転換イネを用いた解析を実施した。両遺伝子の4-kbプロモーター融合遺伝子を導入した形質転換イネを用いた解析より、両者が根で特異的に発現することを確認した。詳細な解析より、*OsAMT1;3*遺伝子では窒素欠乏時に種子根や側根の先端部にて主要な発現が観察されるのに対し、*OsAMT1;2*遺伝子では窒素

供給時に根の伸長領域での発現が促進された。これらの結果より、*OsAMT1;3*遺伝子が窒素センサーとして、また*OsAMT1;2*遺伝子は窒素同化の実質として、イネにおける根の窒素吸収機能を分担している可能性が示唆された。上記の結果は、両遺伝子とも4-kbプロモーター領域で観察されたが、2-kbプロモーター領域を用いた形質転換体では観察できなかった。従って、上記の根組織特異的並びに窒素応答制御には5'側の2-kbプロモーター領域が関与していると考えられた。

Breeding Science 58: 201–207 (2008)

胚乳のアミロペクチン構造に影響せずにアミロース含量が増大するイネ変異系統

鈴木保宏¹⁾・佐野芳雄²⁾・伊勢一男³⁾・松倉 潮^{1,4)}・青木法明¹⁾・佐藤宏之^{1,5)}

(¹⁾農研機構・作物研究所, ²⁾北海道大学・農学研究院, ³⁾国際農林水産業研究センター, ⁴⁾現:農研機構・食品総合研究所, ⁵⁾現:農林水産省・農林水産技術会議事務局)

モチ座遺伝子の一つのアリルである*Wx^b*遺伝子の発現は登熟温度に応答し、種子中のアミロース含量は変動する。低アミロース米品種“スノーパール”では通常温度(26°C)の登熟でアミロース含量は5%となり、胚乳は白濁した。一方、冷温(20°C)の登熟でアミロース含量は18%となり、胚乳は透明となった。この視覚的に判別可能なスノーパールの胚乳の透明度の変化を指標にして、著者らは胚乳のアミロース含量が増大する変異候補(Enhanced amylose content (ENA))を単離した。20°Cおよび26°Cで登熟したENAのアミロース含量は、スノーパールのそれらよりも6~7%高かった。アミロペクチンの鎖長構造に関して、ENAとスノーパールとの間に相違は認められなかったため、ENAの変異は見かけ上のアミロース含量が高まる*amylose-extender (ae)*変異ではなく、胚乳の真のアミロース含量が増大する新規の変異であると考えられた。さらに、スノーパールの

モチ遺伝子第3エクソンには一塩基多型が生じているが、ENAにおいてもこれは保存されていた。また、モチ遺伝子の第1エクソンと第1イントロンのジャンクション部分における一塩基多型もスノーパールとENAの間で違いは認められなかった。ENAとスノーパールの交配による遺伝解析を行ったところ、ENAのアミロース含量が増大する特性は劣性の2遺伝子により支配されていることが明らかになった。こうして、著者らはアミロペクチン構造に影響しないでアミロース含量が増大するイネ変異体を単離した。地球温暖化やより高い登熟温度はイネ胚乳のアミロース含量を低下させるので、本研究で単離された変異体は米品質の多様性をもたらす有用な育種母本となるばかりでなく、アミロース合成の遺伝制御機構を解明するための研究素材になると考えられる。

Breeding Science 58: 209–215 (2008)

トウモロコシ×テオシント (*Zea nicaraguensis*) の戻し交配集団を用いた根の通気組織形成能を支配する QTL の検証

間野吉郎・大森史恵

(畜産草地研究所)

根の通気組織の形成は、過剰水分により生じる低酸素状態に対する重要な適応要因のひとつと考えられている。これまでに、トウモロコシ B64 × テオシント *Zea nicaraguensis* の F₂ 集団において、非湛水条件下における通気組織形成能に関連する量的形質遺伝子座 (QTL) が第 1 染色体の 2ヶ所 (*Qaer1.02-3* と *Qaer1.07*) に見出されている。本研究では、その結果を検証するためにトウモロコシ優良自殖系統 Mi29 × *Z. nicaraguensis* の BC₂F₁ 世代 214 個体において AB (advanced backcross)-QTL 解析を行った。94 の SSR マーカーにより作成した 852.7 cM の連鎖

