

接合後生殖隔離の遺伝的機構：イネの遺伝子ネットワーク

久保貴彦

(国立遺伝学研究所・植物遺伝研究室, 総合研究大学院大学・生命科学)

種間交雑後代では、しばしば不稔や弱勢、致死といった発生異常の個体が出現する。このような発生異常は、接合後隔離機構として種分化における重要な役割を担っている。過去約20年間にわたるイネの遺伝学研究は、接合後隔離に関わる多数の遺伝子座を明らかにしてきた。著者自身も、単一の栽培亜種間交雑 (*indica* × *japonica*) を材料として、合計10の関与遺伝子座と3つのエピスタシスを同定している。これらの研究結果は、接合後隔離遺伝子が、様々な分子パスウェイを通じて生殖・発生に機能障害を引き起こすことを示唆している。また最近の分子

的解析から、原因遺伝子は同じ分子パスウェイに関わる機能的関連遺伝子群であり、これらに種特異的な変異が入ることによって雑種不和合性を生じることが示されている。エピスタシスの同定は、タンパク質相互作用や遺伝子機能の発見につながるため、接合後隔離機構を解明する鍵となる。本稿では、接合後隔離に関する最近の知見について、進化的意義や育種の応用などの考察を交えながら紹介する。

Breeding Science 63: 359–366 (2013)

インドとパキスタンにおけるリョクトウ (*Vigna radiata* (L.) Wilczek) のマングビーンイエローモザイクインドウィルス (MYMIV) 抵抗性の量的遺伝子座 (QTL) 検出

Ratanakorn Kitsanachandee¹⁾・Prakit Somta¹⁾・Orawan Chatchawankanphanich²⁾・Khalid P. Akhtar³⁾・Tariq Mahmud Shah³⁾・Ramakrishnan M. Nair⁴⁾・Tejinderjit S. Bains⁵⁾・Asmita Sirari⁵⁾・Livinder Kaur⁵⁾・Peerasak Srinives¹⁾

¹⁾Department of Agronomy, Faculty of Agriculture at Kamphaeng Saen, Kasetsart University, Thailand, ²⁾Plant Genetic Engineering Unit, KU/BIOTEC, Kasetsart University, Kamphaeng Saen, Thailand, ³⁾Plant Protection Division, Nuclear Institute for Agriculture Biology, Pakistan, ⁴⁾AVRDC-The World Vegetable Center, South Asia, International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics Campus, India, ⁵⁾Department of Plant Breeding and Genetics, Punjab Agricultural University, India)

イエローモザイク病はリョクトウ (*Vigna radiata* (L.) Wilczek) における主要病害のひとつである。本研究において、我々はリョクトウのマングビーンイエローモザイクインドウィルス (MYMIV) 抵抗性に関する量的形質遺伝子座 (QTL) の結果について報告する。リョクトウの NM10-12-1 (MYMIV 抵抗性系統) と KPS2 (MYMIV 感受性品種) の交雑に由来する組換え自殖系統 (RIL) F₈ 世代がタイにおいて作成された。122の組換え自殖系統と両親系統がインドとパキスタンの MYMIV 感染検定圃場において評価された。組換え自殖系統の連鎖地図は SSR マーカーを用いて作成された。Composite interval mapping 法に

よって、合計5個の MYMIV 抵抗性 QTLs: インドで3個の QTLs (*qYMIV1*, *qYMIV2* and *qYMIV3*) とパキスタンで2個の QTLs (*qYMIV4* and *qYMIV5*) を検出した。*qYMIV1*, *qYMIV2*, *qYMIV3*, *qYMIV4* and *qYMIV5* は、それぞれ病気に対する反応に見られた変異の 9.33%, 10.61%, 12.55%, 21.93% and 6.24% を説明していた。*qYMIV1* と *qYMIV4* とは同一の遺伝子座であると思われ、異なるリョクトウ抵抗性品種を用いてインドで同定されていた主要 MYMIV 抵抗性 QTL と共通であった。

Breeding Science 63: 367–373 (2013)

