

トマトにおける切り葉を用いたタバココナジラミ抵抗性評価法の開発

Guangjun Guo¹⁾・Jianchang Gao¹⁾・Xiaoxuan Wang¹⁾・Yanmei Guo¹⁾・J.C. Snyder²⁾・Yongchen Du¹⁾

¹⁾Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, China, ²⁾Department of Horticulture, University of Kentucky, USA)

トマト育種において、タバココナジラミ抵抗性は重要な育種形質であり、正確かつ簡便な評価法の開発が必要である。本研究では、トマトの切り葉を用いたタバココナジラミ抵抗性評価法を開発し、トマトの野生種と栽培品種を用いて検証を行った。その結果、若葉の切り葉を用いた場合に8時間後にタバココナジラミによる産卵が観察され、栽培品種と野生種の間で明確な

違いが認められた。また、タバココナジラミ感受性の栽培品種では、葉位によって産卵率に有意差が認められた。この切り葉を用いたタバココナジラミ抵抗性評価法は、個体を用いた評価法と同程度の精度があり、簡便であることから、大規模なトマト集団のタバココナジラミ抵抗性評価に利用できる。

Breeding Science 63: 239–245 (2013)

イネ属の全てのゲノム種を迅速に判別できる挿入/欠失マーカークの開発

山木辰一郎¹⁾・大柳 一^{1,2)}・山崎将紀³⁾・永口 貢⁴⁾・宮林登志江⁴⁾・久保孝彦^{1,5)}・倉田のり^{1,5)}・野々村賢一^{4,5)}

¹⁾国立遺伝学研究所・植物遺伝研究室, ²⁾三菱スペース・ソフトウェア(株), ³⁾神戸大学大学院・農学研究科附属食資源教育研究センター, ⁴⁾国立遺伝学研究所, ⁵⁾総合研究大学院大学・生命科学)

イネ属の野生種は遺伝的な多様性に富み、栽培イネ品種の育種に有用な遺伝子資源である。様々な遺伝資源を、高い信頼性を保ちつつ生息域外で保存することは、基礎研究および応用研究の両面で重要である。本研究では、イネ属のゲノム種あるいは種を判別することのできる、PCRベースかつ共優性の挿入/欠失(INDEL)マーカークを開発した。最初に、野生イネ12種に由来する公的データベースで入手可能なBACエンド配列を用いて、12,107個のINDEL候補配列を見いだした。次に、イネ属のほぼ全てのゲノム種を網羅する野生イネ102系統を用いて、それぞれの系統で1つあるいは少数のバンドのみ増幅することを

基準に、それぞれのINDELを挟み込むPCRプライマーをデザインした。更なる絞り込みにより、イネ属の全てのゲノム種を判別できる22個のINDELマーカークを選抜した。この22個のINDELマーカークにより得られる増幅DNA断片長の多型に基づいて野生イネ102系統および栽培イネ2品種の系統樹解析を行ったところ、過去に報告のあった系統樹解析の結果とよく一致した。このことは、本研究で開発されたINDELマーカークが、遺伝資源保存における野生イネ系統の種同定の信頼性向上に有用であることを示している。

Breeding Science 63: 246–254 (2013)

コムギ鱗被の発達に必須なAP2ホモログの遺伝変異

Shunzong Ning^{1,2)}・Ning Wang¹⁾・佐久間俊^{1,2)}・Mohammad Pourkheirandish¹⁾・木庭卓人²⁾・小松田隆夫¹⁾

¹⁾農業生物資源研究所, ²⁾千葉大学大学院・園芸学研究科)

オオムギHvAP2遺伝子は閉花開花受粉を決定し、パンコムギのゲノムはその3つのホモログをもつ。その3つのホモログであるTaAP2-A, TaAP2-BおよびTaAP2-DはそれぞれAゲノム, Bゲノム, Dゲノムに存在する。異なる倍数性をもつ広範な野生種および栽培種において鱗被の膨潤が開花受粉にはたす重要性が確認された。コムギAP2ホモログの自然変異に関する配列解析を塩基配列およびアミノ酸配列レベルでおこなった。コム

