

アソシエーションマッピングによるツルマメ (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.) の収量形質と関連する SSR マーカーの取得

Zhenbin Hu^{1,2)} • Dan Zhang^{1,3)} • Guozheng Zhang¹⁾ • Guizhen Kan¹⁾ • Delin Hong¹⁾ • Deyue Yu¹⁾

(¹⁾ National Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, National Center for Soybean Improvement, Nanjing Agricultural University, China, (²⁾ Henan Center of Crop Design, Henan Academy of Agricultural Science, China, (³⁾ Department of Agronomy, Henan Agricultural University, China)

ダイズの祖先野生種であるツルマメは、品種育成における重要な遺伝子の供給源である。収量性に関与する遺伝子座を探索するために、113 系統のツルマメについて 5 種類の収量関連形質と 85 個の SSR マーカーの遺伝子型を調査した。85 個の SSR マーカー遺伝子座には 892 種類の対立遺伝子型が存在した。各遺伝子座の平均の対立遺伝子数は 10.49、PIC 値 (多型情報量) は 0.07 ~ 0.93、平均値は 0.73 であった。また、各マーカー遺伝子座の多様性は 0.07 ~ 0.92、平均値は 0.75 であった。18 個の

SSR マーカーが 5 種類の収量形質と関連を示した。なかでも 2 個の SSR マーカー、Sct_010 と Satt316 は個体あたり収量と強い関連を示し、2ヶ所の栽培地における 2 カ年の結果において安定した結果を示した。私たちの研究は、アソシエーションマッピングがツルマメの QTL を同定するのに有効な手法であることを示した。

Breeding Science 63: 441–449 (2014)

オオハマニンク 染色体添加コムギ系統の高温適応と耐性への影響

Yasir Serag Alnor Mohammed¹⁾ • Izzat Sidahmed Ali Tahir²⁾ • Nasrein Mohamed Kamal³⁾ • Amin Elsadig Eltayeb¹⁾ • Abdelbagi Mukhtar Ali^{3,4)} • 辻本 壽¹⁾

(¹⁾ 鳥取大学・乾燥地研究センター, (²⁾ Wheat Research Program, Agricultural Research Corporation, Sudan, (³⁾ Biotechnology and Biosafety Research Center, Agricultural Research Corporation, Sudan, (⁴⁾ 国際原子力機構)

コムギ (*Triticum aestivum* L.) の高温適応性は近縁野生種からの異種遺伝子の導入によって改良することができると考えられる。そのため私達はオオハマニンクの染色体を導入したコムギ系統の高温耐性を評価した。異種染色体保有系統と親系統である Chinese Spring の幼苗をグロースチャンパー内で、生殖成長期の植物をスーダンの 2 つの高温ストレス条件下で評価した。生殖成長期では高温ストレスを確実にするために、適性播種および遅延播種を行った。その結果、オオハマニンク染色体にはコムギの高温耐性を高めるものがあることが明らかとなった。

3 系統は適応力を高め、2 系統は高い高温耐性を示した。2 つの添加系統は穂あたり粒数を増加させ、1 系統は高い生産力を示した。穀粒収量は、高温感受性指数、出穂および成熟日数と負に相関しており、穂あたり粒数および塩化トリフェニル・テトラゾリウム分析と正に相関した。その結果から、これらの遺伝材料はオオハマニンクの有用形質をより優れたコムギの遺伝的背景に導入して、高温環境でのコムギ収量を最大にするために使えることが明らかになった。

Breeding Science 63: 450–460 (2014)

糖質米 (*sugary-1*) の新たな選抜法の開発と外観品質の向上

濱田茂樹^{1,2)} • 鈴木啓太郎¹⁾ • 鈴木保宏¹⁾

(¹⁾ 農研機構・作物研究所, (²⁾ 現: 弘前大学・農学生命科学部)

糖質米 (イネ澱粉突然変異体: *sugary-1*) の玄米は、胚乳内部に澱粉ではなくフィトグリコーゲンを蓄積するため扁平となる。この扁平した外観は糖質米を選抜するための唯一のマーカーであるため、玄米の外観品質を改良すると糖質米の選抜が困難になる。本研究では、外観に頼らない新たな選抜法を開発することで、玄米品質の向上した糖質米を選抜することに成功した。

糖質米の胚乳中にはフィトグリコーゲンだけではなく遊離グルコースも多く蓄積し、両者の間には正の相関が認められた。糖質米系統 (北陸糖 237 号) とコシヒカリを交配して得られた F₂ 集団においても、フィトグリコーゲン含量と遊離グルコース含量の間には有意な相関がみられた。このように、遊離グルコース含量を指標として、F₂ 集団から玄米の外観品質の良い糖質米

