

anti-*Waxy* 遺伝子を含む発現ベクターによる水稲日長温度感応型雄性不稔系統 261S の形質転換

楊 瑞¹⁾・周 永国¹⁾・曹 月琴²⁾・伊 中明¹⁾・楊 麗君¹⁾・李 建粵¹⁾

⁽¹⁾ College of Life and Environment Sciences, Shanghai Normal University, China, ⁽²⁾ Institute of Agricultural Sciences of Minhang District, China)

Agrobacterium tumefaciens を介した形質転換により anti-*Waxy* 遺伝子を導入した日長温度感応型雄性不稔水稲系統 “261S” 由来の遺伝子組換え植物を作出した。また、マーカー遺伝子を含まず、anti-*Waxy* 遺伝子をホモに持つ組換え系統を作出した。自家受粉又は稔性回復系統 WX99075 イネとの交配による組換え植物の稔性、組換え植物の千粒重および組換え植物又は非組換え植物と稔性回復系統 WX99075 との交配により得られた F₂ ハイブリッドの千粒重、組換え植物の穂数、F₂ ハイブリッドイネ

の収量を解析した。また、組換え植物および F₂ ハイブリッドイネの品質に係わる指数を解析した。我々の研究の結果は、ハイブリッド雌株およびハイブリッドの子孫の食味が anti-*Waxy* 遺伝子の導入によって改善され得る一方で、遺伝子組換え水稲日長温度感応型雄性不稔系統およびハイブリッドイネの自家受粉による種子の収量は影響を受けないことを示すものである。

Breeding Science 63: 147–153 (2013)

ワタ (*Gossypium hirsutum* L.) の 2 雑種集団を用いた早生化関連形質に関する QTL 解析

Chengqi Li¹⁾・Xiaoyun Wang²⁾・Na Dong¹⁾・Haihong Zhao¹⁾・Zhe Xia²⁾・Rui Wang¹⁾・Richard L. Converse³⁾・Qinglian Wang¹⁾

⁽¹⁾ Henan Institute of Science and Technology, Key Discipline Open Lab on Crop Molecular Breeding of Henan Institute of Higher Learning, Cotton Research Institute, China, ⁽²⁾ College of Life Sciences, Henan Normal University, China, ⁽³⁾ University of Cincinnati Blue Ash College, USA)

早生化関連形質に関する QTL に強連鎖したマーカーを利用した選抜は、ワタ (*Gossypium hirsutum* L.) の農業形質と早生化性とを同時に改良していく育種にとって有効な手法である。本研究では、2つの交雑組み合わせ (Baimian2×TM-1 and Baimian2×CIR12) から構成されるワタの雑種 F₂ および F_{2,3} 集団を作成した。早生化関連形質の QTL 解析は F_{2,3} 系統を用いて行った。その結果 54 個の QTL (31 個の可能性のある QTL と 23 個の有意な QTL) が検出された。そのうち、14 個の有意な QTL は、LOD スコアが 3 を超えていた上、パーミュテーションテストの閾値も超えていた。花芽形成から開花までの期間 (BP) に関する *qBP-17*、生育期間 (GP) に関する *qGP-17*、霜が降りるまで

の収量割合 (YPBF) に関する *qYPBF-17*、果実をつける最下位分枝節 (HFFBN) に関する *qHFFBN-17* という、少なくとも 4 個の QTL は両雑種集団から共通に検出された。これらの共通 QTL は信頼性が高いため、早生化のマーカー育種に利用可能と考えられた。その中の *qBP-17* は、LOD スコアが 3 を超え、パーミュテーションテストの閾値を超えており、表現型変異の 12.6% を説明可能であった。この QTL をマーカー選抜に使用することをまず考慮すべきである。ワタの早生化性は主として優性または超優性効果を有していた。

Breeding Science 63: 154–163 (2013)

イネ (*Oryza sativa* L.) の動原体近傍に座乗する半矮性遺伝子の遺伝解析とファインマッピング

Mingjiang Chen¹⁾・Zhigang Zhao¹⁾・Liangming Chen¹⁾・Feng Zhou¹⁾・Zhengzheng Zhong¹⁾・Ling Jiang¹⁾・Jianmin Wan^{1,2)}

