

## コムギおよびオオムギのボロン毒性耐性：オーストラリアにおける展望

Thorsten Schnurbusch<sup>1)</sup>・Julie Hayes<sup>2)</sup>・Tim Sutton<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>Leibniz-Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Genebank Department, Germany, <sup>2)</sup>Australian Centre for Plant Functional Genomics, School of Agriculture, Food and Wine, University of Adelaide, Waite Campus, Australia)

ボロン毒性は南オーストラリアの一部を含む世界各地において穀物生産の重大な制約となっている。近年オオムギおよびコムギのボロン毒性耐性に影響を与える分子的・生理的メカニズムを調査する研究グループによって大きな前進がもたらされた。オオムギにおいてはボロン毒性耐性の四つの遺伝子のうち二つが同定されたが、いずれもボロントランスポーターであった。

コムギにおいてもボロン毒性耐性遺伝子同定に向けた研究の進展があった。この総説ではオーストラリアおよび世界のボロン毒性耐性に関する研究の現状を述べる。また将来におけるボロン毒性耐性を備えた新穀物品種育成のための見通しについて短く述べる。

**Breeding Science** 60: 297–304 (2010)

## 新たなイネ染色体断片置換系統群の作出と粒重および関連形質の QTL の同定

Jian Min Bian<sup>1)</sup>・Ling Jiang<sup>1)</sup>・Ling Long Liu<sup>1)</sup>・Xiang Jin Wei<sup>1)</sup>・Yue Hua Xiao<sup>1)</sup>・Lu Jun Zhang<sup>1)</sup>・Zhi Gang Zhao<sup>1)</sup>・Hu Qu Zhai<sup>2)</sup>・Jian Min Wan<sup>1,2)</sup>

(<sup>1)</sup>State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing Agricultural University, China, <sup>2)</sup>Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, China)

我々はこの論文で、日本型優良品種「C418」のゲノムをインド型優良品種「9311」を遺伝的背景に導入した新しいイネの染色体断片置換系統群 (CSSLs) の作出について報告する。この系統群のセットは、136 個の SSR マーカーと in/del マーカーに基づくマーカー選抜によって作出された。108 系統の CSSLs に導入された染色体断片は、「C418」のゲノムの 98.3% をカバーしている。この CSSLs を用いて、対照的な 2 カ所の試験地での千粒重とその関連形質の遺伝変異が解析され、合計 41 個の量的

遺伝子座 (QTL) が同定され、5 個の QTL は 2 カ所で共通して同定された。そのうちの *qTGW7* を詳細に解析した結果、第 7 染色体短腕上のマーカー RM22034 と共分離 (co-segregate) することが示された。この CSSLs は、千粒重以外のいくつかの農業特性についても表現形質の変異があった。CSSL 集団はこれらの変異形質の QTL 同定に有効であるだけでなく、作物改良に適した母本となるであろう。

**Breeding Science** 60: 305–313 (2010)

## ソルガム *bmr-6* 変異体における CAD 遺伝子の構造および発現様式とリグニン化との関係

霍田真一<sup>1)</sup>・蝦名真澄<sup>1)</sup>・小林 真<sup>1)</sup>・明石 良<sup>2)</sup>・川村 修<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>畜産草地研究所, <sup>2)</sup>宮崎大学・フロンティア科学実験総合センター, <sup>3)</sup>宮崎大学・農学部)

リグニンは植物細胞壁における主要な構成成分であるが、飼料の消化性や発酵系のバイオエタノール生産において負の要因となっている。リグニン生合成の制御機構の解明は、植物のリグニン含量の改変に不可欠である。ソルガムの *brown-midrib-6* 変異体 (*bmr-6*) は、リグニン生合成に関与する複数の鍵酵素の機能が抑制されている。特に、cinnamyl alcohol dehydrogenase (CAD; EC 1.1.1.195) 活性の低下は、本酵素遺伝子にナンセンス変異が生じたことによる転写レベルの蓄積量の低下によるもの

と考えられている。本研究で単離したソルガム CAD 遺伝子は 4 つのエクソンと 3 つのイントロンで構成される 4225 bp の鎖長を有することが判明した。さらに、5'-非翻訳領域には転写調節因子の候補配列が存在することが明らかとなった。植物種間で CAD 遺伝子のゲノム配列を比較したところ、構造の多様性は植物種間の系統進化を反映していた。*bmr-6* 系統における CAD 遺伝子の発現量は、根、茎、葉および中肋において N-6 系統よりも低かったものの、他のリグニン生合成遺伝子群の発現量には

系統間に差が認められなかった。以上のことから、*bmr-6* 系統における CAD 活性の低下は、翻訳後の調節を通じて他のリグニン

生合成関連酵素の活性に影響を及ぼしているものと示唆された。**Breeding Science** 60: 314–323 (2010)