ギAP2ホモログの配列は、異なる倍数性をもつ種においても保存性が高く、カギとなるmiR172のターゲット部位における機能的な変異は認められなかった。これらの結果は、閉花受粉性コムギを設計するにはそれぞれのTaAP2ホモログのmiR172サイトの機能的修飾が必要であることを示唆している。

Breeding Science 63: 255–266 (2013)

水耕栽培条件におけるイネの根長に關係する量的形質遺伝子座 *qRL7* の同定

Huimin Wang^{1,2)}・Xiaoming Xu³⁾・Xiaodeng Zhan²⁾・Rongrong Zhai²⁾・Weiming Wu²⁾・Xihong Shen²⁾・Gaoxing Dai⁴⁾・Liyong Cao²⁾・Shihua Cheng²⁾

¹⁾College of Agronomy, Shenyang Agricultural University, China, ²⁾State Key Laboratory for Rice Biology, China National Rice Research Institute, China, ³⁾Hangzhou Normal University, China, ⁴⁾Guangxi Academy of Agricultural Sciences, China)

根系の発達程度はイネの収量向上に關連する重要な育種目標である。子実生産の改良には栄養分を効率よく吸収できる活力のある根が必要である。本研究では、根が短い維持系統 Xieqingzao B と根が長い稔性回復系統 R9308 との交雑に由来する組換え自殖系統 215 系統を用いて根長に關する QTL 解析を行った結果、根長に關する 1 個の QTL が第 7 染色体に座乗することを明らかにした。*qRL7* と命名した QTL は第 7 染色体上の SSR マーカー座 RM3859 と RM214 の間に位置し、2 年間の結果から 18.14 ~ 18.36% の寄与率を示した。8 系統の BC₃F₃ 組換え自殖系統を用いて *qRL7* のファインマッピングを行い、日本晴ゲノムの

657.35 kb に相当する InDel マーカー座 InDel11 と InDel17 の間に *qRL7* の座乗領域を絞り込んだ。BC₃F₃ 組換え自殖系統における *qRL7* 關連の遺伝子型を決定するために、BC₃F₄ 後代系統の根長を調査した。その結果、*qRL7* はイネの根長の決定に重要な役割を果たしていることを明らかにした。本研究の結果から、イネの根の構造を支配する遺伝的要因についての理解を深めることができるとともに、イネ育種家に対しては深く強く活力のある根系をもつ品種の育成に役立つ情報を提供している。

Breeding Science 63: 267-274 (2013)

ニホンナシの子葉を用いたアグロバクテリウム法による形質転換

中島育子^{1,2)}・佐藤義彦²⁾・齋藤寿広²⁾・森口卓哉^{1,2)}・山本俊哉^{1,2)}

¹⁾筑波大学大学院・生命環境科学研究科, ²⁾農研機構・果樹研究所)

子葉を外植片として用いる方法により形質転換した不定芽とカルスが得られ、ニホンナシの形質転換法を確立した。緑色蛍光タンパク質遺伝子とカナマイシン抵抗性遺伝子を含むベクター pBIN19-sgfp を持つ *Agrobacterium tumefaciens* の LBA4404 株を用いて、5 品種の子葉を共存培養した。形質転換効率を高めるために、組織に物理的損傷を与える超音波処理と植物の防御反応を抑制する EGTA (ethylenedioxybis (ethylamine)-N,N,N',N'-tetraacetic acid) 処理を適用した。アグロバクテリウム感染 2 週間後および 5 ヶ月後の緑色蛍光タンパク質 (GFP) の蛍光を、一過のおよび安定的な形質転換の指標とした。その結果、超音波