地図を用いて QTL 解析を行ったところ、第 1 染色体に比較的効果の大きい QTL が見出され (*Qaer1.06*)、その位置はすでに報告されている *Qaer1.07* の近傍であった。さらに、第 1 染色体の別の領域 (*Qaer1.11*) と第 5 染色体 (*Qaer5.09*) に有意な QTL が見出された。BC₂F₁ 集団の中から通気組織形成能を支配する QTL を持つ個体を選び Mi29 への戻し交雑を進めており、そこで得られる準同質遺伝子系統をトウモロコシ耐湿性育種の素材として利用する予定である。

Breeding Science 58: 217–223 (2008)

イネ属の栽培および野生種における 2つの葉緑体塩基配列の進化的な解析

高橋弘子¹⁾・佐藤洋一郎²⁾・中村郁郎³⁾

(¹⁾千葉大学大学院・自然科学研究科, ²⁾総合地球環境学研究所, ³⁾千葉大学大学院・園芸学研究科)

イネ属の種分化を解析するために、野生および栽培種 14 種 40 系統の葉緑体 DNA の 2ヶ所の塩基配列: ORF100 (676 bp), PSBZ (629 bp) を比較した。その結果、BB および CC ゲノム種は、EE および FF ゲノム種よりも AA ゲノム種と類似していた。AA ゲノムの 7 種において、*O. barthii* がコンセンサスな塩基配列を含んでおり、*O. longistaminata* および *O. glumaepatula* は、*O. barthii* と良く類似した配列を含んでいた。*O. sativa*-*O. rufipogon* 複合体は、2つの野生種 (*O. nivara*, *O. rufipogon*) および 2つの生態型 (インド型, 日本型) に分けられるが、*O. nivara* は、コンセ

ンサス配列に対しインド型栽培種よりも大きな変異を示したので、インド型の起源に関与していないと考えられる。また、インド型と同じ塩基配列の *O. rufipogon* の 1 系統 (w1958) が認められたが、この系統は、インド型と *O. rufipogon* の交雑後代の野生型雑草であると考えられる。このため、インド型栽培種の起源を解明するためには、コンセンサス配列とインド型配列の中間型の葉緑体を含む野生種を同定することが必要であると考えられる。

Breeding Science 58: 225–233 (2008)

準同質遺伝子系統を用いた炊飯米の粘りとアミロース含有率に関する量的形質遺伝子座の検証

小林麻子¹⁾・富田 桂¹⁾・兪 法明^{1,3)}・竹内善信²⁾・矢野昌裕⁴⁾

(¹⁾福井県農業試験場, ²⁾農研機構・作物研究所, ³⁾現: 浙江省農業科学院, ⁴⁾農業生物資源研究所)

著者らはこれまでに、「コシヒカリ」と「アキヒカリ」の交雑に由来する倍加半数体系統群を用いて量的形質遺伝子座 (QTL) 解析を行い、第 2 染色体長腕領域に「コシヒカリ」の炊飯米の良食味性に関する作用の大きな QTL を検出した。本研究では、準同質遺伝子系統 (NIL) を作成することにより、この QTL の効果を検証した。DNA マーカー選抜により、「アキヒカリ」を遺伝的背景とし、第 2 染色体長腕領域について、異なる大きさの断片をコシヒカリホモ型に置換した 6 系統の NIL を作成した。これらの NIL について 89 の SSR マーカーで遺伝的背景を調査

した結果、第 2 染色体長腕以外に 1～5 領域においてコシヒカリ断片の残存が明らかとなったが、全ての NIL に共通して残存した領域はなかった。一方、稈長や穂数などの農業形質において「アキヒカリ」と有意に異なる NIL もあったが、食味に大きな影響を及ぼすと考えられる出穂期は全ての NIL で「アキヒカリ」と同じであった。2006 および 2007 年に栽培した NIL について食味に関する形質として官能試験による炊飯米の粘りおよび白米のアミロース含有率を調査したところ、4 系統の NIL では炊飯米の粘りが「アキヒカリ」より有意に強く、またアミ

ロース含有率が「アキヒカリ」より有意に低かった。それぞれの NIL において置換された「コシヒカリ」の染色体領域と粘りの評価値とを比較したところ、粘りに関与する候補ゲノム領域は、第2染色体の SSR マーカー RM13658 と RM3730 間の 515 kbp および SSR マーカー KA43 と RM6933 間の 773 kbp のどちらか一方、もしくは両方にあることが明らかとなった。以上の結果