## 黄肉色サツマイモ (*Ipomoea batatas* L.) に含まれるカロテノイドの組成、含量および抗酸化性

石黒浩二<sup>1,4)</sup>・吉永 優<sup>2)</sup>・甲斐由美<sup>1)</sup>・眞岡孝至<sup>3)</sup>・吉元 誠<sup>1,5)</sup>

(<sup>1)</sup>九州沖縄農業研究センター、<sup>2)</sup>九州沖縄農業研究センター、<sup>3)</sup>生産開発科学研究所、<sup>4)</sup>北海道農業研究センター、<sup>5)</sup>鹿児島女子短期大学・生活科学科)

黄肉色サツマイモ 8 品種または系統の総カロテノイド含量を吸光度分析により測定し、橙肉色サツマイモ 4 品種と比較した。総カロテノイド含量は、黄肉色品種/系統では 1.3 mg/100 g 乾物重～3.9 mg/100 g 乾物重であり、橙肉色品種では 13.5 mg/100 g 乾物重～39.9 mg/100 g 乾物重であった。HPLC 分析により黄肉色と橙肉色サツマイモに含まれる 17 種のカロテノイド成分を検出した。HPLC で測定したカロテノイド総量は、吸光度分析による総カロテノイド含量と高い相関性を示した。黄肉色品種/系統の主要なカロテノイドはβ-カロテン 5,8,5'8'-ジエポキシド(約 32%–51%)とβ-クリプトキサンチン 5,8-エポキシド(約 11%–30%)であり、橙肉色品種ではβ-カロテン(約 80%–92%)であった。これらの結果から、黄肉色と橙肉色ではカロテノイド

成分はほぼ同じであるが、各々の成分含量が黄色か橙色かの肉色によって異なることが示唆された。黄肉色サツマイモから単離したカロテノイド成分の抗酸化性を ABTS ラジカル消去能によって評価した。イポメアキサンチン A のラジカル消去能はβ-カロテンと同等であり、β-クリプトキサンチン 5,8-エポキシドのラジカル消去能が最も低かった。黄肉色サツマイモに含まれるカロテノイドはその抗酸化作用により様々な疾患の予防に貢献することが期待される。黄肉色サツマイモに豊富に含まれるβ-カロテンエポキシドとβ-クリプトキサンチンエポキシドは濃黄肉色サツマイモの品種育成において注目する成分である。

**Breeding Science** 60: 324–329 (2010)

## イタリアンライグラス (*Lolium multiflorum* Lam.) の低温誘導性遺伝子 *Lcs19* の発現と遺伝子構造

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

(<sup>1)</sup>飼料作物研究所、<sup>2)</sup>畜産草地研究所)

EST データベースのデータマイニングおよびゲノムライブラリーのスクリーニングにより、イタリアンライグラス (*Lolium multiflorum* Lam.) の低温誘導性遺伝子 *Lcs19* を単離した。LCS19 タンパク質のアミノ酸配列は、コムギ由来 WCS19 タンパク質と 74% の相同性を示した。*Lcs19* 転写産物は、低温処理 8 時間後より検出され、48 時間後まで増加した。*Lcs19* の発現は低温処理によってのみ誘導され、高塩濃度やアブシジン酸処理では誘導されなかった。暗黒下で低温処理した幼苗では、*Lcs19* の

発現は見られなかった。*Lcs19* とコムギ・オオムギ相同遺伝子のプロモーター配列を比較したところ、DRE/CRT シス因子配列を含む領域が見出された。これらの結果により、*Lcs19* の発現は、DRE/CRT シス因子により仲介されるシグナル伝達経路や、光合成系の酸化還元状態に関与するシグナル伝達経路により制御されていることが示唆された。

**Breeding Science** 60: 330–335 (2010)

## アフリカ栽培稲 *Oryza glaberrima* に由来するツマグロヨコバイ抵抗性に関する量的形質遺伝子座

藤田大輔<sup>1,2)</sup>・土井一行<sup>1,3)</sup>・吉村 淳<sup>1)</sup>・安井 秀<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>九州大学大学院・農学研究院、<sup>2)</sup>国際稲研究所、<sup>3)</sup>名古屋大学大学院・生命農学研究科)

ツマグロヨコバイ (*Nephotettix cincticeps* Uhler) は、東アジアの温帯地域に広く分布するイネ (*Oryza sativa* L.) の害虫である。

