

多様な環境下で使用できるトウモロコシ耐乾性評価基準の提案

Zhuan-Fang Hao¹⁾ · Xin-Hai Li¹⁾ · Zhi-Jun Su¹⁾ · Chuan-Xiao Xie¹⁾ · Ming-Shun Li¹⁾ · Xiao-Ling Liang²⁾ · Jian-Feng Weng¹⁾ · De-Gui Zhang¹⁾ · Liang Li^{1,2)} · Shi-Huang Zhang¹⁾

¹⁾Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, National Key Facilities for Crop Genetic Resources and Improvement, China, ²⁾Institute of Food Crops Science, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, China)

耐乾性は、ストレス耐性遺伝子が関与した多くの代謝経路の相互作用を含む複雑な量的特性である。標準評価法を開発することは、耐乾性遺伝子型を選抜するために、またより究極的には関与する遺伝機構を解明するために、最も緊急の課題である。この目的のために、7つの異なる環境条件下において、中国の201のトウモロコシ近交系統を用いて、水分不足に対する20以上の形態形質、穀実収量、収量構成要素の反応を圃場において調査した。得られたデータに基づいて、統合選抜基準を提案し、その基準を用いて耐乾性のある遺伝子型を同定した。統合選抜基準には、耐乾性と最も関連性が高いことが統計解析によって示された穀実収量、植物あたり穂数、穂あたり穀粒数、草丈、開花から絹糸抽出までの長さ、葉の巻き具合の6個の形質が含

まれる。統合選抜基準は、水分が十分な環境においても水分ストレス環境においても穀実収量と高い相関を示し、また普通に使われている他の基準とも高い相関を示した。さらに、異なる環境下におけるストレスの程度は大きく違っていたにもかかわらず、128系統(63.7%)に対するこの基準を用いた評価結果は、3か所以上の環境条件下において一致しており、遺伝子型-環境相互作用を排除できていた。43系統が耐乾性系統と評価されたが、そのほとんどは1990-2000年の間に育成されていた。本評価基準は、今後行われるトウモロコシの分子育種プログラムにおいて耐乾性遺伝子型を同定するのに有用である。

Breeding Science 61: 101-108 (2011)

SSR マーカーによるニホングリ品種の遺伝的多様性解析

西尾聡悟 · 山本俊哉 · 寺上伸吾 · 澤村 豊 · 高田教臣 · 齋藤寿広
(果樹研究所)

日本においてクリ栽培の歴史は非常に古く、多くの在来品種が保存されてきた。しかしながら、これらの品種の遺伝的多様性や類縁関係は明らかではなかった。SSR 濃縮ライブラリーから、12種類の新規 SSR マーカーを開発し、解析に用いたところ、6つのクリ種で増幅し多型を示した。そこで、142のニホングリ、38のチュウゴクグリ、2のヨーロッパグリ、9のアメリカグリ、23の日本と中国品種間の雑種を含む216のクリ品種において、SSR マーカーを用いて遺伝的多様性を解析した。216のクリ品種の中で、189の異なる遺伝子型が検出され、21の異名同品種のグループ(1つの枝変わりグループを含む)が明らかとなった。ヘテロ接合度の観察値(H_o)と理論値(H_e)の

平均は、ニホングリにおいて両方とも0.65であった。189の遺伝子型に基づく樹形図では、ニホングリ、チュウゴクグリ、アメリカグリ、3つのグループに大別され、日中雑種は主にチュウゴクグリグループに含まれた。本研究において、ニホングリや日中雑種の在来品種や栽培品種の遺伝的背景が確認され、SSR 同一遺伝子型を示す多くの異名同品種が明らかになった。また、シダレグリやトゲなしグリのようなクリの変種の遺伝的関係や地理的関係を検討した。本研究の成果は、品種識別と効率的な育種をする上で非常に有効となる。

Breeding Science 61: 109-120 (2011)