パンコムギのネパールおよび日本在来系統における早生性に対する2つの*Ppd-1*同祖遺伝子の異なる貢献

Nguyen T. Anh¹⁾・Iehisa C.M. Julio¹⁾・水野信之²⁾・新田みゆき²⁾・那須田周平²⁾・宅見薫雄¹⁾

(¹⁾神戸大学大学院・農学研究科, ²⁾京都大学大学院・農学研究科)

パンコムギ在来系統は出穂期や開花期について幅広い遺伝的変異を有している。今回、我々はネパールの在来2系統(KU-4770, KU-180)と日本品種シロガネコムギ(SGK)の開花関連形質について研究を行った。これらの3系統を圃場で栽培したところ、同様に早生性を示した。SGKとKU-4770の間のF₂集団の解析により、3つの開花関連形質、出穂期、開花期、収穫期について全部で5つの量的形質遺伝子座(QTL)が見出された。これらのQTLは2B染色体と2D染色体の*Ppd-1*座の領域に見出され、2B染色体のQTLはSGKとKU-180のF₂集団でも確認された。この結果から、*Ppd-D1*座のSGKアリルと*Ppd-B1*座のネパール在来2系統のアリルが早生の表現型に寄与してい

ると考えられた。SGKの*Ppd-D1*アリルは5'上流領域に約2kbの欠失を有しており、これは日長非感受性アリル*Ppd-D1a*であると考えられた。また、リアルタイムPCR分析により*Ppd-B1*遺伝子のコピー数を推定したところ、ネパール在来2系統では*Ppd-B1*遺伝子の完全なコピーを2つ有していることが分かり、このことが日長非感受性と早生性の原因であると示唆された。この2つの*Ppd-1*同祖遺伝子の日長非感受性アリルは2つのF₂集団で早生個体の分離に独立に寄与していると考えられた。このように、在来品種はコムギの出穂期や開花期の改良に有用なアリルを見出すための有効な遺伝資源である。

Breeding Science 63: 374–383 (2013)

黄ダイズおよびその種皮着色突然変異体におけるカルコンシンターゼ偽遺伝子の逆位反復配列に関する比較解析

千田峰生¹⁾・西村さつき¹⁾・葛西厚史¹⁾・湯本節三²⁾・高田吉丈³⁾・田中義則⁴⁾・大西志全⁵⁾・黒田智久⁶⁾

(¹⁾弘前大学・農学生命科学部, ²⁾東北農業研究センター, ³⁾近畿中国四国農業研究センター, ⁴⁾道総研十勝農業試験場, ⁵⁾道総研北見農業試験場, ⁶⁾新潟県農業総合研究所)

ダイズにおいて、*I*遺伝子は種皮全体の着色を抑制し、結果として黄色い種子が作り出される。この種皮着色の抑制はカルコンシンターゼ遺伝子の自然RNAサイレンシング(*CHS*サイレンシング)によると考えられている。収穫した黄ダイズ種子にほんのわずかな割合ではあるが全面着色種子が発見される。これらの種皮着色突然変異体(*scp*変異体)は、*I*遺伝子の自発的な劣性突然変異により黄ダイズから生じる。*I*遺伝子の候補である*GmIRCHS*はカルコンシンターゼ偽遺伝子(*pseudoCHS3*)の完全な逆位反復配列(IR)を含んでいるため、*GmIRCHS*転写産物は*CHS*サイレンシングを誘導する可能性のある*CHS*二本鎖

RNAを形成する。また、*GmIRCHS*の680bp下流には*CHS*遺伝子の1つである*ICHS1*が存在する。本論文では、様々な由来の*scp*変異体において、*GmIRCHS-ICHS1*クラスター領域を比較した。これらの変異体では、クラスター領域内に構造変異が起きた結果、*GmIRCHS*の完全な欠失もしくは少なくとも*GmIRCHS*の一部分である*pseudoCHS3*領域の欠失が起きていた。この結果は*pseudoCHS3*のIRが*CHS*サイレンシングを誘導するのに十分であるという考えと一致するとともに、*GmIRCHS*が*I*遺伝子であるということをも更に支持する。