¹⁾State Key Laboratory for Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Jiangsu Plant Gene Engineering Research Center, Nanjing Agricultural University, China, ²⁾Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, China)

優れた草型は、高収量品種の収量ポテンシャルを高めるために重要な要因である。新規に同定された劣性遺伝子 (*sd-c*) は、イネの草丈と分けつ数を調整する。ジャポニカ品種 Houshengheng とその半矮性突然変異体との F₂ 雑種集団を用いた遺伝解析の結果、*sd-c* 遺伝子座は第 12 染色体の SSR マーカー RM27877 と RM277 とにはさまれた領域に座乗することを示した。その領域に新たに 39 個の InDel マーカーを設計してマッピングを行った結果、*sd-C* 遺伝子は動原体から 1 cM の距離に位置する InDel マーカー C11 と C12 との間にマップされた。これらのマーカー

は突然変異体と原品種とを識別することが可能であり、従って選抜マーカーとして利用することができる。*sd-C* 突然変異体では、種子重に影響を与えることなく稈長が 26% 減少し、分けつ数は 2 倍になる。これまでインディカイネの草型育種において使われてきたのは、*sd-1* 遺伝子だけである。*sd-C* 突然変異体には、多面発現による不良形質が認められないため、半矮性インディカイネ品種の育種に有用な遺伝資源と考えられる。

Breeding Science 63: 164–168 (2013)

マカロニコムギにおける新規クロロフィル欠損突然変異遺伝子のマッピングと特徴解析

Ning Li・Jizeng Jia・Chuan Xia・Xu Liu・Xiuying Kong

(Key Laboratory of Crop Gene Resources and Germplasm Enhancement, MOA, The National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement, Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, China)

非致死のクロロフィル欠損黄緑葉突然変異体は光合成や植物発生の研究に利用することができる。マカロニコムギ品種 Cappelli に由来する新規の黄緑変異体は幼苗期より成熟期まで葉色が黄緑色である。透過電子顕微鏡でこの突然変異体の葉緑体を観察すると、形態が変化しストロマ内のグラナ層の大きさが様々で不規則であった。また、この変異体のクロロフィル *a* および *b*、総クロロフィル、カロテンを含む色素量は減少していた。それに対し、変異体の *chl1a/chl1b* 比は正常の緑葉に比べ増加していた。また変異体は光合成率、蛍光速度パラメーターおよび収量関

連農業形質が減少していること明らかになった。遺伝分析によって、この変異体は 2 つの劣性核遺伝子によっておこることが解明され、これらを *ygld1* および *ygld2* と名付けた。この遺伝子は 2 つの分子マーカー (*ygld1* は 5AL 染色体上の SSR マーカー *wmc110*, *ygld2* は 5BL 染色体上の *wmc28*) と共分離した。これらの結果は、コムギにおける遺伝子クローニングやクロロフィル代謝、葉緑体発生に関わるメカニズムの理解に貢献するであろう。

Breeding Science 63: 169–175 (2013)

次世代シーケンサーを用いたアズキ (*Vigna angularis*) オルガネラゲノムの解読

内藤 健・加賀秋人・友岡憲彦・河瀬真琴

(農業生物資源研究所・遺伝資源センター)

葉緑体やミトコンドリアは母性遺伝するので、それらのゲノム DNA は進化的に核ゲノムとは違った特徴を示す。そのため、オルガネラゲノムの情報は系統解析に広く利用されてきた。一方、近年の次世代シーケンサーの発展により、ゲノム解析を比較的容易に行えるようになってきた。本研究では、次世代シーケンサーとして、ロングリードの Roche およびショートリード

の Illumina の双方のプラットフォームを用い、アズキオルガネラゲノムのハイブリッドアセンブリを行った。解読したアズキのミトコンドリアおよび葉緑体ゲノムは、サイズ・座乗遺伝子ともに同属のリョクトウ (*V. radiata*) と高い相同性を示した。しかしながらミトコンドリアゲノムの構造は、アズキとリョクトウの共通祖先からの分岐後、数多くの組換えを生じているこ

とが明らかとなった。一方、葉緑体ゲノムの構造はほぼ完全に保存されていることが明らかとなった。葉緑体ゲノムの安定性とミトコンドリアゲノムの変動性は、アズキのオルガネラをミ

