

オオムギ幼植物における耐湿性の検定方法の確立と既知の品種順位の検証

間野吉郎¹⁾・武田和義²⁾

(¹⁾農研機構・畜産草地研究所, ²⁾岡山大学・資源植物科学研究所)

畑作物の湿害は深刻な問題であり、オオムギにおいても耐湿性の強い品種選抜に関する報告がいくつかなされてきた。しかし、これまでのところ異なる研究者の間で共通して耐湿性が強い品種は得られていない。本研究では、耐湿性研究者が広く利用できる検定方法を確立するとともに、過去に報告されているオオムギ幼植物における耐湿性の品種順位が再現出来るかどうかを検証した。実験にはオオムギ 14 品種を用いた。各品種を温室で生育させ、2.5 葉期に湛水処理区と 0.1% 可溶性でんぷん溶液を湛水した還元処理区を設けた。処理後 13 ~ 15 日において、

葉枯れ程度および地上部乾物重の対照区比を調査した。還元処理区における葉枯れ程度において明瞭な品種間差異がみられ、高い再現性が得られた。一方、地上部乾物重の対照区比においては再現性が低かった。耐湿性の強い品種は OUI820 および OUA301、弱い品種は OUA002 および OUI247 であり、過去の報告と概ね一致する結果が得られた。本実験において確立された耐湿性の検定方法は耐湿性品種の選抜および遺伝実験に有効であり、耐湿性研究者が広く利用できるものと考えられる。

Breeding Science 62: 3-10 (2012)

春まき性コムギの赤かび病抵抗性と農業特性におよぼす 5 つの QTL の影響の評価

鈴木孝子¹⁾・佐藤導謙^{1,2)}・竹内 徹^{1,3)}

(¹⁾北海道立総合研究機構 農業研究本部・中央農業試験場, ²⁾佐藤技術士事務所, ³⁾北海道立総合研究機構 農業構研究本部・北見農業試験場)

コムギ赤かび病はコムギの重要病害の一つである。本試験は、日本の北部に位置する北海道の環境条件において赤かび病抵抗性 QTL を評価すること、およびその低減効果について検証することを目的とした。空系春 14 と蘇麦 3 号由来の 233 系統の半数体倍加 (DH) 系統を供試して 2 カ年間、圃場で試験を行った。また 3BS, 5AS, 6BS, 2DL, 4BS 染色体上に座乗する既知の 5 つの QTL 領域について、SSR マーカーを用いて DH 系統の遺伝子型を決定した。その結果 3BS, 5AS 領域の遺伝子型が蘇麦 3 号型の系統は北海道の環境条件においても抵抗性を示し、これ

らの QTL は北海道の春まき小麦育種において有効であることが示唆された。加えていくつかの QTL 領域は農業特性と関係があった。すなわち 4BS および 5AS 領域が蘇麦 3 号型の系統は稈長と穂長が長くなり、2DL 領域が蘇麦 3 号型の系統は小粒となった。また 6BS 領域が蘇麦 3 号型の系統は出穂期が遅れる傾向が見られた。これらの農業形質は多面発現あるいは赤かび病抵抗性と連鎖している可能性がある。

Breeding Science 62: 11-17 (2012)

インド型稲品種 IR64 の遺伝的背景で一穂粒数の増加に関与する QTL の検出と準同質遺伝子系統の評価

藤田大輔^{1,2,3)}・Analiza G. Tagle¹⁾・Leodegario A. Ebron¹⁾・福田善通²⁾・小林伸哉^{1,2,3)}

(¹⁾国際稲研究所, ²⁾国際農林水産業研究センター, ³⁾現:作物研究所)

イネの一穂あたり粒数は、収量に関連している重要な形質である。インド型イネ品種 IR64 を遺伝的背景とする New Plant Type (NPT) 品種の染色体断片置換系統 (ILs: BC₃ の自殖後代系統) 334 系統を用いてこの形質の調査を行った。334 系統の中で IR64 よりも有意に一穂粒数が多い、5 つの異なる遺伝子供与親に由来する染色体断片置換系統を遺伝解析に用いた。これらの系統と IR64 を交配して得られた F₂ 集団を用いて QTL 解析を行った。その結果、それぞれの NPT 由来の集団において、第 4 染色体長

腕の同じ領域に一穂粒数増加に寄与する QTL を検出した。検出した QTL をそれぞれ保有する準同質遺伝子系統を育成したところ、それらの系統の一穂粒数は IR64 よりも増加していた。育成された準同質遺伝子系統間には一穂粒数に変異があり、一次、二次および三次枝梗数などの穂の構造に差異が見られた。これらの育成された系統や QTL に連鎖する SSR マーカーの情報は、イネの収量性改善の研究や品種改良のための材料として有用である。