後代を選抜することができた。その F₄ 選抜後代は、適度なフィトグリコーゲン含量と発芽性を示した。また、Native-PAGE による解析から、選抜系統では糖質米親系統と同等にイソアミラーゼ活性は極めて低かったが、類似的作用を示すプルナーゼ活

性は北陸糖 237 号に比較して上昇したことが示された。本研究により開発された新たな選抜法を用いて、今後、扁平でない糖質米系統を効率的に選抜できる。

Breeding Science 63: 461–467 (2014)

栽培イネ品種コシヒカリ (*O. sativa*) の染色体背景に近縁野生種 *O. rufipogon* の染色体断片を導入した染色体断片置換系統群の作出と評価

古田智敬¹⁾・上原奏子¹⁾・Rosalyn B. Angeles-Shim¹⁾・Junghyun Shim¹⁾・芦荊基行¹⁾・高師知紀²⁾

(¹⁾名古屋大学・生物機能開発利用研究センター, (²⁾株式会社ステイグリーン)

栽培イネ *O. sativa* の近縁野生種は、世界の様々な環境に適応進化してきており、有用な遺伝資源といえる。近縁野生種 *O. rufipogon* は、進化や栽培化の過程で栽培種が失った遺伝子を保持している可能性が考えられ、それらを利用して現行の栽培イネの改良が行えると期待される。そこで、*O. sativa* cv. コシヒカリの染色体背景に野生イネ *O. rufipogon* (W0106) の染色体断片を持つ染色体断片置換系統群 (CSSLs) を作出し、様々な農業

形質について評価を行った。*O. rufipogon* 染色体の 90% 以上をコシヒカリ染色体背景に導入することに成功し、合計 99 個の QTL を同定した。そのうち 15 個の QTL が形質値を大きく変化させる効果を持っていた。中でも、10 番染色体に座上する一穂粒数 QTL は、効果の大きな新規 QTL であることと考えられた。

Breeding Science 63: 468–475 (2014)

Oryza sativa と *O. glaberrima* との間の 3 個の新しい種間雑種不稔遺伝子座のマッピング

Peng Xu¹⁾・Jiawu Zhou¹⁾・Jing Li¹⁾・Fengyi Hu¹⁾・Xianneng Deng¹⁾・Sufeng Feng²⁾・Guangyun Ren²⁾・Zhi Zhang²⁾・Wei Deng¹⁾・Dayun Tao¹⁾

(¹⁾Food Crops Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences (YAAS), China, (²⁾Yunnan Agricultural University, China)

雑種不稔は、*Oryza sativa* と *O. glaberrima* との間の有用形質の導入を妨げる形質である。これら 2 種の種間雑種不稔の実態をより深く理解するために、59 系統の *O. glaberrima* を種子親として *O. sativa* のジャポニカ品種 'Dianjingyou' を花粉親としての交雑を行った。'Dianjingyou' による連続戻し交雑の後、135 個体の不稔を示す BC₆F₁ 植物を選抜し、遺伝子型の解析から雑種不稔に関与する QTL を推定した。検出した QTL 領域のマーカーがヘテロ接合になっている BC₆F₁ 個体群から BC₇F₁ 集団を作成し、

QTL の確認を行った。その結果、第一染色体上に配偶子排除にかかわる遺伝子座 1 個、染色体 4 と 12 上に花粉不稔にかかわる遺伝子座 2 個が確認され、これまでに報告されていた座とは異なる座であったため、それぞれ S37(t), S38(t) and S39(t) と命名した。これらの結果は、種間雑種不稔の理解、関与する遺伝子の単離、遺伝子導入によるイネ育種法の改良にとって有用である。

Breeding Science 63: 476–482 (2014)

イネ開花期耐冷性 QTL の集積効果

品田博史^{1,2)}・岩田夏子³⁾・佐藤 毅¹⁾・藤野賢治⁴⁾

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

開花・受精がおこる開花期は、特に低温ストレスに敏感なステージの一つであり、開花期耐冷性 (CTF) 強化は寒冷地イネ育種において重要な育種目標となっている。CTF は、量的遺伝形質であるため、マーカー選抜による QTL の集積が CTF の改

良にとって効果的である。著者らは、これまでに開花期耐冷性が極強の「永系 88223」と極弱の「慧星」の交雑後代を用いた QTL 解析により、第 7 (*qCTF7*), 8 (*qCTF8*), および 12 染色体 (*qCTF12*) に計 3 カ所の QTL 領域を見いだしている。本研究で