から、倍加半数体系統群を用いた解析で得られた QTL の効果を検証できるとともに、検証された QTL のコシヒカリ型の対立遺伝子が炊飯米の粘りを増加させ、アミロース含有率を下げるということが明らかとなった。

Breeding Science 58: 235–242 (2008)

形質転換サツマイモにおける SPFMV の複合感染に対する抵抗性評価

岡田吉弘・齋藤 彰

(九州沖縄農業研究センター)

サツマイモ帯状粗皮病は、サツマイモ斑紋モザイクウイルス (SPFMV) 強毒 (S) 系統により引き起こされるサツマイモの重要病害の一つである。これまでに、本ウイルスに対する抵抗性を付与する目的で、SPFMV-S 外被タンパク質 (CP) 遺伝子を導入した形質転換サツマイモが開発されており、それらは S 系統に対して抵抗性を示している。しかしながら、SPFMV には普通 (O) 系統、徳島 (T) 系統など、複数のウイルス系統が報告されており、また SPFMV の圃場での生態学的な特性は不明である。従って、本研究では帯状粗皮病に対して、より野外環境に近い条件での形質転換サツマイモの抵抗性評価のため、日本各地の一般圃場における帯状粗皮病罹病株の感染ウイルスの生態学的特性を調査し、さらに、形質転換サツマイモに対する圃場罹病株を接種源とした抵抗性評価を実施した。その結果、各地の帯状粗皮病罹病株には、原因ウイルスである S 系統の単独感染だけではなく、多くの場合、O 系統および T 系統などの他

の SPFMV 系統との複合感染が確認された。また、罹病株には複数のウイルス系統が検出されるが、その中に優先系統が存在し、それらは地域により異なっていることが明らかとなった。以上の結果から、単独の S 系統に対する抵抗性を獲得している形質転換体が、圃場における帯状粗皮病に対して抵抗性を示すのかを調査するため、複数の SPFMV 系統に感染した圃場罹病株を接木接種し、抵抗性を評価した。その結果、形質転換サツマイモは、非形質転換体と比較して明らかに複数の SPFMV 系統に対してもウイルス増殖を抑制しており、かつ萌芽後代においてもウイルス増殖が抑制されていたことから、本形質転換サツマイモは、複数の SPFMV 系統に対して長期的に高い抵抗性を示すことが明らかとなった。従って、本形質転換サツマイモは、圃場においても帯状粗皮病に対して高い抵抗性を示す可能性が示唆された。

Breeding Science 58: 243–250 (2008)

セイヨウナタネ (*Brassica napus*) の小孢子由来胚に特異的に発現する遺伝子群の同定

津和本亮・高畑義人

(岩手大学・農学部)

小孢子培養は、効率的に半数体および倍加半数体植物を作出する技術であると同時に、植物の胚形成を解析するための有用なモデル系である。これまで、小孢子からの胚形成機構を解明するため、多くの研究が実施されてきたが、その分子機構については未だ不明な点が多い。本研究では、胚形成に際して劇的な形態的变化が生ずる直前の球状胚期に焦点を当て、suppression subtractive hybridization 法によりセイヨウナタネ (*Brassica napus*) 小孢子由来の球状胚で特異的に発現する遺伝子群を単離した。単離した 254 の EST (expressed sequence tag) s の塩基配列を決定した後グルーピングした結果、82 が singleton、残り 172 が 28 の EST グループに整理され、最終的に小孢子由来の球状胚特異

的と予想される 110 の ESTs に整頓された。相同性検索により単離遺伝子の機能を推定した結果、96.4% が既知の遺伝子と相同性を示し、このうち 42.7% は unclassified protein と、13.6% は metabolism 関連遺伝子と予想された。さらに、単離遺伝子の小孢子胚形成時における遺伝子発現を定量的 RT-PCR により解析した結果、解析に供した 6 遺伝子すべてが胚形成時に高い発現パターンを示し、また種子中の受精胚においても同様の発現が認められた。これらの結果は、単離遺伝子の多くが小孢子胚発生、受精胚発生において共通に発現することを示すものであり、今後胚形成の分子機構を明らかにするための基盤を提供した。

Breeding Science 58: 251–259 (2008)