処理は一過のと安定的な GFP 蛍光を有意に増加させたが、EGTA 処理の効果は認められなかった。得られた 18 個体の再分化植物体のうち、「安下庄支那梨」から再分化した 1 個体が安定的な GFP 蛍光を示した。PCR とサザンブロット法により形質転換植物体であることが確認された。同様の方法により「今村秋」から得られた他の 3 つの形質転換不定芽は、myb 遺伝子による赤色を示した。複数の形質転換体が得られたことから、本研究の形質転換方法の再現性が示された。

Breeding Science 63: 275-283 (2013)

LAC23/ コシヒカリの染色体断片置換系統を用いた玄米のカドミウム濃度を減らす QTL の検出

安部 匡¹⁾・野々上慈徳^{2,5)}・小野 望²⁾・表野元保³⁾・倉俣正人¹⁾・福岡修一⁴⁾・山本敏央⁴⁾・矢野昌裕⁴⁾・石川 覚¹⁾

¹⁾農業環境技術研究所, ²⁾農林水産先端技術研究所, ³⁾富山県農業技術センター, ⁴⁾農業生物資源研究所, ⁵⁾現: 岩手県農業研究センター)

我々は、玄米のカドミウム濃度を減らす量的形質遺伝子座 (QTLs) を同定し、実用性の高い低カドミウム品種を育成する目的で、コシヒカリの遺伝背景に、低カドミウム品種として報告されている LAC23 の染色体断片を移入した、46 系統からなる新規の染色体断片置換系統群を開発した。親品種と全ゲノムを網羅する 32 の置換系統群を、土壤に含まれる自然由来のカド

ミウム濃度が異なる 2 圃場で栽培した。分散分析 (ANOVA) による QTL 解析の結果、玄米カドミウム濃度に關与する 8 つの染色体領域が見つかり、その中から両土壤で高い *F* 値 (*F* 値は各々 9.19 と 5.60) を持つ主要な QTL (*qLGCd3*) を第 3 染色体の長腕側に見出した。*qLGCd3* における LAC23 型の対立遺伝子は玄米の低カドミウム濃度に關連し、莖葉から玄米へのカドミウム輸

送を制限していると考えられた。ファインマッピングによって、*qIGC3* の領域を 3.5 Mbp まで狭めた。これらの結果、LAC23 の低カドミウム形質は複数の QTL によって制御されているが、

qIGC3 は玄米のカドミウム濃度を減らす最も有望な QTL であることが示された。

Breeding Science 63: 284–291 (2013)

シロバナルーピン (*Lupinus albus* L.) の組換え自殖系統を用いた統合連鎖地図の作成

Cina Ann Vipin¹⁾・David J. Luckett¹⁾・John D.I. Harper^{1,3)}・Gavin J. Ash^{1,3)}・Andrzej Kilian²⁾・Simon R. Ellwood⁴⁾・Huyen T. T. Phan⁴⁾・Harsh Raman¹⁾

¹⁾ Graham Centre for Agricultural Innovation (an alliance between NSW Department of Primary Industries and Charles Sturt University), Wagga Wagga Agricultural Institute, Australia, ²⁾ Diversity Arrays Technology P/L, Australia, ³⁾ School of Agricultural and Wine Sciences, Charles Sturt University, Australia, ⁴⁾ Department of Environment and Agriculture, Curtin University, Australia)

我々は、シロバナルーピンの Diversity Arrays Technology (DArT) マーカーパネルを開発し、Kiev Mutant × P27174 の交配に由来する組換え自殖系統 (F₈ 世代) を用いて統合連鎖地図を作成した。220 個の AFLP (増幅断片長多型) マーカーと 105 個の遺伝子マーカーからなるこれまでの分子連鎖地図へ新たに 136 個の DArT マーカーを統合した。統合連鎖地図は、441 マーカーからなる 38 連鎖群で構成され、全長 2169 cM、マーカー間

の平均距離は 4.6 cM であった。DArT マーカーは、ゲノム全体に分布し、これまでに特定された炭そ病抵抗性、開花期やアルカロイド含量と連鎖した遺伝子マーカーや AFLP マーカーに付随していた。今回作成したシロバナルーピンの連鎖地図は特定の形質のマーカーの開発や将来のシンテニー研究の助けになるだろう。

