

## コムギの循環選抜プログラムを2回行ったときの収量とタンパク質の遺伝的獲得量

Na Niu<sup>1,2)</sup> · Vivi N. Arief<sup>2)</sup> · Ian H. DeLacy<sup>2)</sup> · Douglas Lush<sup>3)</sup> · John Sheppard<sup>3)</sup> · Gaisheng Zhang<sup>1)</sup> · Mark J. Dieters<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup>Northwest A & F University, China, <sup>2)</sup>The University of Queensland, School of Land, Crop and Food Sciences, Australia, <sup>3)</sup>Queensland Department of Employment, Economic Department and Innovation, Leslie Research Centre, Australia)

収量とタンパク質を増加させることは小麦育種の重要な目標である。しかし、両形質の強い負の相関と、遺伝子型と環境の相互作用 (G × E) のため、これらを同時に改良することは難しい。オーストラリア北部小麦生産地域において、高収量性と高タンパク質量の両方を兼ね備えた遺伝資源を育成するために、循環選抜プログラム (RSA) を開始した。基本分離集団を育成するために、まず 10 品種 (7 高収量品種, 3 高品質品種) 間で総当たり交配を行い、引き続き F1 間の任意交配を行った。北部穀物地域で循環選抜の初代 (RSA0) と第一世代 (RSA1) について 2 年間、様々な環境での試験を行った。5 種類の可能な指

標に基づき 2 回の循環選抜によって得られたデータについて、達成できた遺伝的獲得量を評価した。収量に基づき選抜した場合、タンパク質で選抜した場合、収量により調整したタンパク質で選抜した場合にのみ選抜した形質の増加が見られたが、その他では形質では減少した。しかし、収量とタンパク質、または、収量と収量で調整したタンパク質に基づいた選抜を適用すると、収量 (それぞれ RSA1 世代で 4.7%, 6.0%, RSA0 世代で 4.0%, 4.2%) およびタンパク質 (それぞれ RSA0 世代で 2.1%, 1.3%, RSA1 世代で 1.7%, 1.6%) が増加した。

**Breeding Science** 60: 181–186 (2010)

## イネ品種「おぼろづき」および「北海 PL9」の低アミロース性の遺伝解析

安東郁男<sup>1,2)</sup> · 佐藤宏之<sup>1)</sup> · 青木法明<sup>1)</sup> · 鈴木保宏<sup>1)</sup> · 平林秀介<sup>1)</sup> · 黒木 慎<sup>3)</sup> · 清水博之<sup>3)</sup> · 安藤 露<sup>4)</sup> · 竹内善信<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>作物研究所, <sup>2)</sup>農水省・農林水産技術会議事務局, <sup>3)</sup>北海道農業研究センター, <sup>4)</sup>農林水産先端技術研究所)

胚乳のアミロース含有率の制御は、イネの良食味品種の育成の主要な手段である。低アミロースイネ品種「おぼろづき」「北海 PL9」の低アミロース性遺伝子を同定するため、「おぼろづき」の低アミロース性のドナー親であるイネ系統「北海 287 号」と別の低アミロース系統「北海 PL9」の交配後代 90 系統を用いて QTL 解析と塩基配列解析を行った。その結果、第 6 染色体短腕の *WX1* 座と、第 9 染色体短腕上に低アミロース性に関与する 2 つの QTL を検出した。第 6 染色体 *WX1* 座の QTL については、アミロース含有率を下げる「北海 287 号」型の対立遺伝子を新規の *WX1* 座対立遺伝子として、*Wxl-1* と命名した。この遺伝子は、第 10 イントロンに 37-bp の欠失を有しており、*Wxl-1* ホモ型は、アミロース含有率を 7.8% 低下させた。また、遺伝子の欠