アフリカ栽培稲 *O. glaberrima* Steud. (IRGC104038) は、穂孕期にツマグロヨコバイに対して強度抵抗性を示す。この *O.*

*glaberrima* が保有するツマグロヨコバイ抵抗性の遺伝的基盤を解明するために、戻し交雑した分離集団を用いて量的形質遺伝子座 (QTL) 解析を行った。その結果、ツマグロヨコバイ抵抗性に関与する主要な QTL (*qGRH9*) を染色体 9 に、効果の弱い 3 つの QTL を染色体 3, 7, 10 にそれぞれ検出した。*O. glaberrima* の染色体断片導入系統群 (GILs) におけるツマグロヨコバイ抵抗性の評価により、検出した 4 つの QTL のうち *qGRH9* の効果

を実証した。また、GILs を用いた *qGRH9* の置換マッピングにより、この QTL を染色体 9 上の SSR マーカー *RM215* と *RM2482* の間 (約 1.39 Mbp) に特定した。*qGRH9* はアフリカ栽培種に見出された新規ツマグロヨコバイ抵抗性に関する主要 QTL であり、この QTL を挟む SSR マーカーは *qGRH9* を栽培品種に導入する際に役立つと期待される。

**Breeding Science** 60: 336–341 (2010)

## *Oryza glaberrima* 由来の *SI-g* 遺伝子を利用した *O. sativa* と *O. glaberrima* の種間交雑による雑種不稔の緩和

Xianneng Deng<sup>1,2)</sup> · Jiawu Zhou<sup>2)</sup> · Peng Xu<sup>2)</sup> · Jing Li<sup>2)</sup> · Fengyi Hu<sup>2)</sup> · Dayun Tao<sup>2)</sup>

(<sup>1</sup>)China Agricultural University, China, (<sup>2</sup>)Food Crops Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences (YAAS), China)

*Oryza glaberrima* の雑種不稔遺伝子 *SI-g* は、*SI-a* 遺伝子を持つ *O. sativa* との F<sub>1</sub> ハイブリッドで雑種不稔を起こす。著者らは *O. glaberrima* の不稔遺伝子をホモを持つ *O. sativa* の系統は、それを持たない通常の *O. sativa* の系統より *O. glaberrima* との交雑親和性が高いという仮説を検証した。*SI-g* 遺伝子を選択により 3 品種の *O. sativa* の遺伝的背景に導入した。これらの *SI-g* 系統と比較品種 (Dianjingyou 1) を花粉親として用いて、多数の *O. glaberrima* 系統および戻し交配の親に用いた品種と交配

した。*SI-g* 遺伝子を持つ系統との F<sub>1</sub> と BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> ではそうでない系統より、花粉と卵の稔性が高かった。*SI-g* 遺伝子を持つ系統との BC<sub>2</sub>F<sub>1</sub> の種子稔性も同様の結果であった。これらの結果は、*O. glaberrima* 由来の *SI-g* 遺伝子を持つ *O. sativa* 系統は、*O. glaberrima* と *O. sativa* のハイブリッドの稔性を高める橋渡し系統として利用できることを示している。

**Breeding Science** 60: 342–346 (2010)

## ゲノミック *in situ* ハイブリダイゼーション (GISH) 法と画像解析法を用いたフェストロリウム (*Festuca* × *Lolium*) におけるゲノム構成評価法の開発

秋山征夫<sup>1)</sup> · 久保田明人<sup>1)</sup> · 山田 (秋山) 仁美<sup>2)</sup> · 上山泰史<sup>1)</sup>

(<sup>1</sup>)東北農業研究センター, (<sup>2</sup>)岩手大学・農学部)

フェストロリウムは、*Festuca* と *Lolium* 属植物の属間雑種であり、両親由来の有益な農業形質を有する。ゲノミック *in situ* ハイブリダイゼーション法により、そのゲノム構成の調査が行われてきたが、2009 年に品種登録された日本初のフェストロリウム品種「東北 1 号」におけるゲノム構成は明らかとなっていない。著者らは、マルチカラー GISH 法と画像解析法を用いたフェストロリウムにおけるゲノム構成評価法を開発した。東北 1 号の染色体では多数の組換えが生じているが、*Festuca* ゲノムの割合は比較的小さいことが GISH 法によって明らかとなった。

フェストロリウムにおける動原体と仁形成部位の由来については、GISH 法と rDNA プロンプを用いた FISH 法による識別は困難であった。東北 1 号で観察された *Festuca* 由来の染色体断片数は細胞分裂ステージの進行につれて減少した。一方、*Festuca* ゲノム率 (f ratio として定義) は全ステージを通じて安定しており、フェストロリウムゲノム構成の指標として有用であることが示唆された。