Breeding Science 63: 292–300 (2013)

イネ紋枯病抵抗性に関する QTL のマッピングと評価

田口 (塩原) 文緒¹⁾・尾崎秀宣^{2,4)}・佐藤宏之^{3,5)}・前田寛明^{2,6)}・小島洋一朗^{2,7)}・蛭谷武志²⁾・矢野昌裕¹⁾

¹⁾ 農業生物資源研究所, ²⁾ 富山県農林水産総合技術センター, ³⁾ 農研機構・作物研究所, ⁴⁾ 現: 富山県農産食品課, ⁵⁾ 現: 農研機構・九州沖縄農業研究センター, ⁶⁾ 現: 富山県高岡農林振興センター, ⁷⁾ 現: 富山県広域普及指導センター)

Rhizoctonia solani による紋枯病は、最も深刻なイネ病害の一つである。主に農業生物資源研究所 (NIAS) コアコレクションに由来するイネ 33 系統を用いた 3 年にわたる圃場試験で、ヒマラヤ山脈由来の在来 3 品種、Jarjan, Nepal 555, および Nepal 8 が紋枯病抵抗性を持つことを見いだした。Jarjan と日本の主要品種コシヒカリとの交配に由来する戻し交雑自殖系統群 (BILs) を QTL 解析に供試した。出穂期が遅い系統群は病斑が出にくいいため、より早く出穂する BILs のみを用いることによって、出穂

期 QTL を誤って抵抗性 QTL として検出してしまうことを避けた。8 個の QTL が検出され、そのうち 3 個が Jarjan アレルで抵抗性が増大した。第 9 染色体上の 1 個の QTL (Nag08KK18184 と Nag08KK18871 の間) のみが 3 年間にわたって検出された。その QTL を持つ染色体断片置換系統群 (CSSLs) は圃場試験で抵抗性を示した。コシヒカリと CSSL1 系統との交配に由来する F₂ 系統群 30 系統も QTL の存在を示唆した。

Breeding Science 63: 301–308 (2013)

日本のコムギ品種における不感光性遺伝子 *Ppd-1a* の分布と出穂期への効果

関 昌子^{1,2,3)}・蝶野真喜子²⁾・西村 努⁴⁾・佐藤三佳子⁵⁾・吉村康弘⁵⁾・松中 仁⁶⁾・藤田雅也⁶⁾・小田俊介²⁾・久保堅司⁷⁾・乙部千雅子²⁾・小島久代²⁾・西田英隆³⁾・加藤鎌司³⁾

¹⁾ 農研機構・中央農業総合研究センター, ²⁾ 農研機構・作物研究所, ³⁾ 岡山大学大学院・環境生命科学研究科, ⁴⁾ 北海道立総合研究機構・中央農業試験場, ⁵⁾ 北海道立総合研究機構・北見農業試験場, ⁶⁾ 農研機構・九州沖縄農業研究センター, ⁷⁾ 農研機構・東北農業研究センター)

日本のコムギ 240 品種と外国から導入した 40 品種の感光性遺伝子 *Ppd-1a* の遺伝子型を PCR 法により決定した。日本品種において不感光性対立遺伝子 *Ppd-1a* を保有していたのは北海道の秋播コムギ 12 品種のみであり、北海道の春播品種および東北

から九州の品種は *Ppd-1a* を保有していなかった。そこで、北海道の秋播品種きたほなみの育成系譜上の品種・系統を供試して解析したところ、不感光性対立遺伝子を保有する品種が感光性品種よりも早く出穂することが確認された。ただし、早生化

の程度は、関東地域では6.9-9.8日、北海道では2.5日と地域により異なった。この原因として、北海道では関東地域に比べて幼穂形成時期の日長が長く、不感光性遺伝子の効果が小さくなるためと推察された。系譜解析により、Purple Strawと東北118号が、北海道品種への*Ppd-A1a*および*Ppd-D1a*の提供親のひとつであることが確認された。近年北海道で育成されたコムギ品種の多くが不感光性遺伝子を保有している。北海道のコムギ育