Breeding Science 62: 18-26 (2012)

陸稲 NERICA 品種の遺伝・育種学的特徴づけ

福田善通¹⁾・小仁所邦彦^{1,3)}・妹尾(生井)幸子¹⁾・柳原誠司²⁾・常松浩史^{1,4)}・富久尾歩¹⁾・神代 隆^{1,5)}

(¹⁾国際農林水産業研究センター, (²⁾国際農林水産業研究センター・熱帯島嶼研究拠点, (³⁾現:長野県南信農業試験場, (⁴⁾現:作物研究所・⁵⁾現:アフリカイネセンター)

陸稲ネリカ 18 品種は, 様々な 32 品種と比較した結果, 穂重型, 少けつ型, かつ早生型に分類された. 陸稲ネリカの親である CG14 (*O. glaberrima* Steud) およびもう一方の親の中の一つである WAB-56-104 (*O. sativa* L.) との間で多型を示した 243 種の SSR マーカーを用い, 陸稲ネリカ品種の染色体構成を明らかにした. SSR マーカーの多型に基づいてクラスター分析をおこなったところ, 陸稲ネリカは 14 と 17 を除き, それぞれの *O. sativa* 親に基づく連続性を持って 3 つのグループに分類された. 同時に品種の判別が可能な 14 種の判別マーカーを選抜したが,

陸稲ネリカ 3 と 4, 8 と 9 と 11, および 15 と 16 の 3 つのグループ内では, 判別できるマーカーは得られなかった. ネリカ品種の更なる特徴づけのため, SSR マーカーの多型と農業形質の表現型について連関分析をおこなったところ, 11 種の農業形質と SSR マーカーの間で 131 の量的形質座が検出された. 短い到穂日数と穂重型の特性はアジア型の親に由来し, 高い乾物生産と長い到穂日数は CG14, 或いは他の品種に由来していた.

Breeding Science 62: 27–37 (2012)

タルホコムギの集団構造および多様性を解析するための Diversity array technology (DArT) マーカーの開発

Quahir Sohail¹⁾・Tariq Shehzad²⁾・Andrezj Kilian³⁾・Amin Elsadig Eltayeb¹⁾・田中裕之⁴⁾・辻本 壽¹⁾

(¹⁾鳥取大学・乾燥地研究センター, (²⁾筑波大学・生命環境科学研究科, (³⁾Diversity Array Technology Pty. Ltd, (⁴⁾鳥取大学・農学部)

Ae. tauschii Coss. (タルホコムギ) は六倍性であるパンコムギ (*Triticum aestivum*) の D ゲノム親であり, コムギ育種のために最も有望な野生種である. 地理的分布の様々な地域から収集された 81 のタルホコムギの集団構造と多様性を解明するために, これらの系統を用いて Diversity array technology (DArT) マーカーのアレーを開発した. このタルホコムギのアレーおよび既存のコムギの DArT アレーを用いて, この 81 系統のゲノムを調査した. 7500 マーカー (コムギ 5500 およびタルホコムギ 2000) のうち, 4449 が多型を示した (コムギ 3776 およびタルホコム

ギ 673). 系統学的研究および集団構造研究から, この系統は 3 群に分類できることが明らかになった. タルホコムギの 2 つの亜種ははっきりとクラスター化され, 現在の分類が有効であることが分かった. 今回の研究でのタルホコムギの情報はコムギ育種に有用である. さらに, このタルホコムギ系統によって作られた新しい DArT アレーは, 六倍性コムギ研究のための重要な道具になると思われる.

Breeding Science 62: 38–45 (2012)

リンゴ (*Malus×domestica* Borkh.) における *MdACS3a* null 型対立遺伝子の分布と果実ライプニング特性との関係

白 松齡^{1,2)}・王 愛徳^{1,2)}・五十嵐恵³⁾・今 智之⁴⁾・深澤(赤田)朝子⁴⁾・李 天忠⁵⁾・原田竹雄^{1,2)}・初山慶道³⁾

(¹⁾弘前大学・農学生命科学部, (²⁾岩手大学大学院・連合農学研究科, (³⁾青森県産業技術センター・弘前地域研究所, (⁴⁾青森県産業技術センター・りんご研究所, (⁵⁾中国農業大学)

