

アブラナ科栽培種においてミツバチが認識する花香成分の変異

小林喜和¹⁾・新井美耶子¹⁾・田中 篤²⁾・松山 茂¹⁾・本田 洋¹⁾・大澤 良¹⁾

(¹⁾筑波大学・生命環境科学研究科, ²⁾(株) トーホク)

花香は花粉媒介昆虫を誘引する。我々は異なるゲノムを持つ他殖性種および両親ゲノムを持つ自殖性種を含むアブラナ属6種およびダイコンにおいて、ポリネーターによって認識される花香成分を調査した。ガスクロマトグラフィーと触角電位検出器を連動させたGC-EADにより、花香成分の中からミツバチが生理活性を引き起こす成分をスクリーニングし、ガスクロマトグラフィー質量分析法によってその成分を同定した。52成分中14成分が活性成分であった。全系統が2つ以上の活性成分を有していたが、活性成分は2属間で大きく異なった。活性成分の有無、放出量、組成比の類似性に基づいたクラスター分析によ

り、アブラナ属の系統はそれぞれ3から5グループに分類された。大部分のグループには、同じゲノムを有する他殖性種と自殖性種が含まれており、活性成分における変異が種ではなくゲノムに依存していることが示された。以上の結果から、生殖様式の違いに関わらず、全ての種が生殖に花粉媒介昆虫の訪花を必要としていることが示唆された。しかしながら、同種内に複数グループが存在したことから、活性成分における属間および種内変異は、花粉媒介昆虫の訪花頻度の属間差および種内系統間差を引き起こし、種子生産が不十分となる可能性がある。

Breeding Science 62: 293–302 (2012)

ダッタンソバ (*Fagopyrum tataricum* (L.) Gaertn.) の農業形質の遺伝解析

李 春花・小林喜和・吉田康子・大澤 良

(筑波大学大学院・生命環境科学研究科)

ダッタンソバ (*Fagopyrum tataricum* (L.) Gaertn.) からの生産物の日本における消費は近年高まってきている。消費の高まりとともに、安定・高収量・早生型の品種の育成が要求されてきている。これに応えるために、開花の早晩性や収量性に関わる遺伝的機構に関する情報が一層必要とされている。そこで、著者らは、ダッタンソバ品種「北陸4号」とダッタンソバ系統「石そば」の雑種からの分離第2代と第3代を用いて、開花まで日数、草丈、および個体あたり種子重の3形質に関する遺伝解析を試みた。F3世代での開花まで日数、草丈、個体あたり種子重

の広義の遺伝率は、それぞれ0.70, 0.62, 0.75であった。狭義の遺伝率は種子重の0.51が最も高く、開花まで日数の0.37、草丈の0.26の順であった。開花の遅い個体ほど高い草丈と高い収量を示した。F4世代で、「北陸4号」に比べて早生で、草丈が低く、収量性は同等と期待される12個体を選ぶことができた。これらの結果は、ダッタンソバの農業形質の改良にはSSD法を用いた交雑育種が有効であることを示唆している。

Breeding Science 62: 303–309 (2012)

イネ (*Oryza sativa* L.) における晩生出穂期を支配する一対の相補的優性遺伝子 *LH1* と *LH2* の遺伝解析と微細マッピング

Shuang Liu¹⁾, Feng Wang²⁾, Li Jun Gao³⁾, Jin Hua Li²⁾, Rong Bai Li³⁾, Han Liang Gao³⁾, Guo Fu Deng³⁾, Jin Shui Yang¹⁾, Xiao Jin Luo¹⁾

(¹⁾ State Key Laboratory of Genetic Engineering, Institute of Genetics, School of Life Sciences, Fudan University, China, ²⁾ Rice Research Institute, Guangdong Academy of Agricultural Sciences, China, ³⁾ Guangxi Academy of Agricultural Sciences, China)

イネ (*Oryza sativa* L.) の出穂期は複雑な遺伝様式を示す重要形質である。出穂期を支配する遺伝的背景とメカニズムを調査するために、我々はインディカ3品種‘Bo B’, ‘Yuefeng B’ および‘Baouxuan 2’の交雑分離集団を用いた遺伝解析を行った。そ