種における*Ppd-1*の有用性について明らかにするためには、*Ppd-1*の生育特性、収量特性への効果を調査する必要がある。また、*Ppd-A1a*の効果は*Ppd-B1a*や*Ppd-D1a*と比べて小さいことが知られており、東北から九州に至る地域において新規の出穂期調節遺伝子源となり得る可能性がある。

Breeding Science 63: 309-316 (2013)

QTLマッピングとメタ解析によって明らかになったトウモロコシ穀粒の亜鉛と鉄含有量に關与する遺伝領域

Tiantian Jin • Jinfeng Zhou • Jingtang Chen • Liying Zhu • Yongfeng Zhao • Yaqun Huang

(Hebei Branch of Chinese National Maize Improvement Center, Hebei Agricultural University, China)

食品に含まれる微量栄養素、特に亜鉛 (Zn) と鉄 (Fe) の不足による栄養不良が世界的に注目されるようになってきた。育種による食用作物の栄養価の向上は、微量栄養素不足を緩和する有効なアプローチと認識されている。トウモロコシ穀粒の亜鉛と鉄含有量を支配する遺伝メカニズムを解析するために、近交系178とP53との交雑に由来する218F_{2,3}集団を用いたQTL解析を行った。遺伝地図を統合し、メタQTL (MQTL) を検出するために、亜鉛と鉄含有量に関する独立したいくつかのQTL研究結果を用いてメタ解析を行った。その結果、5つの有意な

QTLと10個のメタQTLが検出された。それらの中で、2つのゲノム領域、ピン2.07と2.08が、亜鉛と鉄含有量の遺伝に関して特に大きな重要性を示した。検出された10個のメタQTLの中の8個が亜鉛と鉄含有量の両方に關与していたことから、トウモロコシ穀粒の亜鉛と鉄含有量の間には高い相関関係があることが示唆された。本研究結果は、QTL解析とメタ解析とが、トウモロコシ穀粒への亜鉛と鉄の蓄積に関する遺伝を理解するために効率的な研究手法であることを示した。

Breeding Science 63: 317-324 (2013)

モチトウモロコシとスウィートコーンの交配による雑種集団を用いた食味関連形質のQTL解析

Ki Jin Park^{1,3)} • Kyu Jin Sa²⁾ • Hee-Jong Koh³⁾ • Ju Kyong Lee²⁾

(¹⁾ Maize Experiment Station, Kangwon Agricultural Research and Extension Services, Korea, ²⁾ Department of Applied Plant Sciences, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University, Korea, ³⁾ Department of Plant Science, Plant Genomics and Breeding Institute, Seoul National University, Korea)

モチトウモロコシとスウィートコーンの食味に関するQTLを検出するため、近交系間交配に由来する158個体のF₂集団を用いて解析した。その結果、果皮の厚さ、アミロース含量、グルコース含量およびシュクロース含量に関する10個のQTLを検出した。それらの中で、アミロース含量に関わる2個のQTL (qAMY4, qAMY9)、グルコース含量に関わる1個QTL (qDEX4)、シュクロース含量に関わる1個のQTL (qSUC4) は各形質の主要なQTLである。3個のQTL (qAMY4, qDEX4, qSUC4) は、第4染色体上の近接した2つのSSRマーカー座 (umc1088, bnlgl1265) に挟まれた領域に座乗すること、この2つのSSRマーカーはア

ミロース含量、グルコース含量およびシュクロース含量などの食味関連形質を選抜するためのマーカーとして有用であることが明らかになった。また、SSRマーカー座 phi027とumc1634の間に座乗するアミロース含量に関するQTLは、澱粉粒結合型のアミロース合成酵素をコードしている*Wx1* 遺伝子の可能性がある。本研究により新たに見つかったQTLは、今後のモチトウモロコシ育種において重要な食味関連形質を選抜するためのマーカーとして有用である。