ジーンバンク、農家保全および市場由来のショウガ属遺伝資源の遺伝的分化

Shakeel Jatoi^{1,2)}・菊池 彰¹⁾・三村真紀子¹⁾・San San Yi³⁾・渡邊和男¹⁾

¹⁾筑波大学大学院・生命環境科学研究科遺伝子実験センター、²⁾Plant Genetic Resources Program, National Agricultural Research Center, Pakistan, ³⁾Vegetable and Fruit Research and Development Center, Myanmar Agriculture Services, Ministry of Agriculture and Irrigation, Myanmar)

ショウガ属植物は地下部に根茎を有する多年生の植物群で、食用、生薬など幅広い目的のために人類に利用されてきた。これまで、我々の研究グループは、イネのマイクロサテライトマーカーとして開発されたプライマーセットをショウガ属植物の多様性解析に用い、RAPD等と同様に、中立性マーカーとしての実用性とショウガ科植物の分類に有効であることを報告した。本研究では、前研究と同一のプライマーセットを用いて、ミャンマーを主体として各国で収集された3種のショウガ属植物 (*Zingiber officinale*, *Z. barbatum*, *Z. mioga*) に対して、その遺伝的多様性と種の分化を解析した。そのうちの1種であるショウガ (*Z. officinale*) については、ジーンバンク、地域の小規模農家、大型市場という保存・利用形態の異なる3つのリソースから得た遺伝資源を材料に、種内の遺伝的変異の有無と程度を明らかにすることも目指して解析を行った。その結果、ショウガ属3種には、種間レベルで明確な差違が認められ、種特異的バ

ンドなどが出現するなど、高い多型性を検出することが出来た。一方、*Z. officinale* における種内の多様性の幅も大きく、3つの異なるリソース間でも近縁性を示す系統があり系統樹上にクラスターを形成する場合があった。また、AMOVA解析の結果からも種内の多様性が大きい(87%)ことが示された。一般的に、小規模農家の*Z. officinale* 在来品種には、ジーンバンクで従来から保全されているものや大型市場に由来するものよりも高い遺伝的多様性が認められた。産地国別に見てみると、ミャンマーのショウガ属植物は他のアジア諸国のものよりも高い遺伝的多様性を示した。本研究結果から、ショウガ属植物の遺伝資源、特に小規模農家で維持されている系統は、ショウガ属植物の多様性保全や将来の品種改良にとって有効な材料となるかもしれないことが推測された。

Breeding Science 58: 261–270 (2008)

イネのジャポニカ品種間から由来する組換え自殖固定系統群を利用した農業形質のQTL解析

Soo-Jin Kwon^{1,4)}・Young-Chan Cho¹⁾・Soon-Wook Kwon¹⁾・Chang-Sik Oh²⁾・Jung-Pil Suh¹⁾・Young-Seop Shin¹⁾・Yeon-Gyu Kim¹⁾・Dawn Holligan³⁾・Susan R. Wessler³⁾・Hung-Goo Hwang¹⁾・Sang-Nag Ahn²⁾

¹⁾National Institute of Crop Science, ²⁾Department of Agronomy, Chungnam National University, ³⁾Department of Plant Biology, University of Georgia, ⁴⁾National Institute of Agricultural Biotechnology)

ジャポニカ品種の育成にマーカー選抜を導入するために、2種類のジャポニカ品種、水源365(多収性)とChucheongbyeo(良食味)から由来する231系統の組換え自殖固定系統群(RIL)について、種子形質をはじめとする農業形質のQTL解析を行った。12種類の染色体を2227 cMでカバーし、マーカー間の平均遺伝距離が11 cMとなる221種類(134種類のSSRマーカー、66種類のAFLPマーカーおよび21種類のMITE由来)のマーカーからなる連鎖地図を構築した。親系統間の多型頻度は、SSRが19.5%、AFLPが12.9%およびMITEsが42.3%であった。AFLPとMITEsマーカーを除外した解析により、この連鎖地図における遺伝距離の増加はAFLPマーカー(遺伝子型の信頼性が低い)