Breeding Science 63: 384–392 (2013)

ホップにおける人為倍数性の誘導が形態および化学特性に与える影響

Anna Trojak-Goluch・Urszula Skomra

(Department of Plant Breeding and Biotechnology, Institute of Soil Science and Plant Cultivation, State Research Institute, Poland)

ホップ‘Sybilla’品種の茎頂をコルヒチン処理することによって倍数体を作出した。フローサイトメトリーによる解析は、ほとんどの処理が4倍体を作出していたことを明らかにした。茎頂を0.05%コルヒチンで48時間処理した場合に最も多くの4倍体が得られた。2倍体と4倍体を比較するための圃場試験が行

われ、ゲノムの倍数化が形態および化学特性に与える影響を評価した。4倍体は2倍体と比較して有意な違いを示した。4倍体はより細く短い茎を持っていた。染色体倍加の影響は、葉の長さ、幅および面積にもおよんでいた。4倍体における雌花の長さは2倍体に比べて有意に短かった。ゲノム倍数化の最も顕著

な効果は毬花ととげにおける有意な重量増加であった。ホップの毬花の主要な化学成分含量は倍数化によってほとんど影響を受けなかった。しかし、醸造産業において求められるオイルで

あるフムレン、カリオフィレン、ファルネセンの含有割合には有意な増加があった。

Breeding Science 63: 393–399 (2013)

リンドウ (*Gentiana* spp.) の未受精胚珠培養による効率的な半数体および倍加半数体の作出

土井寿子¹⁾・星 伸枝²⁾・山田恵理³⁾・横井修司¹⁾・西原昌宏³⁾・日影孝志⁴⁾・高畑義人¹⁾

(¹⁾岩手大学・農学部, ²⁾岩手県農業研究センター, ³⁾岩手生物工学研究センター, ⁴⁾八幡平市花き研究開発センター)

リンドウ (*Gentiana* spp.) の未受精胚珠培養における安定した植物体再生に影響を与える要因について調査した。蕾の低温処理 (4°C) により、胚様体 (ELS) 形成が高まるとともに、胚様体形成能力も保持された。2つの異なる研究室で43の遺伝子型を調査した結果、40遺伝子型は1蕾あたり0.01～26.5個の胚様体を形成したが、3遺伝子型では胚様体を得ることはできなかった。1蕾あたりの胚様体形成数と反応した蕾の頻度との間には有意な相関 ($r=0.64$) が観察された。2つの研究室で共通の材料として用いられた *G. triflora* の8遺伝子型は、両研究室で胚様体を形成した。合計1,515個体の再生植物体の倍数性を調査

したところ、それら植物の大半が半数体 (57.9%) と二倍体 (34.4%) であることが明らかとなった。しかし、半数体と二倍体の頻度は *G. triflora* と *G. scabra* で異なり、*G. triflora* は *G. scabra* より半数体の頻度が高かった。染色体倍加のため半数体にオリザリン処理した結果、二倍体と四倍体が得られた。これらの結果は、リンドウの未受精胚珠培養の技術が半数体および倍加半数体を得るための強力なツールであることを、その再現性と汎用性、さらに広範囲の遺伝子型へ適用できることから立証している。

Breeding Science 63: 400–406 (2013)

近縁野生種オオハマニンク (*Leymus racemosus*) の染色体添加によるコムギのアルミニウム耐性の増強

Yasir Serag Alnor Mohammed・Amin Elsadig Eltayeb・辻本 壽

(鳥取大学・乾燥地研究センター)

酸性土壌においてアルミニウム障害はコムギ生産の限定要因である。土壌 pH を上昇させるため石灰の施用が広く行われているが、それにはコストがかかる。従来育種、遺伝子組換えおよび野生近縁種の遺伝子導入によって耐性品種が育成できると考えられる。私達はコムギのアルミニウム耐性を改善させる新規遺伝資源を同定するために30の異種染色体添加コムギ系統を用いた。これらの系統とコムギの遺伝的背景である Chinese Spring を様々なアルミニウム濃度の培養液で水耕栽培し、アルミニウム耐性を評価した。さらにアルミニウムの取り込み、酸化スト