の結果、一対の相補性を示す優性遺伝子、*LH1* と *LH2* とが分子マーカーを用いたマッピングによって検出された。遺伝解析によって‘Baouxuan 2’はこれら2個の優性遺伝子を持ち、‘Bo B’ と‘Yuefeng B’とはこれら *LH1* と *LH2* のうちいずれか1個の

優性遺伝子を持つことが明らかになった。分離比 3:1 を示すより多数の個体からなる集団を用いて、我々は *LHI* 遺伝子を第 7 染色体の動原体付近のマーカー RM5436 と RM8034 とに挟まれた 63-kb の領域に、*LH2* 遺伝子を第 8 染色体短腕のマーカー Indel22468-3 と RM25 とに挟まれた 177-kb の領域に微細マッピングした。品種 'Bo B' と 'Yuefeng B' における候補領域の塩

基配列解析によって、いくつかの候補遺伝子が同定された。我々の研究は、出穂期を決定する遺伝子相互作用の今後の研究に対する確固たる基盤を提供し、中国における感光性ハイブリッドイネのマーカー利用育種への道を拓いた。

Breeding Science 62: 310–319 (2012)

Zoisia 属芝 (*Zoisia* Willd.) の耐寒性と緑色保持期間に関連する分子マーカー

Hai-Lin Guo¹⁾ · Ji-Ping Xuan¹⁾ · Jian-Xiu Liu¹⁾ · Yuan-Ming Zhang²⁾ · Yi-Qi Zheng¹⁾

(¹⁾Institute of Botany, Jiangsu Province and Chinese Academy of Sciences, China, (²⁾State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing Agricultural University, China)

Zoisia 属芝 (*Zoisia* Willd.) の育種において耐寒性と緑色保持期間は重要な形質である。耐寒性と緑色保持期間に関連する分子マーカーを同定することは、エリート品種の効率的な選抜に貢献する。*Zoisia* 属芝 96 系統を用いて、2004 年と 2005–2006 年にこれら 2 形質の調査を行った。また、これらマッピング集団に対して、29 の SSR マーカーと 54 の SRAP マーカーを用いたスクリーニングを行った。その結果を用いて、Bayes 法を改変した多遺伝子座 *in silico* マッピングアプローチで耐寒性と緑色保持期間のアソシエーション解析を実施した。マッピング集団において 254 の SSR 多型遺伝子座と 338 の SRAP 多型遺伝子座を検出し、そのうち 3 つの SSR 遺伝子座 (Xgwm131-3B-187,

Xgwm469-6D-194, and Xgwm234-5B-244) と一つの SRAP 遺伝子座 (Me11Em7-406) が耐寒性と有意 (effect values はそれぞれ 57.83%, 38.05%, 36.92%, 37%) な連関を示した。また、3 つの SSR 遺伝子座 (Xgwm132-6B-225, Xgwm111-7D-34, Xgwm102-2D-97) と二つの SRAP 遺伝子座 (Me19Em5-359, Me16Em8-483) とが緑色保持期間と有意 (effect values はそれぞれ 79.54%, 62.59%, 99.04%, 49.01%, 82.57%) な連関を示した。従って、これらのマーカーは *Zoisia* 属芝の耐寒性と緑色保持期間を対象とした DNA マーカー選抜による遺伝的改良に利用可能であると考えられる。

Breeding Science 62: 320–327 (2012)

Brassica juncea と *B. napus* 間の戻し交雑後代における SSR マーカーを用いた C ゲノム染色体領域の残存性の解析

津田麻衣¹⁾ · 奥崎文子¹⁾ · 金子幸雄²⁾ · 田部井豊¹⁾

(¹⁾農業生物資源研究所・遺伝子組換え研究センター, (²⁾宇都宮大学・農学部)