失部位を含むゲノム領域を増幅させるように設計したプライマー「Wx-U1L3」は、*Wxl-1* 遺伝子を持つ品種と持たない品種を明確に識別したことから、この DNA マーカーは、今後「おぼろづき」型の低アミロース品種の育成に有用であると考えられる。一方、第 9 染色体短腕の QTL (*qAC9.3*) は、「北海 PL9」の対立遺伝子ホモ型が 2.8% アミロース含有率を低下させた。また QTL 解析では、*Wxl-1* と *qAC9.3* が相加的にアミロース含有率を下げることを示された。これら 2 つの低アミロース遺伝子の利用は、アミロース含有率変化による良食味米育種の DNA マーカー選抜に有用なツールである。

**Breeding Science** 60: 187–194 (2010)

## 日本国内のハマダイコン *Raphanus sativus* L. var. *hortensis* Backer f. *raphanistroides* Makino (Brassicaceae) の集団内・集団間におけるマイクロサテライト変異の空間構造

大迫敬義・平井正志・山吹 誠

(京都府立大学・生命環境科学研究科)

日本国内のハマダイコン *Raphanus sativus* L. var. *hortensis* Bacher f. *raphanistroides* 野生集団の地域 (<250 km) ならびに局所 (<3.5 km) スケールにおける遺伝的変異とその空間構造を 8 個のマイクロサテライトマーカーを用いて調査した。地域スケールでは、日本海岸に分布する 7 集団を解析に用いた。局所スケールでは、京都府京丹後市久美浜町の集団を対象とした。遺伝的変異量は地域 ( $H_T=0.577$ ) ならびに局所 ( $H_T=0.604$ ) レベルで同程度であった。局所集団ならびに分集団における近交係数はそれぞれ 0.206 ならびに 0.179 となった。地域、局所両スケールにおいて集団ないし分集団間の遺伝的分化の程度は低く、固定

指数はそれぞれ 0.048 ならびに 0.034 であった。しかし、AMOVA では集団間の有意な分化が検出された。空間遺伝構造の解析では、両スケールにおいて集団ペア間の空間的距離と遺伝的分化の程度に正の相関が見られた。これらの結果は、調査したハマダイコン集団が遺伝構造を有しており各集団が固有の遺伝的組成を保持していることを示唆する。局所集団間が遺伝的異質性を示すことから、複数の集団の探索により様々な有用形質を含むダイコン遺伝資源を獲得する機会が得られると考えられる。

**Breeding Science** 60: 195–202 (2010)

## ダイコン F<sub>1</sub> 採種圃場で観察される花粉媒介昆虫の選択的訪花行動

小林喜和<sup>1)</sup>・塚本 翔<sup>1)</sup>・田中 篤<sup>2)</sup>・新倉 聡<sup>2)</sup>・大澤 良<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>筑波大学大学院・生命環境科学研究科, (<sup>2)</sup>(株) トーホク)

アブラナ科野菜の F<sub>1</sub> 種子生産には、採種母本両親系統間の送受粉が不可欠であり、またこれは花粉媒介昆虫の訪花行動に依存する。本研究では、細胞質雌性不稔性を利用したダイコン F<sub>1</sub> 採種圃場における複数昆虫種の訪花行動ならびに種子親系統の種子生産性を、開花期間の前・中・後期に調査した。その結果、セイヨウミツバチおよびニホンミツバチを含むミツバチ類は、両親のどちらか一方の系統へ選択的に訪花すること、一方でハナアブやヒラタアブなどのハナアブ類は、両系統へ訪花する傾向があることがわかった。開花期間の前・中期では系統間移動がほとんど観察されなかったにもかかわらず、開花後数日たっ

た花にはすべて他家受粉がなされていた。また、開花期間の後期には、他家受粉粒数が増加しており、これにはハナアブ類の頻繁な系統間移動が寄与したものと考えられた。種子親系統の結実率および一莢粒数には、開花期間の前・中・後期で変動が見られた。この変動は、上記の花粉媒介昆虫の選択的訪花行動に伴う、他家受粉量の増減によるものと推察された。この花粉媒介昆虫の選択的訪花行動は、不十分な系統間受粉を招き、結果的に F<sub>1</sub> 種子結実の不安定性を引き起こす可能性がある。