ヤコグサやシロイヌナズナのオルガネラを比較することでさらに裏付けられた。

Breeding Science 63: 176–182 (2013)

葉緑体ゲノムの塩基配列多型が示す栽培メロンの遺伝的多様性と分化

田中克典¹⁾・明石由香利²⁾・福永健二³⁾・山本達也⁴⁾・Yasheng Aierken⁵⁾・西田英隆²⁾・龍 春林⁶⁾・吉野熙道⁶⁾・佐藤洋一郎⁷⁾・加藤謙司²⁾

(¹⁾弘前大学・人文学部, (²⁾岡山大学大学院・環境生命科学研究科, (³⁾県立広島大学・生命環境学部, (⁴⁾(株)萩原農場, (⁵⁾新疆農業科学院・ハミウリ研究センター, (⁶⁾中国科学院昆明植物研究所, (⁷⁾総合地球環境学研究所)

栽培メロン (*Cucumis melo* L.) の遺伝的多様性と類縁関係を解明するために、葉緑体ゲノムにおける塩基配列多型を解析した。供試材料は世界中からのメロン 60 系統と *Cucumis* 属の近縁野生種 6 系統とし、葉緑体ゲノムの遺伝子間領域ならびに遺伝子内イントロン領域の計 9 領域、約 5500 bp の塩基配列を決定した。その結果、メロン品種間での配列変異が 47 カ所で検出され、メロンの葉緑体ゲノムが単一ではなく種内において分化していること、つまり世界のメロンが複数の母系に分けられることが明らかになった。葉緑体ゲノムの配列変異に基づくクラスター分析の結果、メロンは 3 つのサブクラスターに分けられ、さらに計 12 のサブグループに分けられた。細胞質型に相当する各サブクラスターに分類されたメロン品種の分布地域や種子サイズを比較したところ、サブクラスター Ia にアフリカ南部、南および東アジアの小粒系メロン (種子長 9.0 mm 未満) が含まれ

ていたのに対して、サブクラスター Ib は主に欧米とアフリカ北部の大粒系メロン (同 9.0 mm 以上) で構成されていた。また、サブクラスター Ic にはアフリカ (西部, 中央部および南部) の在来メロンだけが属していた。これらの結果より、欧州およびアジアのメロンがそれぞれ固有の母系において多様化したこと、そしてそれぞれアフリカ北部の大粒系メロンおよびアフリカ南部の小粒系メロンと同じ母系を共有していることが明らかになり、さらに、サブクラスター Ic のメロンがアフリカにおいて独自に栽培化されたことが示唆された。栽培メロンを構成する 3 つの細胞質型のすべてがアフリカに存在したことから、メロンがアフリカ起源であるとする従来の説が支持され、さらにアフリカのメロン遺伝資源の重要性が明らかになった。

Breeding Science 63: 183–196 (2013)

開花期耐冷性に関する QTL 解析と形態的特徴付け

品田博史^{1,3)}・岩田夏子²⁾・佐藤 毅¹⁾・藤野賢治^{2,4)}

(¹⁾北海道立総合研究機構・上川農業試験場, (²⁾ホクレン農業協同組合連合会・農業総合研究所, (³⁾現:北海道立総合研究機構・十勝農業試験場, (⁴⁾現:農業・食品産業技術総合研究機構・北海道農業研究センター)

イネの生殖成長期間は、温度感受性が高く、過度の低温、高温条件は様々な形態・生理的变化を誘引し、種子不稔の原因となる。イネにおいては開花・受精がおこる開花期が特に低温ストレスに敏感なステージであり、北海道などの寒冷地イネ栽培では、品種改良による開花期耐冷性強化が必須である。本研究では、開花期耐冷性に関する QTL 解析ならびに耐冷性の品種間差に寄与する形質の同定を行った。

まず、北海道内の 19 品種系統について開花期耐冷性強度を調査することを目的に、開花期低温ストレスによる種子稔実率低下を調査したところ、広い品種間差が認められた。この結果をもとに、耐冷性強度が異なる北海道内の 4 品種・系統について、低温条件下での花粉管伸長・発芽を調査したところ耐冷性が弱い品種において、伸長・発芽の著しい抑制が認められた。この