レスおよび細胞膜透過性を調査した。オオハマニンクの A および E 染色体は相対的な根の成長に関し有意にアルミニウム耐性を示した。試験した中で最も高いアルミニウム濃度 (200 μM) の時、系統 E は最大の耐性を示した。耐性系統において添加した染色体がアルミニウムの取り込みに影響しなかったことから、E 染色体による耐性の増強は細胞膜透過性によるものである。これら2系統を用いた染色体工学によってアルミニウム耐性のコムギ品種が育種できると考えられる。

Breeding Science 63: 407–416 (2013)

ダイズ品種「Wilis」由来のダイズわい化ウイルス抵抗性主要遺伝子 *Rsdv1* のファインマッピング

山下陽子¹⁾・竹内 徹¹⁾・大西志全²⁾・佐々木純²⁾・田澤暁子³⁾

(¹⁾北海道立総合研究機構・中央農業試験場, ²⁾北海道立総合研究機構・北見農業試験場, ³⁾北海道立総合研究機構・十勝農業試験場)

ルテオウイルス属のダイズわい化ウイルス (SbDV) は、ダイズ (*Glycine max*) にわい化、葉の黄化および不稔をもたらし、

北日本のダイズ生産における深刻な問題となっている。インドネシア原産のダイズ品種「Wilis」は SbDV に対して抵抗性を示

し、その抵抗性は日本品種に導入可能であること、また SbDV 抵抗性の主要 QTL が第 5 染色体の SSR マーカー Sat_217 と Satt211 の間に検出されたことが報告されている。本研究では、この QTL を *Rsdv1* と名付け、Sat_217 および Satt211 マーカーを用いて *Rsdv1* を保有する準同質遺伝子系統 (*Rsdv1*-NILs) を育成した。*Rsdv1*-NILs は屋内接種試験および圃場試験で SbDV に抵抗性を示したことから、SbDV 抵抗性には *Rsdv1* が必要かつ十分であることが示された。我々は *Rsdv1* についてさらにマッ

ピングを行い、候補領域を DNA マーカー Sat_11 と Sct_13 の間 44 kb に絞り込んだ。この領域には 6 遺伝子が予測され、そのどれもが植物の既知のウイルス抵抗性遺伝子とは関連がない。以上の結果から、*Rsdv1* は日本のダイズ育種事業において有用な抵抗性リソースであることと、新規の抵抗性機作をもつことが示唆された。

Breeding Science 63: 417–422 (2013)

合成 6 倍性パンコムギ系統の D ゲノムにおける穀粒の大きさと形を制御する量的形質遺伝子座の同定

岡本裕樹・Nguyen T. Anh・吉岡資洋・Iehisa C.M. Julio・宅見薫雄

(神戸大学大学院・農学研究科)

合成 6 倍性パンコムギは、タルホコムギからパンコムギに農業上重要な遺伝子に移すために効果的な遺伝資源とされている。タルホコムギには、パンコムギ育種の主要な標的の 1 つである穀粒の大きさと形に幅広い変異が認められてきた。6 倍性の遺伝的背景下でコムギの D ゲノムにおける穀粒の大きさと形の変異に対応した量的形質遺伝子座 (QTL) を同定するために、*SmartGrain* というデジタルイメージソフトウェアを用いて穀粒の大きさと形の 6 つのパラメータを計測し、合成パンコムギの 4 つの F₂ 集団を用いて QTL 解析を行った。この 6 つのパラメー

タに対して合計 18 の QTL を 7 つの D ゲノム染色体のうちの 5 つに見出した。同定した QTL はいずれも合成パンコムギ系統の穀粒の大きさと形の変異に有意に寄与しており、この D ゲノム上の QTL は少なくとも部分的に 6 倍性コムギにおいて機能的であると考えられた。すなわち、タルホコムギ由来の多様な D ゲノムを有した合成パンコムギ系統は、パンコムギで機能する農業上重要な遺伝子座を見出すための有効な遺伝資源である。