**Breeding Science** 60: 203–211 (2010)

## アビシニア高地を中心とした栽培エンマーコムギ (*Triticum turgidum* L.) における遺伝的多様性

竹中祥太郎<sup>1)</sup>・森 直樹<sup>2)</sup>・河原太八<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>京都大学大学院・農学研究科, (<sup>2)</sup>神戸大学大学院・農学研究科)

アビシニア高地 (エチオピア) は形態的な変異が多いことから栽培エンマーコムギ (*Triticum turgidum* L.) の多様性の二次中心と考えられている。エチオピアとその他の地域から集められた 88 系統の栽培エンマーコムギを対象に、核 DNA に存在する 4 つのシングルコピー遺伝子の *Acc1-A*, *Pgk1-B*, *Waxy-A*, *Waxy-B* の一部の塩基配列を用いて遺伝的多様性を分析した。Structure

解析から 88 の系統は 4 つのクラスターに分けられた。それぞれのクラスターは難脱穀性亜種と易脱穀性亜種の両方を含んでおり、特定の亜種に対応したクラスターは存在しなかった。エチオピアの難脱穀性エンマーコムギ在来品種と易脱穀性エンマーコムギ在来品種はそれぞれがいくつかの特異的なアレルを有しており、両者の間では遺伝的交流が限られていることが示され

た。エチオピアの在来エンマーコムギの遺伝的構成は、世界中の他のエンマーコムギとは異なっていたが、エチオピアのエンマーコムギの塩基多様性は他のエンマーコムギ集団よりも高くはなかった。エチオピアのエンマーコムギ在来品種の大きな形

態的多様性は限られた遺伝的背景の中で進化してきたものと考えられた。

**Breeding Science** 60: 212–227 (2010)

## コムギ準同質遺伝子系統を用いた 5 種類のピュロインドリン対立遺伝子の穀粒硬度と小麦粉特性の比較

高田兼則<sup>1)</sup>・池田達哉<sup>1)</sup>・谷中美貴子<sup>1)</sup>・松中 仁<sup>2,3)</sup>・関 昌子<sup>2)</sup>・石川直幸<sup>1)</sup>・山内宏昭<sup>4)</sup>

(<sup>1)</sup>近畿中国四国農業研究センター, <sup>2)</sup>作物研究所, <sup>3)</sup>現:九州沖縄農業研究センター, <sup>4)</sup>北海道農業研究センター)

穀粒の硬軟質性はコムギ (*Triticum aestivum* L.) の加工適性に影響する重要な形質の一つである。ピュロインドリン (*Pin*)-a およびピュロインドリン-b 遺伝子の突然変異は穀粒の硬質性と関連しており, PINA と PINB タンパク質の発現のパターンは *Pin* の対立遺伝子間で異なっている。そこで2カ所で栽培した *Pin* 対立遺伝子の準同質遺伝子系統を用いて, 穀粒硬度と製粉性および小麦粉の特性について調査したところ, 遺伝子型は穀粒硬度とそれに関連する品質形質に対して有意な効果を示すことが認められた。 *Pinb-D1b* の穀粒硬度, 小麦粉粒度, 損傷デンプン含量は, *Pinb-D1c*, *Pinb-D1p*, *Pina-D1b* および *Pina-D1k* よ

りも有意に低かった。穀粒硬度は PINA と PINB の両方を欠失している *Pina-D1k* が最も高く, 次いで PINA 欠失の *Pina-D1b* であった。 *Pina-D1k* と *Pina-D1b* は損傷デンプン含量と CO<sub>2</sub> 発生量も高かった。損傷デンプン含量は製パン性の重要な形質である小麦粉の吸水率やパン生地発酵時の CO<sub>2</sub> 発生量と関係しており, これらの対立遺伝子は製パン性の改良に有用と考えられた。本試験の結果は, 各対立遺伝子における PIN の発現量が硬質コムギの穀粒の特性に影響していることを示していた。