ことから、低温条件における花粉管伸長・発芽程度の差が耐冷性の強弱に関わっているとことが示唆された。

さらに、永系 88223 号 (開花期耐冷性“極強”) を遺伝子供与親、彗星 (開花期耐冷性“極弱”) を反復親とした Back cross Inbred Lines (BILs) を作成し、その BC₁F₄ 集団を用いて開花期耐冷性に関する QTL 解析を行った。結果、第 7, 8 および 12 染色体に計 3 カ所の QTL が見いだされた。続いて、最も寄与率が大きい第 7 染色体の QTL・*qCTF7* について、3QTL のうち *qCTF7* のみをヘテロで有する BIL 後代を用いて効果の検証を行ったところ、開花期耐冷性に関する明瞭な効果が認められた。本研究の試験結果は、イネ育種における開花期耐冷性強化に役立つものと考えられる。

Breeding Science 63: 197–204 (2013)

エダマメの熱乾燥処理による GABA の蓄積と関連遺伝子の発現解析

高橋由希子・笹沼恒男・阿部利徳

(山形大学・農学部)

我々は、エダマメ (*Glycine max* L. Merr.) 未熟子実の乾燥処理による γ -アミノ酪酸 (GABA) の蓄積効果について試験した。GABA は 40 °C での熱乾燥処理することにより最も多く蓄積した。GABA 含量は、未処理では乾燥重 100 g 当たり 79.6 mg であったが、熱乾燥処理により 5.6 倍の 447.5 mg に増加した。これと対照的に、グルタミン酸含量は処理前と比較して約 1/3 まで急激に低下した。GABA 含量は処理前と比較して熱乾燥処理の最初の 30 分間で 1.5 倍まで増加した。GABA は真空乾燥した場合には増加しなかった。GABA の生合成代謝経路 (GABA 経路) の関連遺伝子のうち、グルタミン酸を脱炭酸して GABA 生

成を触媒するグルタミン酸デカルボキシラーゼ (EC 4.1.1.15) 遺伝子の発現は比較的高く、熱乾燥処理の 4 時間後でも 70% を維持していた。対照的に GABA をミトコンドリア中で代謝する 2 つの酵素、GABA トランスアミナーゼ (GABA-T; EC 2.6.1.19) およびコハク酸セミアルデヒドデヒドロゲナーゼ (SSADH; EC 1.2.1.16) 遺伝子の発現は熱乾燥処理により急激に低下した。これらの結果は、熱乾燥処理により蓄積した GABA は、GABA-T や SSADH によって急激に代謝されないの、多く蓄積したまま保持されると考えられる。

Breeding Science 63: 205–210 (2013)

画像解析に基づくイチゴ果実のアントシアニンと紫外線蛍光性フェノール化合物含有量の簡易推定法

吉岡洋輔¹⁾・中山真義²⁾・野口裕司¹⁾・堀江秀樹¹⁾

(¹⁾野菜茶業研究所, ²⁾花き研究所)

イチゴ果実は赤色のアントシアニンを豊富に含むとともに、無色のフェノール化合物を含有している。ヒドロキシ桂皮酸類などのいくつかのフェノール化合物は紫外線によって励起され蛍光を発する紫外線蛍光性をもつことが知られている。本研究では、画像解析に基づくイチゴ果実のアントシアニンと紫外線蛍光性フェノール化合物含有量の簡易推定法の有効性を調べた。まず、可視光と紫外光のもとで、イチゴ 12 品種の果実の果皮と果実断面を撮影し、画像の色成分によって果皮色と果実断面色を定量的に評価した。次に、イチゴ果実のアントシアニンと紫外線蛍光性フェノール化合物の含有量を、それぞれ分光光度計と高速液体クロマトグラフィーによって測定し、画像データの

解析結果との関連を調べた。その結果、果実の赤みは品種間で大きく異なり、アントシアニン含有量は果実断面画像の色成分値により推定することが可能であった。また、いくつかの品種の果実断面は紫外光下で強い蛍光を発し、紫外線蛍光画像のグレイスケール値は高速液体クロマトグラフィーにより測定された紫外線蛍光性フェノール含有量と有意な相関を示した。これらの結果は、画像解析によりアントシアニンと紫外線蛍光性フェノール化合物の含有量の高い系統の選抜が可能であることを示している。