コムギ転写因子 *TaWRKY45* の単離とコムギ形質転換体における赤かび病抵抗性への影響

Insaf Bahri¹⁾ · 杉澤幹起²⁾ · 菊地理絵²⁾ · 小川泰一³⁾ · 川東広幸³⁾ · 坂 智広²⁾ · 半田裕一^{1,3)}

¹⁾筑波大学大学院 · 生命環境科学研究科, ²⁾横浜市立大学 · 木原生物学研究所, ³⁾農業生物資源研究所

WRKY 転写因子は、保存された WRKY ドメインによって特

徴付けられる大きな蛋白質ファミリーに属している。これらの

因子は、植物のさまざまな発達過程において生物学的機能を果たすことが明らかになっている。WRKYタンパク質はまた、病原体による攻撃やストレス関連ホルモンに対する植物の応答の調節に関与することが知られている。本研究では、コムギWRKY45転写因子をコードする遺伝子 (*TaWRKY45*) の単離とその特性を報告する。アミノ酸配列アラインメントとそれに基づく系統解析は、*TaWRKY45* タンパク質がイネ *OsWRKY45* のオースログであることを示した。コムギでの発現解析において、*TaWRKY45* はさまざまな器官で、生育期間を通じて恒常的に発現していることが示された。植物の免疫システムを増強する作

用のあるベンズチアシアゾール (BTH) や、赤かび病 (FHB) の病原菌である *Fusarium graminearum* の感染に反応して、*TaWRKY45* の発現が誘導されることが観察された。また、*TaWRKY45* 遺伝子の構成的過剰発現は、温室条件下で成長させたコムギ形質転換体に *F. graminearum* に対する抵抗性を付与した。これらの結果は、*TaWRKY45* はコムギの生物学的ストレスに対する防御システムに関与していること、そしてコムギの病害抵抗性の改善に利用できる可能性を示している。

Breeding Science 61: 121–129 (2011)

六倍性合成パンコムギ系統の D ゲノムの変異解析の結果からみた開花時期と登熟期間の異なる遺伝的制御

梶村友則¹⁾・村井耕二²⁾・宅見薫雄¹⁾

(¹⁾神戸大学大学院・農学研究科, (²⁾福井県立大学・生物資源学部)

タルホコムギは六倍性パンコムギの D ゲノム提供親であり、ユーラシア中央部に広く分布する。タルホコムギのもつ大きな自然変異はパンコムギの現代品種の改良に役立つ可能性がある。成熟期の制御はコムギ育種において重要な農業形質であり、開花時期と登熟期間の制御の和で表される。本研究で我々は、四倍性コムギ品種 Langdon とタルホコムギ 69 系統を交雑し、その種間雑種において三倍体配偶子を形成することによるゲノムの複二倍体化を介して、82 系統の合成パンコムギ系統を確立した。この合成コムギ系統群は、試験した 2 シーズンを通して、出穂、開花、成熟までの期間と、登熟期間に豊富な変異を示した。タルホコムギで確認された出穂までの期間の幅広い変異は、合成

パンコムギにおける六倍体の遺伝的背景下でも維持された。また、合成パンコムギにおける出穂、開花、成熟までの期間の間には有意な正の相関が認められたが、これらの形質と登熟期間の間には有意な相関が認められなかった。開花時期が同じである特定の 2 系統の合成パンコムギについて比較すると、登熟期間の差異が安定して観察される組もあった。これらの観察から、2 つの大きく異なる遺伝的制御がコムギの成熟の時期を決定しており、一つは出穂や開花の時期を、もう一つは登熟期間を制御していることが示唆された。

Breeding Science 61: 130–141 (2011)

イネにおける出穂期に影響を受けるあるいは影響を受けない 1 穂あたり粒数に関する QTL

Touming Liu^{1,2)}・Yushan Zhang¹⁾・Huang Zhang¹⁾・Yongzhong Xing¹⁾

(¹⁾National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement and National Center of Plant Gene Research (Wuhan), Huazhong Agricultural University, China,

²⁾Present address: Institute of Bast Fiber Crops, Chinese Academy of Agricultural Sciences, China)