**Breeding Science** 60: 228–232 (2010)

## 韓国のコムギの種子形質, 小麦粉の物理化学的性質, および品質におよぼすピュロインドリン遺伝子型の影響

Chul Soo Park<sup>1)</sup>・Chon-Sik Kang<sup>1)</sup>・Young-Keun Cheong<sup>1)</sup>・Woosuk Jung<sup>2)</sup>・Sun-Hee Woo<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>National Institute of Crop Science, RDA, Korea, <sup>2)</sup>College of Life & Environmental Sciences, Konkuk University, Korea, <sup>3)</sup>Department of Crop Science, Chungbuk National University, Korea)

韓国コムギ品種のピュロインドリン遺伝子型を調査し, これと種子形質, 小麦粉の物理化学的性質および最終利用品質の関係を調査した。韓国の9品種が *Pina-D1a/Pinb-D1a* を, 14品種が *Pina-D1a/Pinb-D1b*, 3品種が *Pina-D1b/Pinb-D1a* をもっていた。 *Pina-D1b/Pinb-D1a* および *Pina-D1a/Pinb-D1b* 遺伝子型を保有する品種は, *Pina-D1a/Pinb-D1a* 遺伝子型を保有する品種よりも有意に千粒重, 穀粒の硬質指数, 小麦粉収量, 平均粒大, 灰分, タンパク質含量, SDS 沈降量, 吸水量, ミキソグラフの混合時間, 麺生地シートの厚さの増加を示し, 小麦粉の明度, クッキーの直径の低下を示した。 *Pina-D1b/Pinb-D1a* 遺伝子型をもつ

品種は他の遺伝子型をもつ品種に比べ, 有意に高い損傷デンプン含量, 水保持能を示した。穀粒の硬質指数は, 小麦粉の収量および小麦粉の平均粒大に有意な正の相関を示した。これらの要因は損傷デンプン, 水保持能, SDS 沈降量, ミキソグラフの水吸収と正に相関し, 小麦粉の明度と負の相関を示した。最終産物の品質としては, 麺生地シートの厚さと明度およびクッキーの直径が硬質指数, 製粉特性, 物理特性と相関した。しかしながら, パン体積と調理麺の食感は製粉特性や物理特性に影響しなかった。

**Breeding Science** 60: 233–242 (2010)

## 遠縁ダイズ品種間交雑で見出されたイソフラボン含量に関する超越分離を支配する4つのQTL

吉川貴徳<sup>1,2)</sup>・奥本 裕<sup>1)</sup>・緒方大輔<sup>1)</sup>・佐山貴司<sup>1,3)</sup>・寺石政義<sup>1)</sup>・寺井雅一<sup>4)</sup>・戸田登志也<sup>4)</sup>・山田勝重<sup>4)</sup>・矢ヶ崎和弘<sup>5)</sup>・山田直弘<sup>5,6)</sup>・築山拓司<sup>1)</sup>・山田利明<sup>1)</sup>・谷坂隆俊<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>京都大学大学院・農学研究科, <sup>2)</sup>東京大学大学院・農学生命科学研究科, <sup>3)</sup>北海道農業研究センター, <sup>4)</sup>フジッコ株式会社, <sup>5)</sup>長野県野菜花き試験場, <sup>6)</sup>作物研究所)

ダイズ (*Glycine max* (L) Merr.) の種子に含まれるイソフラボンは、人の健康に様々な効果を有するため、近年大きな注目を集めている。高イソフラボン含量のダイズ品種 Peking とタマホマレのイソフラボン含量増加に関わる遺伝因子を同定するために、両者の交配に由来する組換え自殖系統 (RILs) を用いて Daidzein 誘導体含量 (DAC), Genistein 誘導体含量 (GEC), Glycitein 誘導体含量 (GLC) および総イソフラボン含量 (TIC) に関する QTL 解析を行った。イソフラボン含量は、RILs96 系統を 2003 年に京都、大阪および長野で、2004 年に大阪と長野とで栽培し、それぞれの年次、栽培地で得られた種子について評価した。調査を行った全ての試験区において TIC に関する超