Breeding Science 63: 423–429 (2013)

bex-db: オオムギ発現遺伝子の網羅的解析のためのバイオインフォマティクスワークベンチ

田中 剛¹⁾・坂井寛章¹⁾・藤井信之²⁾・小林史典¹⁾・中村信吾³⁾・伊藤 剛¹⁾・松本 隆¹⁾・呉 健忠¹⁾

(¹⁾農業生物資源研究所・農業生物先端ゲノム研究センター、²⁾日立公共システムエンジニアリング株式会社・ソリューション開発部、³⁾作物研究所・麦研究領域)

オオムギ (*Hordeum vulgare*) は世界で最も重要な穀物の一つである。巨大で複雑なゲノム構造が、長らくオオムギのゲノム研究を妨げていたが、2012 年にはオオムギのゲノム配列が公開された。更に、現在、3 万以上のオオムギ完全長 cDNA が一般に利用可能である。本論文では、オオムギ遺伝子の配列と発現情報を含む転写産物情報を提供するオオムギ発現データベース (bex-db: <http://barleyflc.dna.affrc.go.jp/hvdb/index.html>) について報告する。完全長 cDNA に加えて、bex-db は 309,000 本以上の新規 EST 配列とマイクロアレイ解析に基づく遺伝子発現プロファイル情報を保持している。利用者はキーワード、配列

相同性、遺伝子発現プロファイル検索によってデータを閲覧することができる。オオムギ完全長 cDNA に加えて、パンコムギ (*Triticum aestivum*) の転写産物やタルホコムギ (*Aegilops tauschii*) の遺伝子構造をオオムギゲノム上にマッピングし、ゲノムブラウザを構築することで、遺伝子構造の可視化やムギ類におけるオルソログ遺伝子の比較解析を容易にしている。bex-db は、ゲノム研究や、穀類の改良に向けたゲノム基盤のツール開発に有用なリソースを提供する。

Breeding Science 63: 430–434 (2013)

トランスポゾンの脱離により復帰したカーネーションの花色に関わるグルタチオン-S-トランスフェラーゼ様遺伝子

百瀬眞幸¹⁾・伊藤佳央²⁾・梅基直行¹⁾・中山真義³⁾・小関良宏²⁾

(¹⁾キリン(株)・基盤技術研究所, ²⁾東京農工大学工学研究院・生命機能科学部門, ³⁾農研機構・花き研究所)

カーネーションのグルタチオン-S-トランスフェラーゼ様遺伝子 *DcGSTF2* が花色の濃淡に関わり、ナンセンス変異を持つ *DcGSTF2mu* とトランスポゾン *dTacl1* が挿入した *DcGSTF2-dTacl1* の2つの機能しない遺伝子が明らかとなっている。本研究では、*dTacl1* には転移活性があり、これが脱離することにより *DcGSTF2* 遺伝子が復帰することを示した。淡ピンク花色の品種 Daisy は機能しない2種の遺伝子を持ち、Daisy から偶発的に得られた濃花色の変異体 Daisy-VPR では、*DcGSTF2-dTacl1* から *dTacl1* が消失していた。*dTacl1* の脱離により復帰した *DcGSTF2rev1* が生じ、濃色への花色変化が示された。次に、淡花色の系統 06-LA と濃花色の品種 Spectrum の交雑後代について *DcGSTF2*

遺伝子の分離を解析した。濃色の後代のみが Spectrum 由来の機能する *DcGSTF2rev2* を持ち、淡色の後代では両親由来の機能のない *DcGSTF2mu* と *DcGSTF2-dTacl1* を有していたことから、*DcGSTF2rev2* が機能する遺伝子であることが示された。*DcGSTF2rev2* には *dTacl1* が挿入していた場所にフットプリント配列が存在することから、*dTacl1* の脱離により生じたと考えられた。さらに、6品種の *DcGSTF2* 遺伝子を調査したところ、*DcGSTF2rev1* および *DcGSTF2rev2* はカーネーションの育種に利用され、後者は半世紀以上にわたる利用が明らかとなった。

Breeding Science 63: 435–440 (2013)