によるものであり、この結果は、以前の報告と一致していた。2年間にわたって、10種類の形質について27個のQTLが検出された。それらのQTLのうち、14個は2年間とも検出された。検出されたQTLの染色体上での位置を、既報のQTLの位置と比較した場合、稈長、一穂粒数、種子の幅、長さおよび形に関する8個のQTLは新たな染色体領域に位置づけられたことから、これらの遺伝子は新規なものと考えられた。第7染色体上に出穂期、種子の形態などに関与する7個のQTLが集中してマッピングされた。これらのQTLに連鎖するマーカーはジャポニカ品種のマーカー選抜に有用であると考えられる。

Breeding Science 58: 271–279 (2008)

日本在来イネ品種ミニコアコレクションの作成

江花薫子¹⁾・小島洋一郎²⁾・福岡修一¹⁾・長峰 司³⁾・河瀬真琴¹⁾

(¹⁾農業生物資源研究所, ²⁾富山農業技術センター, ³⁾作物研究所)

農業生物資源ジーンバンクに保存されているイネの日本在来品種のうち、地域分布・パスポートデータ等を考慮して選んだ236系統について、SSR マーカー32座の変異を解析し、50系統からなるミニコアコレクションを選定した。日本在来品種は日本型イネの水稲および陸稲とインド型イネの3群に分けられ、

32座での平均対立遺伝子数は7.7個であった。ミニコアコレクションはDNA変異の88%を含むとともに、母集団にみられる農業形質変異の大半を含んでいた。このコレクションは農業生物ジーンバンクから研究用に配付されている。

Breeding Science 58: 281–291 (2008)

SSR マーカーを用いたラッカセイ (*Arachis hypogaea* L.) の遺伝的多様性と類縁関係の解析

内藤嘉磯^{1,2)}・鈴木 茂³⁾・岩田義治³⁾・久保山勉¹⁾

(¹⁾茨城大学, ²⁾三菱化学メディエンス(株), ³⁾千葉県農林総合研究センター)

ラッカセイ (*A. hypogaea* L.) は、油脂およびタンパク源として重要な南米原産の作物である。わが国では、主に大粒品種がマメ菓子等として消費されている。わが国のラッカセイ遺伝資源は、1世紀以上前に海外から伝わり、今日までに様々な品種が育成されてきた。しかしながら、国内で保有する遺伝資源の遺伝的多様性や類縁関係は明らかでない。そこで本研究では、千葉県総合農林研究センター落花生試験地が保有する201アクセッションのラッカセイ栽培種、および11種13アクセッションの野生種について、多型性のSSRマーカーによる解析を実施

した。解析した13プライマー対は、合計108種類のアレルを増幅した。各マーカー毎のアレル数は3から15で、平均8.3であった。さらに、多型情報を利用してUPGMA法による樹状図を作成したところ、4倍体種 (*A. hypogaea* および *A. monticola*) は2倍体野生種と区別された。また、4倍体種は150の遺伝子型に分類され、それらは主に *fastigiata* 亜種から成るグループと、*hypogaea* 亜種を中心とした *A. monticola* を含むグループに分類された。

Breeding Science 58: 293–300 (2008)

画像解析とSSRマーカーを用いた野生サクラソウ集団の花弁形態に関する遺伝的多様性と分化の評価

吉田康子¹⁾・本城正憲²⁾・北本尚子¹⁾・大澤 良¹⁾

(¹⁾筑波大学大学院・生命環境科学研究科, ²⁾東北農業研究センター)

国内に自生するサクラソウ (*Primula sieboldii* E. Morren) は園芸品種の祖先種であるが、現在では生育地の開発や乱獲により絶滅の危機に瀕している。野生集団の保全において重要な遺伝的多様性の評価は現地における可視形質の変異評価とDNA多型に基づいて行われてきたが、各自生地における可視形質の変異を遺伝的変異と環境変異とに分けることはできず正確な意味での遺伝的変異に基づいた評価とは言えなかった。そこで、本研究では、3地域5集団由来の108ジェネットを同一環境下で栽培し、画像解析による花弁形状と面積の集団内・間の遺伝的変異の評価を行うとともに、8個のSSRマーカーによる集団の

多型解析を行うことによって、各形質の集団間分化程度 (Q_{st}) とDNA多型に基づく集団間分化程度 (F_{st}) を比較した。その結果、花弁形態と面積の広義の遺伝率は0.5–0.7であること、集団内に大きな遺伝的変異が維持されており、集団間分化程度はあまり高くないことが明らかになった。また、花弁形態の集団間変異については Q_{st} が F_{st} よりも小さいことから、花弁形態については方向性選択がかかっていないこと、花弁面積の集団間変異については Q_{st} が F_{st} とほぼ同程度の値を示したことから、主に遺伝的浮動によって分化したことが示唆された。