高頻度で相関関係を示す出穂日 (HD) と 1 穂あたり粒数 (GPP) は、イネの重要な農業形質である。本研究では、Minghui 63 と Tequin を両親とする (PMT) および Zhenshan 97 と Tequin を両親とする (PZT) という 2 種類の組換え自殖系統 (RIL) を用いて HD と GPP の相関関係に関する遺伝学的解明を試みた。一般的な QTL 解析によって同定された GPP に関する QTLs は、HD に関係するものと無関係なものに分類することができる。そこで、GPP に対する HD の影響を取り除いた解析 (Conditional analysis) によって HD に関係しない GPP に関する QTL を検出した。一般的な QTL 解析では、PZT の RIL 集団からは 8 個、PMT の RIL 集団からは 5 個の GPP に関する QTL が検出できた。

一方、Conditional analysis では、PZT 集団から 3 個、PMT 集団から 5 個の GPP-QTLs が検出された。すなわち、PZT 集団から検出された 8 個の QTL のうち 5 個は HD と関係したもの (タイプ I QTLs) であり、PMT から検出された 5 個の QTL はすべて HD と無関係 (タイプ II QTLs) と考えられた。感光性 QTL (*qGPP7b*) に関する準同質遺伝子系統の解析を行ったところ、*qGPP7b* が GPP に与える影響は HD によるものであることが確認された。イネの育種に利用するという観点から、タイプ I とタイプ II の GPP-QTLs に関する議論を行った。

Breeding Science 61: 142–150 (2011)

「はくさい中間母本農6号」の晩抽性を制御する QTL の検出

柿崎智博¹⁾・加藤丈幸^{1,2)}・吹野伸子¹⁾・石田正彦¹⁾・畠山勝徳¹⁾・松元 哲¹⁾

(¹⁾野菜茶業研究所, ²⁾三重大学大学院・生物資源学研究所)

Brassica rapa における抽だい時期の品種間差異を制御する遺伝子を同定することを目的に、220 の simple sequence repeat (SSR) マーカーで構成される連鎖地図を作成した。連鎖地図作成には、晩抽性を有する「はくさい中間母本農6号」と、早期抽だい性である「はくさい中間母本農7号」の交雑 F₂ 集団を用いた。連鎖地図は 10 の主要な連鎖群に収束し、全長は 875.6 cM であった。次にはくさい中間母本における春化反応特性を明らかにするため、温室とは場の 2 つの異なる評価方法により抽だいを

評価した。QTL 解析の結果、抽だいに関与する 5 個の QTL が検出された。興味深いことに、温室試験とは場試験で共通に検出された QTL は存在しなかった。検出された 5 個の QTL のうち 3 個はシロイヌナズナにおける既知の花成関連遺伝子 *FLOWERING LOCUS C* と *FLOWERING LOCUS T* の同祖性遺伝子近傍に位置した。抽だいを選抜対象とするハクサイ育種の際に、本研究により検出された QTL は有用である。

Breeding Science 61: 151–159 (2011)

Brassica rapa における unigene 由来マイクロサテライトマーカーの開発と連鎖地図作成

Yu Ge¹⁾・Nirala Ramchiary²⁾・Tao Wang¹⁾・Cui Liang¹⁾・Na Wang¹⁾・Zhe Wang¹⁾・Su-Ryun Choi²⁾・Yong Pyo Lim²⁾・Zhong Yun Piao¹⁾

(¹⁾瀋陽農業大学・園芸学部・中国, ²⁾忠南国立大学・園芸学部・韓国)

Brassica rapa 植物は、野菜、油量種子、飼料作物として極めて重要である。我々は、National Center for Biotechnology Information のデータベースからダウンロードした unigene を用い、*B. rapa* における 450 の unigene 由来マイクロサテライト (UGMS) マーカーを開発した。これら 450 ペアの UGMS プライマーの中に、少なくとも 428 ペア (95.1%) において、*B. rapa* の片親で予想された長さと同じ増幅産物が安定して得られ、70 の UGMS マーカーから両親間で 72 個の多型が得られた。他の 5 種の *Brassica* 属栽培種における、これら 70 の UGMS マーカーを用いた種間の transferability 分析の結果、その増幅成功率は、*B. nigra* では