Breeding Science 63: 211–217 (2013)

染色体に対応付けられた配列特異的ダイコン (*Raphanus sativus* L.) 連鎖地図の作製と形態形質の QTL 解析

橋田友子¹⁾・中辻諒一¹⁾・Holger Budahn²⁾・Otto Schrader²⁾・Herbert Peterka²⁾・藤村達人³⁾・久保中央¹⁾・平井正志¹⁾

(¹⁾京都府立大学大学院・生命環境科学研究科, ²⁾Julius Kühn-Institut (JKI), Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for Breeding Research on Horticultural and Fruit Crops, Germany, ³⁾筑波大学大学院・生命環境科学研究科)

ダイコンは大きな形態の変異を示すが、この変異の元となる遺伝的要因はほとんど知られていない。ダイコンの形態形質を調節している量的形質遺伝子座 (QTL) を同定するために、我々はサヤダイコンと日本のダイコン品種「春福」の自殖系統の交

雑に由来する F₄ または F₅ 組換え近交系 94 個体を栽培した。8 つの形態形質 (1 莢あたりの胚珠および種子数、草姿、毛茸、根の形成) を調査のため測定した。我々は 322 マーカーで構成される全長 673.6 cM の連鎖地図を作製した。連鎖群は、ナタネ-

ダイコン二染色体添加系統を用いてダイコン染色体に対応付けた。2008年および2009年の栽培でそれぞれ8個と10個のQTLを連鎖地図上に同定した。染色体-連鎖群の対応関係と配列特

異的マーカー、本研究で検出したQTLは、さらなる遺伝解析やダイコン育種過程での選抜に有用な情報をもたらす。

Breeding Science 63: 218-226 (2013)

SSR マーカー解析によって明らかになったバングラデシュイネ在来種におけるインド型-日本型品種分化の複雑性

王 穆穆・朱 作峰・譚 禄賓・劉 鳳霞・付 永彩・孫 傳清・才 宏偉

(Department of Plant Genetics and Breeding, College of Agronomy and Biotechnology, China Agricultural University, China)

バングラデシュのイネにおけるインド型-日本型品種分化と遺伝的多様性を理解するために、我々はアウス、ポロ、直播アマン、移植アマンおよびラヤダなどの品種群を含む151品種(主に在来種)について47個の核SSRマーカーを用いた遺伝子型解析を行った。クラスター分析の結果では三つの品種群が検出され、それぞれインド型、アウスおよび日本型に相当していた。

解析した深水稲の中の一部の品種は、日本型品種群に特徴的な形態を示した。いくつかの小粒米および香り米も日本型に属する結果となった。この研究によって、日本型イネ品種群が、特にバングラデシュの深水地帯における伝統的イネ品種の重要な構成要素となっていることを明らかにした。

Breeding Science 63: 227-232 (2013)

炊飯米特性を指標とした「ササニシキ」型良食味新品種「東北194号」の育成

永野邦明¹⁾・佐々木都彦²⁾・遠藤貴司¹⁾

(¹⁾宮城県古川農業試験場, ²⁾宮城県病害虫防除所)

「ササニシキ」の炊飯米は柔らかく、粘りは日本の主力品種「コシヒカリ」や「ひとめぼれ」ほど強くない。「ササニシキ」の食味特性に近い品種系統を効率的に選抜する手法として、炊飯米の物性や炊飯特性を調査した。「ササニシキ」と「ひとめぼれ」の炊飯米の表層物性や溶出固形物重量/ヨード呈色度、膨張容積には差が見られ、これらの特性は育種系統の選抜に有効と思われた。これらの特性を選抜指標にして、「ササニシキ」と

「ひとめぼれ」の交配後代から、食味特性が「ササニシキ」に極めて近く、耐冷性が「ひとめぼれ」並に強い「東北194号」を育成した。「東北194号」は新品種として品種登録され、宮城県の奨励品種に採用される見込みである。「東北194号」は消費者や飲食業界の多様なニーズを満たすと思われる。

Breeding Science 63: 233-237 (2013)