ライプニングに関わる ACC 合成酵素遺伝子の一つである *MdACS3a* の発現は, リンゴ果実における *MdACS1* によるエチレン生成バーストの開始に重要な役割を果たしている. 以前の研究において, 品種の貯蔵性に影響すると考えられる転写活性の欠失, またはアミノ酸置換による酵素活性の欠損という *MdACS3a*-null 型対立遺伝子が複数存在することを示していたが, 品種における null 型対立遺伝子の全体像はよく解らなかつた. 本研究では, *MdACS3a* に連鎖する SSR マーカーによって 103 品種と

172 系統について, これら null 型対立遺伝子の分布を解析した. その結果, 解析した品種と系統においては, これらの対立遺伝子が広く分布しており, それぞれの null 型対立遺伝子がホモ接合体あるいはヘテロ接合体の組み合わせとなって null 遺伝子型を構成していた. *MdACS3a* の分布結果と null 対立遺伝子型が果実形質に及ぼす影響について考察した.

Breeding Science 62: 46–52 (2012)

レトロトランスポゾン挿入多型に基づくニホンナシの品種特異的DNAマーカーの開発

金 會澤^{1,4)}・寺上伸吾¹⁾・西谷千佳子¹⁾・栗田加奈子²⁾・金森裕之²⁾・片寄裕一³⁾・澤村 豊¹⁾・齋藤寿広¹⁾・山本俊哉¹⁾

(¹⁾果樹研究所, ²⁾農林水産先端技術研究所, ³⁾農業生物資源研究所, ⁴⁾現:茨城県農業総合センター・生物工学研究所)

次世代シーケンサ解析で得たニホンナシ (*Pyrus pyrifolia*) 品種「豊水」の塩基配列データを基に、コピヤ型レトロトランスポゾン *Ppct4* の LTR (long terminal repeat) 配列と隣接するナシのゲノム配列から、レトロトランスポゾン挿入多型に基づくマーカー (RBIP マーカー) を開発した。LTR と隣接するナシのゲノム配列を含む 40 の塩基配列から 22 種類の RBIP マーカーを開発し、ニホンナシ 64 品種、チュウゴクナシ (*Pyrus ussuriensis*) 10 品種およびセイヨウナシ (*Pyrus communis*) 6 品種を含む合計 80 品種について DNA 多型解析を行った。3 種類の RBIP マーカーが、他のニホンナシ品種から「豊水」を識別するのに十分であり、また 22 種類の RBIP マーカーによりニホンナシ 64 品

種のうち 61 品種の識別が可能であった。セイヨウナシでは 22 種類の RBIP マーカーでほとんど増幅を示さなかったことから、レトロトランスポゾンがアジアのナシの進化の過程で転移したこと、あるいはアジアのナシとセイヨウナシの遺伝的な関係を反映していることが推察された。16 種類の RBIP マーカーは「豊水」の連鎖地図上に位置付けられ、10 の連鎖群に分散し、いくつかの座は同一連鎖群の非常に近い位置に存在した。得られた情報は、植物において品種特異的な RBIP マーカーセットの開発に適用可能であろう。

Breeding Science 62: 53–62 (2012)

ダイコン (*Raphanus sativus* L.) の根部グルコシノレートの変異性とパラジウム比色法による総グルコシノレート含量の簡易測定

石田正彦¹⁾・永田雅靖¹⁾・小原隆由¹⁾・柿崎智博¹⁾・畠山勝徳¹⁾・西尾 剛²⁾

(¹⁾野菜茶業研究所, ²⁾東北大学大学院)

ダイコン (*Raphanus sativus* L.) の国内 28 品種の根部グルコシノレート (GSL) 含量と組成について高速液体クロマトグラフを用いて調査し、その品種間変異を明らかにした。いずれの供試品種にも脂肪族系のグルコラフェニン、グルコエルシン、4-メチルチオ-3-ブテニルグルコシノレート (4MTB-GSL)、インドール系の 4-ヒドロキソグルコブラシニン、グルコブラシニン、4-メトキシグルコブラシニンの 6 種の GSL が検出され、品種特異的な組成は認められなかった。主要 GSL の 4MTB-GSL が最も高い品種は「辛味 199」の 135.7 $\mu\text{mol/g}$ であり、反対に最も低い品種は「紅心」の 8.6 $\mu\text{mol/g}$ であった。日本のダイコン品種における 4MTB-GSL 含有率は、中国ダイコンやハツカダ