**Breeding Science** 60: 347–352 (2010)

## イネ直播栽培における苗立ち性に関する QTL マッピング

岩田夏子<sup>1)</sup>・品田博史<sup>2)</sup>・木内 均<sup>3)</sup>・佐藤 毅<sup>2)</sup>・藤野賢治<sup>1,4)</sup>

(<sup>1)</sup>ホクレン農業協同組合連合会・農業総合研究所, <sup>2)</sup>北海道立総合研究機構・上川農業試験場, <sup>3)</sup>北海道立総合研究機構・中央農業試験場, <sup>4)</sup>現:北海道農業研究センター)

低温は植物の生長・発育に影響する環境ストレスの一つであり, 作物の生産性への最も甚大な制限要因となっている。そのため, 温帯および熱帯・亜熱帯地域の高地におけるイネの品種育成では, 低温耐性は重要な育種目標である。低温下におけるイネの初期生育の旺盛さは, 湛水直播栽培での安定した苗立ち性の確保において重要な形質である。本研究では, イネ系統「Arroz Da Terra」および「Italica Livorno」を遺伝子供与親とした3組合せの戻し交雑自殖系統を用いて苗立ち性に関する QTL

の同定を行った。圃場での苗立ち性には複雑な環境要因が含まれるため, 苗立ち性の評価には品種育成に用いている圃場での苗立ち検定方法を用いた。QTL 解析の結果, 寄与率 10.9% から 25.6% までの合計 9 個の QTL が検出できた。qSES5-2 以外は, 遺伝子供与親型が苗立ち性を高くする作用を示した。低温地域でのイネの品種育成において, これらの QTL は苗立ち性の改良に有効である。

**Breeding Science** 60: 353–360 (2010)

## サツマイモ斑紋モザイクウイルスの外被タンパク質遺伝子を導入した交雑植物における RNA サイレンシングおよび DNA メチル化の拡大

Nazmul Haque<sup>1,2)</sup>・山岡直人<sup>1)</sup>・西口正通<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>愛媛大学・農学部, <sup>2)</sup>現: Stowers Institute for Medical Research, USA)

われわれは, 以前にサツマイモ斑紋モザイクウイルス (SPFMV) の外被タンパク質遺伝子 (CP) の全体あるいは 5' 末端領域を形質転換した *Nicotiana benthamiana* を接ぎ木することにより導入遺伝子のメチル化には影響することなく RNA サイレンシングは導入遺伝子に沿って 5' 末端から 3' 末端方向に拡大することを報告した。ここでは, これら形質転換系統の間の交雑植物において RNA サイレンシングおよび導入遺伝子のメチル化の拡大を検討した。CP の 5' 末端領域をもつサイレンシング系統を CP の全領域をもつ非サイレンシング系統と交配した時, 後代植物では, siRNA が CP の 5' 末端領域のみならず, 中央 1/3 および 3' 末端領域からも検出されたが, 導入遺伝子 mRNA はほとんど検出さ

れなかった。このことは, 本交雑植物において RNA サイレンシングが全 CP 領域の転写物にわたり 5' から 3' 末端領域に拡大したことを示す。さらに, 対称 (CG および CNG) および非対称 (CHH) 両方の関係にあるシトシンのメチル化程度の増大 (その頻度の順番は, CG > CNG > CHH) が交雑植物の導入遺伝子全領域において観察された。これらの結果をあわせると, 核におけるサイレンシングシグナルと導入遺伝子 DNA の相互作用の程度を反映しながら, 実施システムに依存して RNA サイレンシングの拡大は導入遺伝子のメチル化の拡大を誘導することができると思われる。

**Breeding Science** 60: 361–370 (2010)

## 高リン効率を示すコムギ育種のためのコムギ異種染色体添加系統の同定

王 仕穩・殷 俐娜・田中裕之・田中 浄・辻本 壽

(鳥取大学・農学部)

リンの欠乏はコムギ生産において大きい収量の限定要因である。リン資源が枯渇ははじめているので, この問題はさらに重大になるであろう。コムギの低リン土壌に適応する能力は, いくつかの野生のイネ科植物より劣っている。コムギ近縁種がもつ高リン効率に関する遺伝子を特定染色体に同定するために, 107 種類の異種染色体添加コムギ系統の幼苗期におけるリン効率を調査した。その結果, 異種植物染色体の導入によりリン吸

収および利用能に影響が現れ, リン効率の変化がみられた。つまり, 9 添加系統は高リン効率を, 7 系統は高いリン吸収能を, 39 系統は高いリン利用能を示した。高リン形質を示す添加系統は, ゲノムの種類や同祖群と何ら関係がみられなかった。この高リン効率を示す添加系統は野生種との雑種を通じて高リン効率コムギの育種に用いることができるであろう。