82.9%、*B. juncea* や *B. napus* では 97.1% であり、このうち 53 の UGMS マーカーでは、いずれの 5 種の *Brassica* 属植物において対象となる増幅産物が得られた。72 の UGMS マーカーと 154 の既報 SSR マーカーを用いて *B. rapa* の連鎖地図を作成した。これら本実験において新たに開発した UGMS マーカーと連鎖地図は、unigene に関する *Brassica* 属ゲノムの構成や進化に対する理解や、*B. rapa* における経済的に重要な QTL/ 遺伝子の遺伝地図作成、タギング、クローニング、マーカー育種に役立てることができる。

Breeding Science 61: 160–167 (2011)

岡山県で発生する雑草イネの脱粒性における組織学および遺伝的特徴

赤坂舞子¹⁾・小西左江子^{2,3)}・井澤 毅²⁾・牛木 純^{1,4)}

(¹⁾中央農業総合研究センター, ²⁾農業生物資源研究所, ³⁾現: 香川大学・農学部, ⁴⁾現: 北海道農業研究センター)

岡山県で発生している雑草イネの脱粒性を分子遺伝学的に解明するため、同県の代表的な栽培品種の異型を起源とする雑草イネと栽培品種を用いて、小穂が一次枝梗より離れるときの抗張強度 (BTS) の経時的な測定、籾基部の組織学的解析および脱粒性遺伝子 *qSH1* と *sh4* の遺伝子型解析を行った。雑草イネと栽培品種の BTS の値は出穂後 3 週間で減少を開始した。収穫時期にあたる出穂後 5 週間では、雑草イネの BTS の値は完全に消失し、籾の脱粒が観察されたが、栽培品種の BTS は一定の値を維持し、籾の脱粒は生じなかった。BTS に影響する籾基部の組

織構造は雑草イネと栽培品種では異なっており、雑草イネは維管束まで達する完全な離層を形成して崩壊したが、栽培品種の離層は不完全であり、崩壊はしなかった。しかしながら、離層形成に影響を及ぼす *qSH1* と *sh4* の塩基配列は、雑草イネと栽培品種で違いはなかった。従って、岡山県で発生している雑草イネの脱粒性は、離層形成と崩壊により生じているが、それには未知の脱粒性遺伝子が関与していることが示唆された。

Breeding Science 61: 168–173 (2011)

Suppression subtractive hybridization 法を用いたスギの雄花形成に関与する時期・組織特異的遺伝子の発現プロファイリング

栗田 学^{1,2)}・谷口 亨^{1,2)}・中田了五²⁾・近藤禎二²⁾・渡邊敦史²⁾

(¹⁾森林総合研究所 森林バイオ研究センター, ²⁾森林総合研究所 林木育種センター)

スギ (*Cryptomeria japonica* D. Don) の雄花形成・発達に関与する遺伝子を同定するために, 3つの異なる雄花形成ステージから雄花特異的な suppression subtractive hybridization (SSH) ライブラリーを作製した。これら SSH ライブラリーの 2,448 シーケンスから, 314 コンティグを含む 1,012 unigene が構築された。SSH ライブラリーから単離された遺伝子の種類は発達ステージによって大きく異なっていた (単離した遺伝子全体の 49%, 13% そして 29% はそれぞれ初期 (stage E), 四分子期 (stage T), 成

熟期 (stage M) の SSH ライブラリーに特異的に含まれていた)。SSH ライブラリーの信頼性を評価するために, SSH ライブラリーに強く濃縮されていた 8 遺伝子に焦点をあて, RT-PCR 解析を行った。解析した全ての遺伝子はシュートより雄花で強く発現していた。我々の結果は, 雄花の各発達ステージによって雄花で優位に発現する遺伝子は種類および数において異なることを示唆している。

Breeding Science 61: 174–182 (2011)