Breeding Science 58: 301–307 (2008)

第 12 染色体上のカタラーゼ遺伝子への連鎖に基づいた 4 倍体バレイショゲノムにおける Ry_{sto} 遺伝子に特異的なマーカーの開発とマッピング

István Cernák¹⁾・Kincső Decsi²⁾・Sándor Nagy³⁾・István Wolf⁴⁾・Zsolt Polgár¹⁾・Gergely Gulyás⁴⁾・Yutaka Hirata⁵⁾・János Taller²⁾

¹⁾Potato Research Centre, Centre of Agricultural Sciences, University of Pannonia, ²⁾Department of Plant Sciences and Biotechnology, Georgikon Faculty of Agriculture, University of Pannonia, ³⁾Department of Economic Methodology, Georgikon Faculty of Agriculture, University of Pannonia, ⁴⁾United Graduate School of Agricultural Science, Tokyo University of Agriculture and Technology, ⁵⁾Graduate School of Agriculture, Tokyo University of Agriculture and Technology)

ハンガリーの Keszthely での何十年にもわたるバレイショ育種の結果、野生の *Solanum* 種を抵抗性の給源として用い、バレイショを害する病原体に対する多数の抵抗性品種が育成されてきた。時間のかかる育種過程を単純にするため、本報では、*Solanum stoloniferum* 種に由来し、バレイショ Y ウィルス (PVY) に対する高度の抵抗性をもたらす Ry_{sto} 遺伝子に関連する SCAR マーカーを、この遺伝子に連鎖する RAPD マーカーからの配列情報を利用して開発した。このマーカーの有用性は PVY に抵抗性な

いしは罹病性の 21 品種で試験され、 Ry_{sto} 遺伝子を持つ遺伝子型を効率的に特定できることが見出された。バレイショ研究では従来用いられなかったイントロンターゲット法によって、このマーカーが新規な染色体特異的アンカーマーカー (*Cat-in2*) に連鎖していることが特定され、 Ry_{sto} 遺伝子は第 12 染色体上に位置づけられた。

Breeding Science 58: 309–314 (2008)

日本の主要品種を含むダイズ栽培種と野生種の SSR マーカーによる多型解析

黄 太暎^{1,2)}・中本有美¹⁾・河野いづみ³⁾・榎 宏征¹⁾・船附秀行¹⁾・喜多村啓介²⁾・石本政男¹⁾

¹⁾北海道農業研究センター, ²⁾北海道大学大学院・農学研究院, ³⁾農林水産先端技術研究所)

主要品種と重要な遺伝資源を含むダイズ 87 品種・系統について、377 種類の SSR マーカーの多型解析を行った。これらの SSR マーカーは、増幅の安定性や 3% アガロースゲルでの分離性とともダイズの 20 連鎖群に偏りなく分布するよう選択した。各マーカーは 2 から 10 の遺伝子型を示し、その平均値は 3.7 であった。また、多型性の大きさの指標となる多型情報含有値 (PIC, polymorphic information contents) の平均値は 0.44 であった。各マーカーの遺伝子型に基づいてクラスター解析を行ったところ、日本品種と外国品種、野生種の大きく 3 グループに分かれた。また、各グループ内は品種・系統の由来する地域によっ

て細分され、各地域の品種が比較的限られた遺伝子型によって構成されていることが示された。一方、近年は海外の有用遺伝資源を用いた品種育成も進んでおり、マーカー解析の結果からも他グループの遺伝子型の流入が確認された。このことは、遺伝的多様性を高めても日本品種に求められる栽培特性や種子品質を維持できることを示している。本研究で得られた多型情報は、農業上重要な形質の遺伝解析とマーカー選抜育種に利用されていくものと考えられる。

Breeding Science 58: 315–323 (2008)

野生・雑草・栽培アズキにおける 4 葉緑体非コード領域の塩基配列変異

Ye Tun Tun・山口裕文

(大阪府立大学・生命環境科学研究所)