**Breeding Science** 60: 371–379 (2010)

## 環境の異なる2地点での栽培による、ダイズの分枝型を制御する量的遺伝子座の検出

佐山貴司<sup>1,2)</sup>・黄太瑛<sup>2,5)</sup>・山崎敬之<sup>3,6)</sup>・山口直矢<sup>3)</sup>・小松邦彦<sup>2,4)</sup>・高橋将一<sup>2)</sup>・鈴木千賀<sup>3)</sup>・三好智明<sup>3)</sup>・田中義則<sup>3)</sup>・夏正俊<sup>1)</sup>・坪倉康隆<sup>1)</sup>・渡邊啓史<sup>1)</sup>・原田久也<sup>1)</sup>・船附秀行<sup>2,7)</sup>・石本政男<sup>1,2)</sup>

(<sup>1)</sup>農業生物資源研究所, (<sup>2)</sup>北海道農業研究センター, (<sup>3)</sup>十勝農業試験場, (<sup>4)</sup>九州沖縄農業研究センター, 現:<sup>5)</sup>National Institute of Crop Science, Republic of Korea, (<sup>6)</sup>北見農業試験場, (<sup>7)</sup>近畿中国四国農業研究センター)

ダイズにおける分枝の数や配置は、受光態勢や耐倒伏性に関与し、収量性を左右する。そこで、分枝数が異なる実験系統間の交雑に由来する組換え生殖系統 (RIL) 172 系統を用いて量的形質遺伝子座 (QTL) 解析を行った。RIL 集団は熟性遺伝子座である *E1* と *E3* が分離する。そこで、生育の競合を避ける目的で、DNA マーカーにより推定した熟性遺伝子型毎に各 RIL を栽植し、分枝数を計測した。*E1* アレルを有する集団は開花迄日数が長いことから、十勝に加え熊本で調査を行った。分枝数に関して、RIL 集団全体の解析から5つ (*qBr1* から *qBr5*) の QTL

が検出された。このうち、*qBr1* と *qBr2* はそれぞれ *E1* と *E3* の近傍に座乗していた。他の3つの QTL は既知の熟性遺伝子座近傍には座乗せず、*E1* アレルをもつ集団でのみ効果がみられた。つまり *qBr1* と交互作用がみられた。以上のように、十勝と熊本という大きく生育環境が異なる2地点で共通した QTL の効果が検出されたことから、分枝数は熟性遺伝子型に左右されるものの、遺伝的に制御可能であることが明らかになった。

**Breeding Science** 60: 380–389 (2010)

## 多様な栽培イネのゲノムワイド一塩基多型 (SNP) と集団構造解析

江花薫子<sup>1)</sup>・米丸淳一<sup>1)</sup>・福岡修一<sup>1)</sup>・岩田洋佳<sup>2,4)</sup>・金森裕之<sup>3)</sup>・並木信和<sup>3,5)</sup>・長崎英樹<sup>1,6)</sup>・矢野昌裕<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>農業生物資源研究所, (<sup>2)</sup>中央農業総合研究センター, (<sup>3)</sup>農林水産先端技術研究所, (<sup>4)</sup>現: 東京大学大学院・農学生命科学研究科, (<sup>5)</sup>現: 三菱スペース・ソフトウェア株式会社, (<sup>6)</sup>現: 国立遺伝学研究所)

栽培イネ (*Oryza sativa* L.) の塩基配列の多様性と集団構造を明らかにするために、コアコレクションを含む多様な 140 系統の遺伝子座内に含まれる一塩基多型 (SNP) をサンガー法を用いて調査した。12 染色体に散在する 1000 以上の遺伝子座内のエクソンおよびイントロンを PCR 法により増幅し、増幅産物を配列解読することにより、全部で 1 kb あたり平均 4.87SNPs となる 4357 の SNP を同定した。これらの SNP を用いて 140 系統を分類した結果、地理的分布を反映する 7 分類群が得られた。このうち、3 グループは従来の分類群の熱帯日本型グループに対応し、また 3 グループは従来のインディカの分類群に対応してい

た。また SNP を用いて、連鎖不平衡の程度について調査した結果、比較的強い連鎖不平衡がみられた従来の *aus* 群に対応するインディカ 1 型グループ以外、およそ 250 kb であった。また、7 分類群にみられるアリル頻度の違いは、各分類群の遺伝的多様度を反映していた。これらの SNP 情報は、イネの自然変異を明らかにするツールとして有効利用されることが期待される。これらの SNP 情報と隣接塩基配列情報は、データベースサイト (<http://oryza-snp.dna.affrc.go.jp/>) から入手可能である。