オオムギ開花期に関する日長反応性・非反応性 QTL の検出

Mohammad Sameri^{1,3)}・Mohammad Pourkheirandish¹⁾・陳 国雄¹⁾・塔野岡卓司²⁾・小松田隆夫¹⁾

(¹⁾農業生物資源研究所, ²⁾作物研究所, ³⁾現: スウェーデン農業大学)

オオムギ開花期の遺伝性を明らかにするため, 秋播型と春播型を交配して作成した組み換え自殖系統を使って QTL 解析をおこなった。二つの日長反応性 QTL である *Ppd-H1* と *Ppd-H2* はそれぞれ 2H 染色体短腕と 1H 染色体長腕に検出された。*eam8* 遺伝子 (1H 染色体長腕末端部へマップされる) および *Eam5* 遺伝子 (5H 染色体長腕の *Sgh2* 遺伝子に近接する) に関する分離もこの集団で認められた。この二つの遺伝子は 12 時間日長から

24 時間日長の下で機能した。またそれぞれ 2H 染色体短腕と 7H 染色体短腕にあることが知られている *eps2S* 遺伝子と *eps7S* 遺伝子も検出された。開花期に関する新しい QTL として *qDHE.ak-IHS* が 1H 染色体短腕末端から 23 cM の位置にマップされたが, この遺伝子は極短い日長 (10 時間日長) の条件下で働く事が認められた。

Breeding Science 61: 183–188 (2011)

穀粒に高い鉄および亜鉛を含む *Aegilops* 染色体添加コムギ系統

王 仕穩^{1,2)}・殷 俐娜^{1,2)}・田中裕之²⁾・田中 浄²⁾・辻本 壽³⁾

(¹⁾中国西北科学技術大学・水土保持研究所・中国, ²⁾鳥取大学・農学部, ³⁾鳥取大学・乾燥地研究センター)

鉄 (Fe) および亜鉛 (Zn) 欠乏は世界の 30 億人を悩ませ, また, 土壌におけるこれら要素の欠乏は, 世界の 1/3 (Fe) または 1/2 (Zn) の地域において穀物生産の限定要因になっている。穀粒の Fe および Zn の含量および効率を改良する遺伝資源を見いだすことは, 人類の健康および作物の生産, 両面で意味のあることである。私たちは, *Aegilops* 属の 6 種に由来する 47 系統のコムギ-エギロプスダイソミック添加系統を用い, その穀粒における Fe および Zn 量を調査した。*Ae. longissima* の 1S¹ および 2S¹, *Ae. searsii* の 1S⁸ および 2S⁸, *Ae. umbellulata* の 2U および

6U, *Ae. caudata* の B, *Ae. peregrina* の 4S^v, および *Ae. geniculata* の 5M⁸ 染色体が, 受容親である Chinese Spring に対し, 50% から 245% の間で穀粒の Fe または Zn 量を増加させていた。有意に高い穀粒の Fe または Zn を示すほとんどの異種染色体添加系統は, U または S ゲノムの第 1 および (または) 第 2 同祖群に属するものであった。コムギの微量要素量を改善するために, これらの系統は遺伝子をもつ小断片を優良品種に導入するために用いることができるに違いない。

Breeding Science 61: 189–195 (2011)

‘LAC23’における玄米カドミウム低吸収性の QTL 解析

佐藤秀樹¹⁾・白澤沙知子²⁾・前田寛明^{2,3)}・中込弘二¹⁾・梶 亮太¹⁾・太田久稔¹⁾・山口誠之^{1,4)}・西尾 剛²⁾

(¹⁾東北農業研究センター・大仙研究拠点, ²⁾東北大学大学院・農学研究科, ³⁾現:富山県農林水産総合技術センター, ⁴⁾現:東北農業研究センター)