ダイコンに比べて高く、そのほとんどが 90% 以上を示した。日本品種では GSL 組成に関する質的変異が小さいことを利用して、4MTB-GSL 含量の多少を類推できる総 GSL 含量の簡易測定法を開発した。総 GSL 含量は、GSL 粗抽出液を塩化パラジウム発色液と反応させて得られた 425 nm の吸光度を予測式; 総 GSL 含量 = $305.47 \times A_{425} - 29.66$ に代入することで求めることができる。予測値と実測値の決定係数 (R^2) は 0.968、予測標準誤差 (SEP) は 8.052 であった。本法によって 1 日に 200 サンプル以上の総 GSL 含量を評価することが可能である。

Breeding Science 62: 63–70 (2012)

同質の遺伝的背景を持つ紫黒米系統と通常色米系統の生理的形質と収量性

Zhi-Juan Ji¹⁾・Xiao-Guang Wang²⁾・Yu-Xiang Zeng¹⁾・Liang-Yong Ma¹⁾・Xi-Ming Li¹⁾・Bing-Xin Liu³⁾・Chang-Deng Yang¹⁾

(¹⁾State Key Lab of Rice Biology, China National Rice Research Institute, China, ²⁾Patent Examination Cooperation Center, State Intellectual Property Office, China, ³⁾Shandong Guanfeng Seed Science and Technology CO., LTD, China)

紫黒果皮色特性を異にする後期世代まで共通であった同質性の高い二組の姉妹系統について、生理的形質 5 形質と収量性に

関する 11 形質を調査することにより、本論文では有色米の低収量性の原因を究明することを目的とした。調査した生理的形質

5 形質のうち粒のアントシアニン含量を除き、紫黒米系統と姉妹系統の通常系統について、二シーズンにわたり同様の傾向がみられた (2009 年と 2010 年)。止葉のクロロフィル含量と純光合成速度、粒のアントシアニン含量は、環境条件により変動がみられた。2010 年には紫黒米系統の生理的活性は、通常色米系統より高かった。粒のアントシアニン含量は 2009 年より 2010

年でははるかに高かった。紫黒米系統の収量性の調査により、紫黒米系統では千粒重と単収および籾と玄米の粒厚が、通常米系統に比べて減少した。これらの同質の遺伝的背景を持つ系統の形質、ソースシンク、転流の解析から、紫黒米の収量性の低下の原因が小さいシンクサイズに由来することが示唆された。

Breeding Science 62: 71–77 (2012)

コムギ (*Triticum aestivum* L.) 近縁野生種 *Leymus mollis* からの浸透圧ストレス応答遺伝子の同定

Mohamed Elsadig Eltayeb Habora¹⁾・Amin Elsadig Eltayeb²⁾・辻本 壽²⁾・田中 淨¹⁾

(¹⁾鳥取大学・農学部, ²⁾鳥取大学・乾燥地研究センター)

海浜植物ハマニンニク (コムギ連, イネ科) は種々の生物的, 非生物的ストレス耐性を示すことから, コムギの育種にとって, 非常に有益な遺伝資源になる。ハマニンニクとコムギの広い交配はコムギの遺伝基盤にハマニンニクの染色体を導入し, コムギに有益な性質を固定させる。しかし, ハマニンニクの多種の環境ストレスに対する生理レベルの耐性を支配する遺伝的基盤は殆ど不明のままである。Suppression subtractive hybridization 法により, ハマニンニクから 112 の浸透圧ストレス応答遺伝子を同定した。それらが浸透圧ストレス下で異なった発現を示すことを確認した。これらの遺伝子が細胞防御, ストレス応答, 転写制御, 情報伝達, 適合溶質合成, 細胞壁代謝を含む 13 の機

能に分類された。代表的な遺伝子についてノーザンブロットや RT-PCR による発現解析で, 浸透圧やアブシジン酸処理への応答が調べられた。ここで同定した遺伝子はハマニンニクの染色体のコムギへの導入の解析, 同定をするための発現配列タグの有益な資源になる。さらに, それらの遺伝子は高度に保持され, 浸透圧ストレスと遺伝的に関連し, コムギに伝達されるので, これらの発現配列タグは浸透圧ストレス遺伝子のコムギへの移入を目指した発現配列タグ起源の分子マーカーの開発に重要な材料になる。

Breeding Science 62: 78–86 (2012)

リョクトウ (*Vigna radiata* (L.) Wilczek) の種子および幼植物におけるフィチン酸とリン酸含量に関する QTL マッピング

Utumporn Sompong¹⁾・Prakit Somta¹⁾・Victor Raboy²⁾・Peerasak Srinives¹⁾

(¹⁾ Department of Agronomy, Faculty of Agriculture at Kamphaeng Saen, Kasetsart University, Thailand, ²⁾ USDA-ARS Small Grains and Potato Research Unit, 83210, USA)