輸入された遺伝子組換えセイヨウナタネ (*Brassica napus*) 種子がこぼれ落ちて自生することが世界各地で確認されており、同時に近縁種である *B. juncea* は世界的に分布していることから、*B. napus* から *B. juncea* への遺伝子浸透の可能性が考えられる。本研究では、*B. napus* 由来のゲノム領域の残存性から遺伝子浸透を評価するため、*B. juncea* × *B. napus* の戻し交雑後代における *B. napus* 由来の C ゲノム染色体領域の残存性を simple sequence repeat (SSR) マーカーを用いて解析した。報告されている C ゲノム特異的 SSR マーカーから、本研究で用いることができる 83 の SSR マーカーを選抜した。*B. juncea* × *B. napus* から得られた

F₁ 雑種では全マーカーが検出されたが、*B. juncea* × F₁ 雑種から得られた BC₁ 植物では 85% のマーカーが脱落し、その形態的特性は *B. juncea* に似ていた。BC₂ および BC₃ 世代ではさらにマーカーの脱落がみられ、BC₃ 世代では最大でも 2 マーカーのみの残存にとどまった。また、これらの形態的特性は、BC₁ 世代よりもより *B. juncea* に近い植物であった。以上の結果から、本研究により C ゲノム染色体領域の残存の可能性は非常に低いことが示された。

Breeding Science 62: 328–333 (2012)

水稲品種「あそみのり」の白葉枯病抵抗性遺伝子 *Xa1-as(t)* と密接に連鎖するいもち病抵抗性遺伝子 *Pias(t)*

遠藤貴司^{1,2)}・山口誠之^{1,3)}・梶 亮太¹⁾・中込弘二^{1,4)}・片岡知守^{1,5)}・横上晴郁^{1,6)}・中村俊樹⁷⁾・石川吾郎⁷⁾・米丸淳一^{7,8)}・西尾 剛⁹⁾

(¹⁾東北農業研究センター・大仙研究拠点, (²⁾現 宮城県古川農業試験場, (³⁾中央農業総合研究センター・北陸研究センター, (⁴⁾現 近畿中国四国農業研究センター, (⁵⁾現 九州沖縄農業研究センター, (⁶⁾現 北海道農業研究センター, (⁷⁾現 東北農業研究センター, (⁸⁾農業生物資源研究所, (⁹⁾東北大学大学院・農学研究科)

白葉枯病抵抗性である水稲品種「あそみのり」を交配母本として得られた白葉枯病抵抗性の後代は、いもち病にも抵抗性であることが知られていたが、そのいもち病抵抗性遺伝子の詳細は不明であった。本研究では、「あそみのり」のいもち病抵抗性遺伝子を *Pias(t)* と仮称し、*Pias(t)* は第4染色体上のDNAマーカー YX4-3 と NX4-1 の間の162 kbの領域に座乗し、白葉枯病抵抗性遺伝子 *Xa1* の対立遺伝子である *Xa1-as(t)* と連鎖していることを明らかにした。*Pias(t)* は優性であり、*Pias(t)* の有無によ

るいもち病発病程度の差は、1.2であった。*Pias(t)* は、フェノール反応を支配している遺伝子 *Ph* と連鎖しており、フェノール反応を利用したいもち病抵抗性の選抜の可能性が示された。「あそみのり」を交配母本としていもち病抵抗性の実用品種が育成されていることから、*Pias(t)* はいもち病抵抗性育種において有用だと考えられる。

Breeding Science 62: 334–339 (2012)

超強力小麦の生パスタ加工適性の評価

伊藤美環子¹⁾・船附(丸山) 稚子²⁾・池田達哉²⁾・西尾善太¹⁾・長澤幸一¹⁾・田引 正¹⁾・山内宏昭³⁾

(¹⁾北海道農業研究センター, (²⁾近畿中国四国農業研究センター, (³⁾帯広畜産大学)

超強力タイプの品種・系統を含む普通系小麦の小麦粉の特性と生パスタ加工適性との関係について調査し、超強力小麦の生パスタ加工適性を評価した。ミキソグラムのミキシングタイム(PT)とゆで麺の硬さの間に正の相関関係が認められたことから、ゆで麺の硬さは生地が強さに影響されることが示された。「ゆめちから」、「北海262号」、「北海259号」などの超強力品種・系統のゆで麺は、他の品種・系統や市販粉のゆで麺に比べ硬かった。また、小麦粉のタンパク質含量とゆで麺の明るさとの間には負の相関関係が認められた。標準施肥で栽培した「ゆ