**Breeding Science** 60: 390–397 (2010)

## キクにおけるイオンビームの変異誘発効果と核 DNA 量に及ぼす影響

山口博康<sup>1,3)</sup>・清水明美<sup>1)</sup>・長谷純宏<sup>2)</sup>・田中 淳<sup>2)</sup>・鹿園直哉<sup>2)</sup>・出花幸之介<sup>1,4)</sup>・森下敏和<sup>1,5)</sup>

(<sup>1)</sup>農業生物資源研究所・放射線育種場, (<sup>2)</sup>日本原子力研究開発機構, (<sup>3)</sup>現: 花き研究所, (<sup>4)</sup>現: 沖縄県農業研究センター, (<sup>5)</sup>現: 北海道農業研究センター)

キクにおけるイオンビームの変異誘発効果と照射に伴う障害の大きさを明らかにするため、花色変異頻度と核 DNA 量の減少程度を調査し、ガンマ線と比較した。キクの培養葉片に 220 MeV 炭素イオン (平均 LET=76 keV/μm), 320 MeV 炭素イオン (107 keV/μm), 100 MeV ヘリウムイオン (9 keV/μm), ガンマ線を種々の線量で照射し、再分化植物において花色変異と核

DNA 量を調査した。320 MeV 炭素イオン, 100 MeV ヘリウムイオン, およびガンマ線では、核 DNA 量が減少した植物の数は照射線量が高くなるに従って増加した。それに対し、220 MeV 炭素イオンでは、線量が高くなって増加しなかった。変異誘発効果は、220 MeV および 320 MeV 炭素イオンとガンマ線では同等であったが、100 MeV ヘリウムイオンではそれより低かつ

た. このように, キクにおける変異誘発効果および核 DNA 量に及ぼす影響は, イオンビームの種類によって異なることが明らかとなった. 本研究で用いた 3 種類のイオンビームでは, 変異誘発効果が高く, 一方, 核 DNA 量に及ぼす影響が小さいこ

とから, 220 MeV 炭素イオンがキクにおける変異原として最も適当であると考えられた.

**Breeding Science** 60: 398–404 (2010)

## コムギの閉花受粉性が赤かび病抵抗性に及ぼす影響

久保堅司<sup>1)</sup>・河田尚之<sup>1)</sup>・藤田雅也<sup>1)</sup>・八田浩一<sup>1)</sup>・小田俊介<sup>2)</sup>・中島 隆<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>九州沖縄農業研究センター筑後研究拠点, <sup>2)</sup>作物研究所, <sup>3)</sup>九州沖縄農業研究センター本所)

麦類の赤かび病は, *Fusarium* 属菌が開花した小花や葯から感染し, 小花や穂軸に進展することによって起こる病害で, 子実の収量や品質を大きく低下させる. また, 人畜に有害なかび毒を子実に蓄積することがコムギの生産上の大きな問題であり, 赤かび病抵抗性は重要な育種目標である. 本研究では, 小花が開花しにくく葯が抽出しない閉花受粉性(閉花性)の品種は開花受粉性(開花性)の品種よりも赤かび病への感染のリスクが低く, かび毒の蓄積が少ないのではないかと考え, 閉花性コムギ系統「U24」と進展抵抗性が優れる開花性系統「西海 165 号」の交配から由来する組換え自殖系統群(RILs)を用いて検証を行っ

た. 両親を比較すると, 「U24」の進展抵抗性とかび毒蓄積に対する抵抗性は「西海 165 号」よりも劣ったが, 「西海 165 号」と同程度の感染抵抗性を有していた. RILs の比較では, 閉花性の RILs は開花性の RILs よりも感染抵抗性が優れていたが, 罹病粒率やかび毒濃度に差異は認められなかった. 3B 染色体短腕上の赤かび病抵抗性と関係する量的形質遺伝子座(QTL)は進展抵抗性とかび毒蓄積抵抗性を向上させた. しかしながら, この QTL と閉花性を併せ持つ系統全てが「西海 165 号」よりもかび毒蓄積が少ないわけではなかった.

**Breeding Science** 60: 405–411 (2010)

## AFLP マーカーを用いたタイ産 *cassumunar* ショウガ (*Zingiber cassumunar* Roxb.) の遺伝的多様性評価

Maytinee Kladmook<sup>1)</sup>・Sopida Chidchenchey<sup>1)</sup>・Vichien Keeratinijakal<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>タイ国カセサート大学・国立農業バイオテクノロジーセンター, <sup>2)</sup>タイ国カセサート大学・農学部)