は、これら3つのQTLs間における開花期耐冷性に対する集積効果の確認を行った。

「永系 88223」×「彗星」のF₂ 1754 個体より、各QTL近傍のSSR マーカーを用いて、各QTLを「永系 88223」型もしくは「彗星」型ホモで保持すると推定される152 個体を選抜し、開花期耐冷性検定を行った。遺伝子型に基づいて8 グループに分類し、グループ毎の耐冷性レベルを比較したところ、*qCTF7* と *qCTF12*、および *qCTF8* と *qCTF12* の2 因子を保持するグループ

で明瞭な耐冷性レベルの増加が確認された。さらに、著者らは、開花期耐冷性が異なる北海道由来の17 品種についてQTL 領域のハプロタイプパターンを比較した。本研究の試験結果は、イネ育種における開花期耐冷性のマーカー選抜に有益な情報になるとともに新規開花期耐冷性QTLを保持すると予想される遺伝資源の推定に役立つ。

Breeding Science 63: 483–488 (2014)

分光測色計を用いた炊飯米および餅の白さの客観的測定法

後藤 元^{1,2)}・浅野目謙之³⁾・鈴木啓太郎⁴⁾・佐野智義⁵⁾・齋藤 寛¹⁾・阿部洋平¹⁾・中場 勝¹⁾・西尾 剛²⁾

(¹⁾山形県農業総合研究センター・水田農業試験場, ²⁾東北大学大学院・農学研究科, ³⁾山形県農業総合研究センター, ⁴⁾農研機構・作物研究所, ⁵⁾山形県庄内総合支庁)

分光測色計のwhiteness index (WI) を用いて炊飯米および餅の白さを評価した。また、味度メーターで味度を測定するために煮た米を用いることで、炊飯することなく炊飯米の白さを推定することが可能であった。炊飯米の品種間差を分析したところ、「つや姫」「コシヒカリ」「越のかおり」は白さが優り、「里のゆき」は白さが劣った。「こゆきもち」「でわのもち」で搗いた餅は、「ヒメノモチ」「こがねもち」の餅と比較して白かった。

食味官能試験の白さの項目とWIの間には有意な相関($r=0.84$)があり、食味官能試験の白さの項目と味度との間には有意な相関がなかったことから、分光測色計は味度メーターとは異なった値を測っていると考えられ、分光測色計は新たな食味測定機器となる可能性が示された。

Breeding Science 63: 489–494 (2014)

B. oleracea と *B. rapa* の種間交雑による高収量・早期開花性 *Brassica napus* の育成

Md. Masud Karim^{1,2)}・Asfakun Siddika²⁾・Nazmoon Naher Tonu^{1,4)}・Delwar M. Hossain³⁾・Md. Bahadur Meah³⁾・

川邊隆大¹⁾・藤本 龍^{1,5)}・岡崎桂一¹⁾

(¹⁾新潟大学・自然科学研究科, ²⁾Oilseed Research Centre, Bangladesh Agricultural Research Institute, Bangladesh, ³⁾Department of Plant Pathology, Bangladesh Agricultural University, Bangladesh, ⁴⁾Department of Plant Pathology, Sher-e-Bangla Agricultural University, Bangladesh, ⁵⁾現: 神戸大学大学院・農学研究科)

セイヨウナタネ (*Brassica napus*) は、世界の多くの地域で主要な油糧作物である。セイヨウナタネは日長が長日条件の地域での栽培には適しているが、短日条件の亜熱帯地域には適していない。短日条件で早期開花するセイヨウナタネを育成するため、*B. oleracea* と *B. rapa* の正逆種間交雑後、子房培養によって、合成ナプスが育成された。5つの異なる交雑組合せから、正逆の両方の交雑方向で、17 個体の雑種が育成できた。F₁ を自殖した後代で合成ナプス F₃ (RSF3) が作出され、F₁ に早期開花性セイヨウナタネ品種を交雑した後代でセミ合成ナプス F₂ (SRSF2) が育成された。バングラデシュでの栽培試験では、合成ナプス (RSF3) の播種後開花まで日数は29 ~ 73 日の範囲であった。こ

の日数は、バングラデシュで栽培される早期開花性のセイヨウナタネ品種に匹敵したが、アブラナ (*B. rapa*) 在来品種より長かった。RSF3 および SRSF2 世代の育成系統の収量は、バングラデシュのセイヨウナタネ対照品種と比べ2 ~ 4.6 倍、1.6 ~ 3.7 倍高かった。本研究で育成した系統は、亜熱帯地域だけでなく、春播きナタネ生産で晩春の遅霜の発生する地域 (カナダ、ヨーロッパの北部) において、早期開花性ナタネの育種材料として有用であると思われる。合成セイヨウナタネの収量性や早期開花性に関して議論した。

Breeding Science 63: 495–502 (2014)