玄米カドミウム濃度が低いアフリカ陸稲の‘LAC23’と多収性の日本水稲品種‘ふくひびき’の交雑に由来する126の組換え自殖系統(F₆とF₇)を, 2008年と2009年に土壤中カドミウム濃度が高い水田で栽培し, 玄米カドミウム濃度のQTL解析を行った。玄米カドミウム濃度のQTLが2008年と2009年の両年で2ヶ所に見出された。1つは第3染色体(qLCdG3)でもう1つは第11染色体(qLCdG11)にあり, それらは逆の相加効果を示した。qLCdG11では, ‘LAC23’の対立遺伝子が玄米カドミウム濃度を低下させ, qLCdG3では逆であった。qLCdG11の寄与

率は, 2008年では9.4%, 2009年では12.9%であり, qLCdG3の寄与率は, 2008年では13.9%, 2009年では8.3%であった。玄米カドミウム濃度は玄米長や玄米重と正の相関を示した。玄米長と玄米重のQTLは第3染色体と第11染色体に検出されたが, その位置はqLCdG3やqLCdG11とは異なっていた。これらの結果から, ‘LAC23’の持つ玄米のカドミウム濃度が低い特性をマーカーによって選抜することが可能であることが示された。

Breeding Science 61: 196–200 (2011)

タンパク質組成変異米におけるプロテインボディの微細構造

芦田かなえ¹⁾・齊藤雄飛²⁾・増村威宏²⁾・飯田修一¹⁾

(¹⁾近畿中国四国農業研究センター, ²⁾京都府立大学大学院・生命環境科学研究科)

米に新しい加工特性を付与するため, あるいは, タンパク質の消化性を低減させた米を作り出すために, プロテインボディII (PB-II) に蓄積される貯蔵タンパク質の組成を改変した多数の突然変異系統が育成されている。しかし, これら変異体の胚乳におけるプロテインボディ構造については明らかでない。本研究では, 低グルテリン遺伝子(*Lgc1*)や26kDaグロブリン欠失遺伝子(*glb1*)を有する突然変異系統を材料として, 種子登熟過程における胚乳のポリペプチド組成と微細構造を解析した。なお, *Lgc1*と*glb1*は, 各々グルテリンの構造遺伝子と26kDaグロブリンの構造遺伝子を含む領域の欠失に由来する。*Lgc1*変

異体は, 種子登熟過程の早い段階からプロラミンを蓄積しており, その胚乳には成熟したPB-Iが多数観察されるとともに, 小型で欠けたようなPB-IIが少数観察された。*glb1*変異体では, 変形したPB-IIが観察されたが, その電子密度は野生型のPB-IIと同程度であった。グルテリンとグロブリンはいずれもPB-IIに蓄積される貯蔵タンパク質であるが, それらの組成変化がPB-IIの構造にもたらす影響は全く異なっていた。*glb1*変異体の胚乳で観察されたユニークなPB-IIの構造は, 米の新しい加工特性をもたらす可能性がある。

Breeding Science 61: 201–207 (2011)

ダイコン根部からの簡易なグルコシノレート抽出法の開発

石田正彦¹⁾・柿崎智博¹⁾・小原隆由¹⁾・森光康次郎²⁾

(¹⁾野菜茶業研究所, ²⁾お茶の水女子大学)

凍結乾燥後のダイコン根部粉砕物からグルコシノレート(GSL)成分を抽出する際には, 一般に熱メタノール溶液を用いるが, 煩雑な操作と危険性を伴う。そこで, 常温の80%メタノール水溶液を用いて簡易迅速に抽出できる手法を開発した。辛味大根品種「辛味199」を供試し, ダイコンの主要GSLである4-メチルチオ-3-ブテニルGSL(4MTB-GSL)および総GSL含量を高速液体クロマトグラフィーで評価した。その結果, 簡易抽出法を用いて分析した4MTB-GSL含量と総GSL含量は熱メタノール抽出による慣行法に比べてともに4–6%高く検出され, 抽出

効率は低下しなかった。そこで, 簡易抽出法の汎用性を明らかにするため, 日本の8品種と育成5系統を供試して簡易法と慣行法による根部GSL含量を比較した。その結果, 両抽出法により得られた4MTB-GSL含量と総GSL含量には高い相関が認められ, その値に有意な差は認められなかった。本簡易抽出法は, 1) GSL抽出に熱メタノールの取り扱いが不要であり, 2) 慣行法の1/3の時間で抽出でき, 1人当たり1日約150サンプルの抽出が可能である。