AFLP マーカーを用いて, タイ産 *cassumunar* ショウガ (*Zingiber cassumunar* Roxb.) 系統の遺伝的類縁関係を評価した. 12 種類の AFLP プライマーの組合せで計 309 のバンドが得られ, そのうちの 242 のバンドは多型的であり, プライマー対あたりの平均バンド数は 20.2 であった. Jaccard の類似度係数を用いて遺伝的類似度を算出し, UPGMA 法により系統樹を作成した. 系統対の類似度は 0.7644 ~ 1.00 であり, 平均類似度は 0.879 であった. クラスタ分析の結果, ショウガ系統は表現型相関係数 0.99 を示す 5 群に分けることができた. AMOVA により収集地域内

および収集地域間の遺伝的変異性を解析した結果, 同一地域から収集したサンプル内の変異が最大であった. 本研究で得られた結果から, 収集地域間で植物材料の拡散が起こっていたことを意味する. AFLP マーカーを用いて遺伝的類似度を解析した結果, ショウガ遺伝資源の収集材料には重複が存在することを示した. 本研究で得られた遺伝的情報は, ショウガ遺伝資源の維持と作物育種のために非常に有用なものである.

**Breeding Science** 60: 412–418 (2010)

## 逆遺伝学的手法によって作成された新規 *GmFAD2-1b* 変異遺伝子は, *GmFAD2-1a* 変異遺伝子との組み合わせによりダイズ種子におけるオレイン酸含量の顕著な増加を引き起こす

星野友紀・高木 胖・穴井豊昭

(佐賀大学・農学部)

特異的な遺伝子に有用な変異遺伝子を生成させることは、商業的に重要な種々の作物の育種を加速すると考えられる。一般的なダイズ油脂には、多価不飽和脂肪酸 (PUFAs) が多量に含まれているため容易に酸化される。オレイン酸に2個目の不飽和結合を導入する小胞体型オメガ-6脂肪酸不飽和化酵素 (FAD2) は、オレイン酸を増加させ PUFAs を減少させるための主要な標的である。古倍数性のダイズゲノムには5コピーの FAD2 遺伝子ファミリーが含まれており、このうち少なくとも3コピー (*GmFAD2-1a*, *2-1b* および *2-2a*) は機能を保っている。それらの重要性に反して、脂肪酸の含有量は気温等の環境条件によって大きな影響を受けることから、これらの遺伝子における遺伝的変異は *GmFAD2-1a* の場合を除いて、ほとんど見出されていなかった。本研究で、我々は逆遺伝学的手法である Targeting

Induced Local Lesions In Genomes (TILLING) 法を用いて、エチルメタンスルホン酸処理を行ったダイズ突然変異体集団から複数の新規 *GmFAD2-1b* 変異遺伝子を単離した。酵母を用いた異種発現系における酵素活性の評価から、このうち2つの系統 'B12' および 'E11' は、それぞれ、機能が殆どもしくは完全に失われた *GmFAD2-1b* 遺伝子を含むことが示された。さらに、我々は *GmFAD2-1a* と *GmFAD2-1b* の変異遺伝子を組み合わせることによって、80% を超えるオレイン酸含量のダイズ系統を作成することにも成功した。この様に、TILLING 法は倍数性の作物における遺伝的多様性を拡大するための実用的な方法を提供することが可能である。

*Breeding Science* 60: 419–425 (2010)

## 野生エンマーコムギ, *Triticum dicoccoides*, に見られる耐塩性, ナトリウム排出, および成長に関する豊富な遺伝的多様性

Yuri Shavrukov<sup>1)</sup>・Peter Langridge<sup>1)</sup>・Mark Tester<sup>1)</sup>・Eviatar Nevo<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>Australian Centre for Plant Functional Genomics, University of Adelaide, Australia, <sup>2)</sup>Institute of Evolution, University of Haifa, Israel)

野生エンマーコムギ (*Triticum dicoccoides*) は4倍性コムギの祖先であり、現在、高い塩濃度のような非生物学的ストレスを受ける環境下に生育している。イスラエルの地理的に異なる9つの集団に由来する54の遺伝子型と5つの標準コムギ系統 (デュラムコムギ3系統とパンコムギ2系統) の耐塩性が水耕栽培法を用いて調査された。本研究で我々は、耐塩性に寄与する2つの鍵となる要因を要約する。すなわち、それらはコントロールとして用いた栽培条件と比較した際の塩を含む条件におけるシュートの成長 (相対的乾燥重量) と、塩を含む培地で育てた植物の葉における Na<sup>+</sup> の蓄積である。さらに第3の要因 (コントロール条件下におけるシュートの成長) は耐塩性にとって間接的な役割しか果たさないが、農業的な観点からは重要である。