ヒマラヤ高地から極東アジア産の野生アズキ 11 系統、雑草アズキ 6 系統、栽培アズキ 14 系統と *Vigna nepalensis* 2 系統および外群としての *V. minima*, *V. nakashimae*, *V. riukiensis*, *V. hirtella*, *V. exilis* について葉緑体 DNA の非コード領域 *trnQ-rps16*, *psbD-trnT*, *trnT-trnE* と *trnY-trnD* の塩基配列変異を解析した。アラインメント配列 2,076 bp には 74ヶ所の変異があり、41ヶ所の系統上有効サイトが検出された。最節約系統樹では *Vigna nepalensis*

は野生、雑草、栽培アズキの全系統とともに単系統性を示し、これまでの解析を支持した。栽培アズキは産地にかかわらず 2, 3 の変異を含む極東の野生および雑草アズキに類似した配列変異を示し、ハプロタイプ連結図は栽培アズキの単一の母系を示した。

Breeding Science 58: 325–330 (2008)

ガンマ線の照射線量および線量率がキクにおける突然変異誘発および核DNA量に及ぼす影響

山口博康^{1,2)}・清水明美¹⁾・出花幸之介^{1,3)}・森下敏和¹⁾

(¹⁾農業生物資源研究所・放射線育種場, ²⁾現:花き研究所, ³⁾現:沖縄県農業研究センター)

ガンマ線照射は突然変異を誘発するだけでなく、染色体異常などの障害も同時に引き起こす。ガンマ線の照射線量率は、照射による影響の程度に違いを及ぼす要素のひとつである。キクの突然変異育種においてもガンマ線は広く使われているが、突然変異頻度や照射による障害の程度に及ぼす線量率の影響、および照射線量と線量率の相互作用に関する知見はない。そこで本研究では、キクの培養植物に対し異なる線量率で同じ線量を照射し、花色変異頻度および照射による障害として核DNA量の減少程度を調べ、それらに対する照射総線量と線量率の影響を明らかにした。品種‘大平’の培養植物に、ガンマ線の総線量15, 30および60 Gyを、線量率0.5, 1, 2および5 Gy/hで照射した。照射後、切り出した葉片からの再分化率を調査した。さらに、0.5, 1, および2 Gy/h区では、再分化個体において花色変異、および核DNA量を調査した。再分化率は総線量が高

いほど低下し、また、いずれの総線量においても線量率が高いほど再分化率は低下した。花色変異頻度は総線量が同じであれば線量率に関わらず同じであったことから、変異頻度は照射線量によって決まることが明らかとなった。一方、核DNA量は照射によって減少したが、その程度は総線量および線量率の両者の影響を受け、高線量での照射でも低線量率で照射することにより核DNA量の減少が抑えられた。核DNA量の減少程度と花色変異頻度の関係は線量率によって異なり、線量率0.5 Gy/hでの照射では、1および2 Gy/hと比較して核DNA量の減少程度が小さくても同程度の変異が得られた。このことから、高い線量を低い線量率で照射することにより、変異頻度を低下させることなく照射による障害の小さい変異体の獲得が可能であることが示された。

Breeding Science 58: 331–335 (2008)

イネ染色体地図における乳白粒関連QTLと高温登熟応答性遺伝子の座乗位置の比較

山川博幹¹⁾・蛭谷武志²⁾・寺尾富夫¹⁾

(¹⁾中央農業総合研究センター・北陸研究センター, ²⁾富山県農林水産総合技術センター)

イネにおいて、登熟期の高温による乳白粒の発生に関与する遺伝子を特定するために、高温によって発現が変動する登熟関連遺伝子と乳白粒の発生程度を制御するQTLについて染色体座乗位置の比較解析を行った。その結果、デンプン粒結合型デンプン合成酵素 (*GBSSI*)、デンプン分枝酵素 (*BEIIB*)、 α -アミラーゼ (*Amy3D*, *Amy3E*) およびピルビン酸リン酸ジキナーゼ (*PPDKB*) 等、高温によって発現が変動するデンプン代謝関連遺伝子の一部の近傍に、それぞれ乳白粒関連QTLが存在するこ

とが明らかとなった。これらの遺伝子は、その変異あるいは過剰発現によってそれぞれ玄米が白濁化することが報告されているので、高温による乳白粒の発生にも関与している可能性が示唆された。このように、QTL解析の結果を遺伝子発現情報と比較することは、高温登熟による乳白粒発生に関与する候補遺伝子を提示するために有効であることが示された。

Breeding Science 58: 337–343 (2008)