めちから」と「北海262号」のゆで麺の色は、他の品種・系統よりも優れていたが、「ゆめちから」では、多肥栽培によりタンパク質含量が増加した場合にはゆで麺の色が劣化した。一方、「北海262号」は多肥栽培によるゆで麺色の劣化の程度は「ゆめちから」に比べ小さかった。これらの結果から、超強力小麦の生パスタは優れた硬さを有し、特に「北海262号」は硬さ・色両面において優れた生パスタ加工適性を有することが明らかとなった。

Breeding Science 62: 340–347 (2012)

*S-RNase*断片のポリアクリルアミドゲル電気泳動によるニホンナシ (*Pyrus pyrifolia*) の *S* 遺伝子型の同定

加藤雅樹¹⁾・加藤 修²⁾・佐々英徳¹⁾

(¹⁾千葉大学大学院・園芸学研究科, (²⁾千葉県農林総合研究センター)

ニホンナシ (*Pyrus pyrifolia*) は *S* 複合遺伝子座に支配される配偶体型自家不和合性を示し、雌ずいにおける *S* 遺伝子型の産物は多型のなりボヌクレアーゼ、*S-RNase* であることが知られている。*S* 遺伝子型の情報はニホンナシの生産および育種上重要である。*S* 遺伝子型の分子遺伝学的解析法としては、PCRで増幅した *S-RNase* 遺伝子断片を *S* ハプロタイプ特異的制限酵素で切断する CAPS (cleaved amplified polymorphic sequence) 法が確立されている。本研究では、*S-RNase* 遺伝子断片をポリアクリルアミドゲル電気泳動 (PAGE) で分離することで、制限酵素

処理することなく、9の *S* ハプロタイプのうち4つを判定できることを示す。*S*³-, *S*⁵-, *S*⁶- および *S*⁸-*RNase* は PAGE により異なる移動度のバンドとして検出された。*S*³- と *S*⁵-*RNase* は断片長が同一であるにもかかわらず、PAGE では識別可能であった。この方法により、*S* 遺伝子型未知のニホンナシ3系統の遺伝子型を判定した。得られた結果は、CAPS 法による *S* 遺伝子型判定結果と一致することも確認した。

Breeding Science 62: 348–351 (2012)

SSR マーカーによる日本のパイナップル品種の DNA 品種識別

正田守幸¹⁾・浦崎直也²⁾・崎山澄寿¹⁾・寺上伸吾³⁾・保坂ふみ子³⁾・滋田徳美³⁾・西谷千佳子³⁾・山本俊哉³⁾

(¹⁾沖縄県農業研究センター・名護支所, ²⁾沖縄県農業研究センター, ³⁾果樹研究所)

濃縮ゲノムライブラリー法によって、パイナップル (*Ananas comosus*) から GA および CA モチーフを持つ 18 種類の simple sequence repeat (SSR) マーカーを開発し、沖縄県で育成された 7 品種と 11 系統、海外導入 12 系統および 1 つの近縁種の合計 31 品種・系統について解析した。開発した SSR 座は多型性が高く、座あたり 3-7 の対立遺伝子を持ち、平均で 4.1 であった。ヘテロ接合度の期待値は、0.09-0.76 で平均 0.52 であった。供試した全 31 品種・系統は、'N67-10' と 'Hawaiian Smooth Cayenne' を除き、18 種類の SSR マーカーで識別が可能であった。3 種類

の SSR マーカーセット TsuAC004, TsuAC010, TsuAC041 が全品種を識別するのに十分であった。SSR 遺伝子型に基づく樹形図では、明確なグループが観察されず、日本で育成されたパイナップルが遺伝的に多様であることが示唆された。14 のパイナップル品種・系統と報告されている両親組合せについて、17 種類の SSR 座の対立遺伝子を比較することにより、親子関係が再確認された。得られた情報は、登録品種の育成者権保護に大いに貢献するであろう。