これら3つの要因の変異の幅は大きかった。ある遺伝子型は、中濃度の塩溶液の中で成長を維持する能力を持ちながら、全体的に高い相対的乾燥重量を示し、低いあるいは中程度の Na<sup>+</sup> の蓄積、およびコントロール条件下における高いバイオマス生産も示した。他の集団からの遺伝子型は非常に高い相対的乾燥重量を示したものの成長が著しく遅く、したがって農業との関連では利用は限られていた。調査した耐塩性の要因のうち少なくとも1つについて役に立つ性質を持つ、選抜された6つの遺伝子型が再度分析され、東 Samaria ステップの Gitit に由来する1つの遺伝子型が将来の研究にとって最も有望な耐塩性系統であると同定された。

*Breeding Science* 60: 426–435 (2010)

## コア・コレクション作成のための *Lotus japonicus* における遺伝的多様性と形態的特性の解析

甲斐彩友美<sup>1)</sup>・田中秀典<sup>2)</sup>・橋口正嗣<sup>2)</sup>・岩田洋佳<sup>3)</sup>・明石 良<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>宮崎大学・農学部, <sup>2)</sup>宮崎大学・フロンティア科学実験総合センター, <sup>3)</sup>東京大学大学院・農学生命科学研究科)

*Lotus japonicus* (ミヤコグサ) は、根粒形成などのマメ科植物研究において世界的に利用されているモデル植物である。我々は、SSRの多型性に基じたコア・コレクションを構築するために、日本各地から収集した *L. japonicus* 野生系統の形態的特性15項目と遺伝的多様性を調査した。形態的特性には幅広い多様性が認められ、さらに25種類のSSRマーカーを用いて分析した結果、合計321本のアレルが検出された。各座位におけるヘテロ接合度の観測値および期待値の平均は、それぞれ0.014および0.772であり、ホモ接合性が高いことを示している。 $G_{ST}$ およびSTRUCTURE解析の結果、野生系統は9つのクラスターに

分けられた。さらに、SSR解析の結果をもとに、20系統をコア・コレクションとして選抜した。コア・コレクションにおける形態的特性の変異幅は、集団全体の変異幅を表していた。このコア・コレクションは、ゲノムワイドな研究に有用であり、得られたデータは、マメ科作物への応用研究につながるものである。これらの全ての系統は、National BioResource ProjectのLegume Base (<http://www.legumebase.brc.miyazaki-u.ac.jp/>)にて利用可能である。

**Breeding Science** 60: 436–446 (2010)

## ドットプロット SNP 解析による日本で栽培される最近の水稻 205 品種の識別

佐藤秀樹<sup>1)</sup>・遠藤貴司<sup>1,3)</sup>・汐海沙知子<sup>2)</sup>・西尾 剛<sup>2)</sup>・山口誠之<sup>1,4)</sup>

(<sup>1)</sup>東北農業研究センター大仙研究拠点, <sup>2)</sup>東北大学大学院・農学研究科, <sup>3)</sup>現:宮城県古川農業試験場, <sup>4)</sup>現:東北農業研究センター)

77個の一塩基多型(SNP)マーカーを用いたドットプロット解析により、日本で2003年から2005年までにウルチ品種作付面積の99%、モチ品種作付面積の92%を占めた、水稻218品種を調査した。218品種のうち、205品種は18個のマーカーで一度に識別することができた。しかし、残りの13品種は識別できず、それらは6つのグループに分けられた。205品種は、それ

ぞれ最大6個の異なるマーカーの組み合わせにより、別の品種と識別することができた。本結果は、日本で普及している水稻品種の識別、品種が異なる米の混入のモニタリング、さらにはこれらの品種を用いた水稻育種に役立つと考えられた。

**Breeding Science** 60: 447–453 (2010)

## パンコムギの新規雄性不稔遺伝資源

Maxime Trottet・Denise Deffains・Joseph Jahier

(INRA, UMR APBV, Plant Genetics & Biotechnology, France)

温室で栽培したコムギ品種‘Moulin’のある個体が完全に不稔であることを見出した。圃場条件では稔性が91.6%減となり完全不稔はわずかであったが、‘Moulin’との交雑によるF<sub>1</sub>とF<sub>2</sub>の調査で、不稔性は単因子劣性であることが分かった。*Ms1b/ms1b*の遺伝子型の‘Sirocco’やmonosomic 4Bの‘Probus’とのF<sub>1</sub>の調査で、この不稔性遺伝子は4Bには座乗せず、*ms1b*の対立遺伝子でもないことが分かった。この不稔性は、稔性が高い他の遺伝

的背景でも示された。これはコムギにおいて初めて報告される部分不稔性である。このような不稔性は、コムギの一代雑種品種を育成するには価値が低い、循環選抜や、交雑が制限されることが望まれる遺伝資源の管理、あるいは雄性配偶子形成に関わる遺伝子の解析には有用と考えられる。

**Breeding Science** 60: 454–457 (2010)