Breeding Science 61: 208–211 (2011)

普通系コムギにおける D ゲノム特異的 STS マーカー *A1* 座の塩基配列の比較分析とそれからみた亜種 *sphaerococcum* の起源

朝倉史明¹⁾・森 直樹²⁾・中村千春²⁾・大塚一郎¹⁾

(¹⁾ 神奈川大学・工学部, ²⁾ 神戸大学大学院・農学研究科)

普通系コムギ (*Triticum aestivum*) は栽培 4 倍性コムギの *T. turgidum* (ゲノム構成 AABB) と野生 2 倍性種の *Aegilops tauschii* (ゲノム構成 DD) の交雑により生じた。普通系コムギの進化は基本的には解明されているが、詳細には不明な点が残されている。例えば、普通系コムギの 6 亜種 (*spelta*, *macha*, *vavilovi*, *aestivum*, *compactum*, そして *sphaerococcum*) の系統関係とそれらの起源は完全に解明されたわけではない。亜種 *sphaerococcum* の起源を明らかにするために、当該亜種を含めた普通系コムギにおいて D ゲノム特異的 STS マーカー *A1* 座の塩基配列の比較分析を行った。分析に用いた系統において、既知の二つのアリル (タイプ A とタイプ B) のみが検出された。調査した

sphaerococcum の二系統はどちらもタイプ A のアリルを持っていた。亜種 *aestivum* の 4 系統もタイプ A のアリルを持っていたが、*aestivum* の他の 3 系統はタイプ B のアリルを持っていた。反対に、他の 4 亜種の系統はすべてタイプ B のアリルを持っていた。*sphaerococcum* は *aestivum* と区別できる一群の形態的形質を有しており、それらの形質は *s* と名付けられた単一の劣性遺伝子で多面的に制御されていることが明らかとなっていることから、*A1* 座にタイプ A アリルを持つ *aestivum* において *s* 座の自然突然変異が起こったために *sphaerococcum* が生じたと考えられた。

Breeding Science 61: 212–216 (2011)

イネ (*Oryza sativa* L.) 品種間における *OsAGPS2* および *OsSUT1* 上の良登熟型対立遺伝子の分布に関する偏り

加藤恒雄・堀端 章

(近畿大学・生物理工学部)

イネ (*Oryza sativa* L.) 第 8 染色体上の *OsAGPS2* (*AS2*) における対立遺伝子 *AS2-2* および第 3 染色体上の *OsSUT1* (*SUT1*) における *SUT1-2* は、共に極穂重型イネ品種の登熟を向上させることが示唆されている。本研究は、イネ 315 品種間におけるこれら対立遺伝子の分布を検討した。供試イネ品種を、籾殻のフェノール反応、ふ先毛長および幼苗の KClO_3 感受性に基づく判別関数によって日本型 (192 品種) とインド型 (123 品種) に分類した。各品種の *AS2* および *SUT1* の遺伝子型は、それぞれ In/Del マーカーおよび SSR マーカーによって同定した。日本型品種においては、*AS2-2* および *SUT1-2* の遺伝子頻度はそれぞれ 3.6%

および 6.3% と非常に低かったが、インド型品種においてはそれぞれ 56.1% および 74.0% とより多く存在した。さらにインド型品種では、遺伝子型 *AS2-2 SUT1-2* の頻度は、*AS2-1 SUT1-1* と同様、両遺伝子座での独立な分離から期待される頻度と比べてより高くなっていった。このような *AS2* および *SUT1* における対立遺伝子の分布に関する偏りは、人為選抜あるいは自然選抜もしくはその両方によることが示唆された。今後の極穂重型イネ品種の登熟向上に関する育種においては、これらの良登熟型対立遺伝子をインド型品種中で探索すべきである。

Breeding Science 61: 217–220 (2011)