越分離が認められた。複合区間マッピング法により TIC に関する 4 つの QTL, *qIso1* (連鎖群 A1), *qIso2* (連鎖群 A2), *qIso3* (連鎖群 C1) および *qIso4* (連鎖群 D2) が検出された。高イソフラボン対立遺伝子は、*qIso1* および *qIso4* では Peking に、*qIso2* および *qIso3* ではタマホマレに由来した。前者の 2 つの QTL は他の交雑組合せでも観察されているが、*qIso2* および *qIso3* は新規の QTL である。本研究結果より、Peking とタマホマレの交雑後代で観察された TIC の大きな変異は、4 つの QTL における遠縁品種由来の対立遺伝子の組み合わせによると考えられた。

**Breeding Science** 60: 243–254 (2010)

## 果実形質および核・細胞質ゲノムの DNA マーカー多型に基づくベトナム在来メロンの遺伝的多様性

Phan Thi Phuong Nhi<sup>1,2)</sup>・明石由香利<sup>1)</sup>・Tran Thi Minh Hang<sup>3)</sup>・田中克典<sup>4)</sup>・艾 爾肯<sup>1)</sup>・牙 生<sup>1)</sup>・山本達也<sup>1)</sup>・西田英隆<sup>1)</sup>・龍 春林<sup>5)</sup>・加藤鎌司<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>岡山大学大学院・自然科学研究科, <sup>2)</sup>Faculty of Agronomy, Hue University of Agriculture and Forestry, Vietnam, <sup>3)</sup>Hanoi University of Agriculture, Vietnam, <sup>4)</sup>総合地球環境学研究所, <sup>5)</sup>中国科学院昆明植物研究所)

ベトナム在来メロンの遺伝的多様性を明らかにするために、59 系統について果実形質と DNA マーカー多型を調査した。果実形質の多様性は高く、ベトナムで栽培されている 5 タイプのメロンのうち “Dua le” および “Dua vang” は Conomon 群の var. *makuwa* に、そして “Dua gang” は Conomon 群の var. *conomon* に、それぞれ分類された。また、“Dua bo” は Momordica 群に分類された。しかしながら、“Dua thom” は従来の分類基準には適合せず、品種群もしくは変種に分類することができなかった。これら 5 タイプの在来メロンの類縁関係を解明する目的で、比較品種および中国の在来メロン品種も供試して RAPD 多型および SSR 多型を解析した結果、ベトナムのメロンの遺伝的多様性は小さく、中国の Conomon 品種群と同程度であることが判明した。DNA 多型データより算出した系統間での遺伝的距離に基づくクラスター分析の結果、“Dua bo”、“Dua le”、“Dua vang” および “Dua gang” の 4 タイプが第 2 クラスターに分類され、こ

れに近い第 3 および第 4 クラスターは主に中国および日本の Conomon 群品種により構成された。一方、“Dua thom” は中国雲南省の在来メロンと一緒に第 5 クラスターに分類された。さらに、Akashi *et al.* (2006) らのアフリカおよびアジア諸国の在来メロン 291 系統の RAPD 多型データと比較したところ、“Dua thom” および雲南省の在来メロンがミャンマー、バングラデシュおよびインド東北部の小粒系メロン (種子長 <9 mm) と近縁なことが明らかになった。これに対して、その他 4 タイプのベトナムメロンは中国、韓国および日本の Conomon 群および Agrestis 群と近縁なことが判明し、東アジアにおける Conomon var. *makuwa* と var. *conomon* の分化と確立にこれら 4 タイプのメロンが密接に関わった可能性が示された。

**Breeding Science** 60: 255–266 (2010)

## 他殖性植物の突然変異育種における集団養成についての理論的研究

鵜飼保雄

(農業生物資源研究所・放射線育種場, 現: 茨城県土浦市)

「穂別系統内交雑法」(CSP法)は他殖性植物において突然変異体を効率的に選抜するための方法である。本論文では、CSP法を用いた場合に一定の確率下で1個体以上の突然変異体を検出するために必要な選抜世代における総個体数( $T$ )および非選抜世代も含めた総コスト( $T_c$ )を最小とするにはどのような集団養成にしたらいかを理論的に解析した。 $T_c$ は、選抜世代における系統当たり個体数( $n$ )、 $M_2$ 世代におけるヒルプロット当たり個体数( $h$ )、選抜世代に必要なコストに対する非選抜世代に必要なコストの比( $W$ )、および細胞当たり突然変異率( $p_1$ )