Breeding Science 62: 352-359 (2012)

難脱粒ソバ 'W/SK86GF' の特性

鈴木達郎¹⁾・六笠裕治²⁾・森下敏和¹⁾・瀧川重信¹⁾・野田高弘¹⁾

(¹⁾北海道農業研究センター・芽室研究領域, ²⁾北海道農業研究センター)

ソバにとって収穫時の脱粒は栽培上の大きな問題である。これまで、W/SK86GF のようなソバのグリーンフラワータイプの突然変異体は小果柄強度が強いことが報告されてきた。小果柄強度が強いことで圃場での脱粒抵抗性が高まる可能性はあるが、具体的には調査されてこなかった。そこで、グリーンフラワータイプの系統である W/SK86GF と北海道の主要品種であるキタワセソバについて、台風遭遇した年を含む 4 年間の圃場試験を行い、脱粒抵抗性を調査した。台風遭遇しなかった年は、成熟期+15 日後における W/SK86GF の脱粒子実割合はキタワ

セソバより少なかった。台風遭遇した年は、成熟期および成熟期+15 日におけるキタワセソバの脱粒子実割合は 14.4% および 21.1% であったが、W/SK86GF は 3.08% および 2.57% と少なかった。このことから、W/SK86GF は台風遭遇した年においても難脱粒系統として有望と考えられる。以上の結果から、W/SK86GF の難脱粒性は特に成熟期+15 日後のような成熟期以降に発揮され、また、小果柄強度が強いことが脱粒抵抗性に寄与する可能性が高いことが明らかとなった。

Breeding Science 62: 360-364 (2012)

形態的に優れた合成 6 倍性コムギの HMW-GS の特徴とそれらの多様性の評価

Awais Rasheed¹⁾・Tania Safdar²⁾・Alvina Gul-Kazi³⁾・Tariq Mahmood¹⁾・Zahid Akram²⁾・Abdul Mujeeb-Kazi⁴⁾

(¹⁾ Plant Biochemistry and Molecular Biology Lab, Department of Plant Sciences, Quaid-i-Azam University, Pakistan, ²⁾ Department of Plant Breeding and Genetics, PMAS Arid Agriculture University, Pakistan, ³⁾ Atta-ur-Rehman School of Applied Biosciences, National University of Science and Technology (NUST), Pakistan, ⁴⁾ National Institute of Biotechnology and Genetic Engineering (NIBGE), Pakistan)

95 系統のエリート 1 合成 6 倍性コムギ (SH, *Triticum turgidum/Aegilops tauschii*; 2n=6x=42; AABBDD) の高分子両グルテニンサブユニットの構成と変異を SDS ポリアクリルアミド電気泳動法 (SDS-PAGE) で調査した。Glu-1 遺伝子座において 18 種類の異なる対立遺伝子が見いだされた。この高い HMW グルテニンサブユニットの構成は、これらの合成コムギの D ゲノムにコードされたサブユニットの多様性によるものであった。8% の尿素/SDS-PAGE は 12% のゲルよりもより良くサブユニット 2* を識別した。Glu-D'1 の遺伝的変異性は Glu-A1 や Glu-B1 よりも大きかった。優れた対立遺伝子である Glu-B1b や Glu-D'1d が比

較的高い頻度で見られた。このことはこれらの合成コムギに存在する遺伝子が優れた製パン性に貢献することを示している。95 系統の Elite-1 合成コムギのうち、44.4% が Glu-A1 座に優れた遺伝子を持ち、51% が Glu-B1 に優れた遺伝子をもっていた。Glu-D'1 座において、劣った遺伝子である 1Dx2+1Dy12 の頻度は非常に低く (6.31%)、頻度高く (21.05%) みられた D ゲノムのサブユニット 1Dx5+1Dy10 に加え、9 の異なる新規遺伝子が見いだされた。これらの優れた遺伝子はコムギ改良の試みの中で、利用が優先的に行われるであろう。

Breeding Science 62: 365-370 (2012)