フィチン酸 (PA) は種子中の主要リン貯蔵形態であり食品の栄養品質に重要な役割を果たしている。リョクトウに関して種子や幼植物の PA 含量の遺伝に関する情報はほとんどない。フィチン酸としてのリン含量 (PAP) が低い栽培リョクトウ (V1725BG) と PAP が高い野生リョクトウ (AusTRCF321925) の F2 雑種集団を用いて, 種子および幼植物体の PAP, 総リン含量 (TP), 無機リン含量 (IP) に加えて, 開花期, 成熟期および種子重量に関する QTL を検出した。その結果, 種子においては, PAP に関して 2 個, TP に関して 1 個, IP に関して 4 個, 合計 7 個のリン含量関連 QTL を検出することができた。幼植物においては, PAP

に関して 3 個, TP に関して 2 個, IP に関して 1 個, 合計 6 個の QTL を検出することができた。種子と幼植物で検出された QTL の中で, 同一の座と考えられたものは 1 個のみであったことは, 種子と幼植物の低 PAP 個体の選抜は異なる QTL を対象に行う必要があることを示唆している。種子の PAP および TP は, 開花まで日数および成熟まで日数と正の相関関係を有していたことから, 種子のリン含量に開花結実習性が重要な影響を持っていることが示唆された。

Breeding Science 62: 87–92 (2012)

主要なトウガラシ地図と比較可能な SSR ベースのトウガラシ (*Capsicum annuum* L.) 遺伝子地図

三村 裕¹⁾・井上敬弘²⁾・南山泰宏³⁾・久保中央^{2,4)}

(¹⁾京都府農林水産技術センター・農林センター, (²⁾京都府立大学大学院・生命環境科学研究科, (³⁾和歌山大学・教育学部, (⁴⁾京都府農林水産技術センター・生物資源研究センター)

Capsicum annuum は、トウガラシ属 (*Capsicum* spp.) の中で商業的に最も重要であるが、塩基配列特異的な PCR マーカーを用いた種内交配による連鎖地図で、半数体の染色体数に一致するものはなかった。我々は *C. annuum* の 2 種類の遺伝子型、すなわちベルタイプの品種 ‘カリフォルニアワンダー’ とマレーシア産で小さな果実と青枯病 (*Ralstonia solanacearum*) 抵抗性を持つ品種 ‘LS2341(JP187992)’ の交配に由来する倍加半数体集団を用いて、トウガラシの連鎖地図を作成した。我々が作成し

た総延長 1,336cM におよぶ地図上には、合計 253 マーカー (151 SSR, 90 AFLP, 10 CAPS, 2 STS) が座乗した。これは半数体の染色体数と一致する 12 の連鎖群から構成された、*C. annuum* の種内交配による最初の SSR ベースの地図である。この地図は PCR ベースのアンカーマーカーを多数有するので、他の遺伝子地図との比較が容易である。それゆえ、この地図ならびに今回新しく開発されたマーカーは、*C. annuum* 栽培種の育種に役立つ。
Breeding Science 62: 93–98 (2012)

アサガオにおける EST-SSR マーカーの開発

Ly Tong¹⁾・福岡浩之²⁾・大高麻美¹⁾・星野 敦³⁾・飯田 滋^{3,5)}・仁田坂英二⁴⁾・渡部信義¹⁾・久保山勉¹⁾

(¹⁾茨城大学・農学部, (²⁾農研機構・野菜茶業研究所, (³⁾基礎生物学研究所, (⁴⁾九州大学大学院理学研究院・生物科学部門, (⁵⁾現: 静岡県立大・生活健康科学研究科)

アサガオ (*Ipomoea nil* (L.) Roth.) は遺伝学の研究材料として早くから用いられた植物であるが、全染色体を網羅する DNA マーカーの開発はこれまで充分ではなかった。そこで、アサガオのさらなる遺伝研究のために、microsatellite (simple sequence repeats, SSR) マーカーの開発を行った。92,662 の expressed sequence tag (EST) 配列から、514 の反復配列を持つ ESTs を同定し、326 プライマー対の自動設計を行った。評価した 150 の

SSR のうち、75 で系統間多型が確認された。SSR 遺伝子型に基づいて作成した樹形図では、世界の 5 つの異なる地域から採取された 7 つのアサガオ系統と 1 つのアメリカアサガオ (*I. hederacea* Jacq.) 系統の遺伝的な関係が明らかとなった。本研究で開発された SSR マーカーはアサガオやその近縁種において遺伝学的な研究で利用できるだろう。

Breeding Science 62: 99–104 (2012)