に依存する。 $T$ は $h$ に関係なく、 $n=1$ のとき最小であった( $T=47.93 \times p_1^{-1}$ )。いっぽう、 $T_c$ を最小にする $n$ の値( $n^*$ とする)は一定でなく、 $h$ によって変化した。 $W=10$ とすると、 $n^*$ は、 $h=2$ のとき6で、 $h$ が増加すると大きくなり、 $h=48$ では15となった。自殖性作物の場合と異なり、 $M_1$ 穂内にキメラが存在すると $T$ も $T_c$ も著しく増大した。細胞当たり突然変異率の推定法も提示した。

**Breeding Science** 60: 267–278 (2010)

## コウライシバ由来ベタインアルデヒド脱水素酵素遺伝子を発現する形質転換イタリアンライグラスの作出

高橋 亘<sup>1)</sup>・大石英樹<sup>2)</sup>・蝦名真澄<sup>1)</sup>・小松敏憲<sup>1,3)</sup>・高溝 正<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>畜産草地研究所・飼料作物育種工学研究チーム, <sup>2)</sup>飼料作物研究所, <sup>3)</sup>現: 農林水産技術情報協会)

体細胞不定胚形成能を有するカルスを用いたパーティクルガン法により、コウライシバ由来ベタインアルデヒド脱水素酵素遺伝子( $ZBD1$ )を発現する形質転換イタリアンライグラスを作出した。非形質転換体および $ZBD1$ を発現している形質転換体ともに塩ストレスにより生育が阻害されたものの、単離げつを用いた *in vitro* 試験により、塩化ナトリウム (300 mM) 存在

下での発根能力の改善が形質転換体において認められた。形質転換体のクロロフィル蛍光値は塩ストレスにより時間とともに低下したが、非形質転換体のそれよりも有意に高く推移したことから、形質転換体では塩ストレス耐性が向上していることが示された。

**Breeding Science** 60: 279–285 (2010)

## 合成パンコムギの成熟期に及ぼすタルホコムギ (*Aegilops tauschii*) の遺伝子型の効果

藤原佑紀<sup>1)</sup>・嶋田早苗<sup>1)</sup>・宅見薫雄<sup>2)</sup>・村井耕二<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>福井県立大学・生物資源学部, <sup>2)</sup>神戸大学大学院・農学研究科)

パンコムギ (*Triticum aestivum*) は、A, B, Dゲノムを持つ6倍体であり、一般的にはA, B, Dゲノム祖先2倍体種に由来する3つの重複した遺伝子(同祖遺伝子)を持つ。成熟期は、開花期と登熟期間に関係する形質であり、コムギの育種において重要な農業形質の一つである。Dゲノム親であるタルホコムギ (*Aegilops tauschii*) の成熟期の早晩性に関する遺伝子が、パンコムギの成熟期にどのように影響するかを調べるため、マカロニコムギ (*T. turgidum*) 品種「Langdon」に成熟期の早晩性の異なる3系統のタルホコムギをそれぞれ交配して得られた合成パンコムギの解析を行った。春化处理を行った場合、開花期の早い

タルホコムギを親系統にもつ合成パンコムギは開花期が早く、開花期の遅いタルホコムギを親系統にもつ合成パンコムギは開花期が遅かった。これは、開花期の早晩性に関するタルホコムギの遺伝子が合成パンコムギでも機能し、合成パンコムギの開花期に影響を及ぼすことを示唆する。一方、合成パンコムギの登熟期間や成熟期の早晩の差異はタルホコムギのそれとは対応がつかず、これらの形質は、A, B, Dゲノムの同祖遺伝子の相互作用によって決定されることを示唆する。

**Breeding Science** 60: 286–292 (2010)