Breeding Science 63: 325-332 (2013)

2つの病原型と接種法によって評価したキイロトウガラシの炭疽病抵抗性の違い

Pitchayapa Mahasuk^{1,2)}・Jittima Chinthaisong^{3,4)}・Orarat Mongkolporn^{1,2,5)}

¹⁾Center for Agricultural Biotechnology, Kasetsart University, Thailand, ²⁾Center of Excellence on Agricultural Biotechnology: (AG-BIO/PERDO-CHE), Thailand, ³⁾Plant Breeding Program, Faculty of Agriculture at Kamphaeng Saen, Kasetsart University, Thailand, ⁴⁾Center for Advanced Studies for Agriculture and Food, Kasetsart University Institute for Advanced Studies, Kasetsart University, Thailand, ⁵⁾Department of Horticulture, Faculty of Agriculture at Kamphaeng Saen, Kasetsart University, Thailand)

Colletotrichum 属菌により引き起こされる炭疽病は、熱帯および亜熱帯地域におけるトウガラシ生産の主要病害である。耐久性のある抵抗性の育種には、異なる病原型に対する抵抗性機構の解明と接種法が必要である。本研究では、2つの異なる病原型、PCa2型とPCa3型と2つの接種法、マイクロインジェクション(MI)法と高圧スプレー(HP)法によって区別される抵抗性の遺伝解析に取り組んだ。キイロトウガラシのPBC80系統に由

来するF₂およびBC₁集団の果実を用いて炭疽病抵抗性を評価した。その結果、炭疽病抵抗性に関与する2つの優性遺伝子を同定した。1つは、MI法で検定した場合、PCa2型およびPCa3型炭疽菌への抵抗性に関与し、もう1つは、HP法で検定した場合、PCa3型炭疽菌への抵抗性に関与していた。2つの遺伝子は連鎖しており、16.7 cMの遺伝的距離に位置していた。

Breeding Science 63: 333–338 (2013)

組換え近交系および準同質遺伝子系統を用いた水稻の高温耐性に関するQTLの検出と検証

小林麻子¹⁾・園田純也²⁾・杉本和彦³⁾・近藤始彦⁴⁾・岩澤紀生^{4,5)}・林 猛¹⁾・富田 桂¹⁾・矢野昌裕³⁾・清水豊弘¹⁾

¹⁾福井県農業試験場, ²⁾鹿児島県農業開発総合センター, ³⁾農業生物資源研究所, ⁴⁾農研機構・作物研究所, ⁵⁾現:茨城県農業総合センター)

水稻の登熟期間の高温による玄米外観品質の低下は日本各地で大きな問題となっており、背白粒の発生は其中でも主要な問題の1つである。著者らは、ハナエチゼン(高温耐性)と新潟早生(高温感受性)の交雑に由来するF₇およびF₈世代のRILを用いてQTL解析を行った。その結果、4つのQTL(*qWB3*, *qWB4*, *qWB6* and *qWB9*)を第3, 4, 6および9染色体に検出した。これらのうち、*qWB6*はハナエチゼンの対立遺伝子が背白を減少させ最大の作用力をもつQTLであった。また*qWB9*は新潟早生の対立遺伝子が背白を減少させるQTLであった。次に、著者らは、新潟早生を遺伝背景としハナエチゼンから*qWB6*領

域または*qWB6*と*qWB9*の両方の領域を導入したNILを作成し、*qWB6*および*qWB9*の作用力を検証した。その結果、*qWB6*におけるハナエチゼンの対立遺伝子は複数の栽培環境下で背白発生率を有意に減少させた。NILと新潟早生の交雑に由来するF₂集団を作成し*qWB6*と*qWB9*の遺伝子型の組み合わせを検討したところ、*qWB6*における対立遺伝子がハナエチゼン型である場合、*qWB9*における新潟早生の対立遺伝子は背白発生率を有意に減少させた。これらの結果は、高温耐性に関する水稻育種におけるマーカー選抜に有用である。

Breeding Science 63: 339–346 (2013)

イネにおけるトビイロウンカ抵抗性遺伝子*Bph14*のPCRベース遺伝子マーカー開発と検証

Lei Zhou¹⁾・Zhijun Chen¹⁾・Xuyong Lang^{1,2)}・Bo Du²⁾・Kai Liu¹⁾・Guocai Yang¹⁾・Gang Hu¹⁾・Sanhe Li¹⁾・Guangcun He²⁾・Aiqing You¹⁾

¹⁾Hubei Key Laboratory of Food Crop Germplasm and Genetic Improvement, Food Crops Institute, Hubei Academy of Agricultural Sciences, China, ²⁾College of Life Sciences, Wuhan University, China)

トビイロウンカ(BPH)は、世界的に最も重大な被害を与えているイネの害虫である。抵抗性品種の利用は、BPHの被害からイネを保護するにあたって最も効果的で環境への影響も少ない方法である。表現形質に影響を与える遺伝子内の塩基配列多

型に基づいて設計した遺伝子マーカーは、マーカー選抜において非常に効率のよいマーカーである。*Bph14*は、これまでイネにおいて害虫抵抗性遺伝子として単離された最初でかつ唯一の遺伝子である。抵抗性遺伝子の感受性アレルと抵抗性アレルに

は、多くの一塩基多型がみられる。本研究において、アレル特異的増幅をする共有性遺伝子マーカー Bph14P/N を設計した。Bph14P/N は、2 個の優性マーカーの組み合わせである。1 個は Bph14N で、*Bph14* のプロモーター領域の 566 ベースを増幅し、もう 1 個は Bph14N で *bph14* のロイシンリッチリピート領域の 345 ベースを増幅する。この遺伝子マーカーの特異性と有効性

は 2 つの育種集団と中国イネミニコアコレクションにおいて検証された。我々は、この容易で安価なマーカーを、育種集団における *Bph14* 遺伝子のジェノタイプングに利用することを推奨する。

Breeding Science 63: 347–352 (2013)

アズキ落葉病レース 1 抵抗性と連鎖した DNA マーカー

鈴木孝子^{1,2)}・吉井孝光¹⁾・藤田正平²⁾・島田尚典³⁾・竹内 徹²⁾・近藤則夫¹⁾

(¹⁾北海道大学大学院・農学研究院植物病理学研究室, ²⁾北海道立総合研究機構・農業研究本部中央農業試験場, ³⁾北海道立総合研究機構・農業研究本部北見農業試験場)

Cadophora gregata f. sp. *adzukicola* (syn. *Phialophora gregata*) を病原とするアズキ落葉病は、アズキ栽培において深刻な土壌病害である。本病害に対する最も効果的な対策は抵抗性品種の作付けであり、抵抗性系統の選抜は育種において重要である。抵抗性系統の選抜は病害汚染圃場を利用して行われてきた。しかし圃場を利用した選抜や、人工接種法は時間と労力がかかる。本研究では、アズキ落葉病抵抗性品種「しゅまり」と感受性品種「斑小粒系-1」の単交配由来の F₃ 系統を供試して抵抗性検定を行い、抵抗性および感受性バルクを作成し、1024 組のプライ

マーによって AFLP 解析を行った。各バルクに特異的な 6 個の増幅断片が得られ、AFLP 断片およびその周辺配列を利用して 5 つの DNA マーカー (Pg77, Pg118, Pg138, Pg139, Pg126) を開発した。E-ACT/M-ACT-118 由来の DNA マーカーである Pg118 はアズキ落葉病抵抗性遺伝子 *Pgal* と強連鎖しており、DNA マーカーを利用した抵抗性系統選抜のために共優性化した。加えて 32 の遺伝資源および品種を利用して、開発した DNA マーカーと落葉病抵抗性の適合性を調査した。

Breeding Science 63: 353–357 (2013)