

アブラナ科作物の比較ゲノム

Ashutosh Sharma¹⁾・Xiaonan Li²⁾・Yong Pyo Lim²⁾

(¹⁾東北大学大学院・農学研究科, ²⁾Molecular Genetics and Genomics Laboratory, Department of Horticulture, Chungnam National University, Republic of Korea)

アブラナ科は植物界の中の主要なグループの一つで、経済的にも、農業上も、またモデル植物のシロイヌナズナを含むことから科学的にも重要な多様な種を含んでいる。シロイヌナズナゲノムの塩基配列決定は、植物学の分野の知見に革新をもたらした。ゲノム学や比較生物学の基礎を築いた。Brassica の多様性分析や連鎖地図構築、農業形質解析にゲノム資源が利用された。アブラナ科では、種を超えた塩基配列比較分析がゲノム構造や

進化を理解するためや保存されたゲノム断片の検出に利用されてきた。本総説では、Brassica とその近縁種における遺伝資源の開発、ゲノム塩基配列の決定、比較連鎖地図の構築に焦点を当てる。Brassica 属作物の育種におけるゲノム資源の利用や次世代シーケンサーの利用についても論じた。

Breeding Science 64: 3–13 (2014)

アブラナ科作物における種属間交雑と染色体操作

金子幸雄・房 相佑

(宇都宮大学・農学部植物育種学研究室)

アブラナ科作物の品種改良において、近縁野生種は新たな農業的有用形質を導入するための育成素材として、また病害虫や環境ストレスに対する耐性などを有しているため、アブラナ科作物の育種の遺伝資源として重要である。これらの遺伝資源を用いた育種を行うには、種属間交雑による雑種植物の育成と維持、および戻し交雑による後代の育成が必須条件である。本稿では、アブラナ科作物と近縁野生種間で、現在までに行われてきた種属間交雑における受精前の交雑障害の特性解明並びに受

精後の雑種胚の発達特性とそれに伴う胚救済方法を考察するとともに、胚救済による F₁ 雑種植物の育成、合成複二倍体系統の育成と維持、戻し交雑後代植物としての異種一染色体添加型系統、異種細胞質系統、異種遺伝子導入系統、および異種一染色体置換系統の育成と利用の現状、有用形質の染色体および遺伝子レベルでの解析、さらに今後のアブラナ科作物の品種改良におけるアプローチなどについて概説した。

Breeding Science 64: 14–22 (2014)

アブラナ科作物の自家不和合性—種間不和合性研究への教訓

北柴大泰¹⁾・June B. Nasrallah²⁾

(¹⁾東北大学大学院・農学研究科, ²⁾Department of Plant Biology, Cornell University, USA)

多くのアブラナ科 (Brassicaceae) 作物や野生種は、柱頭上で自己の花粉を認識し自殖を回避する自家不和合性を持つ。アブラナ科の自家不和合性は単一の S 複対立遺伝子座によって制御され、この遺伝子座には柱頭側の認識タンパク質をコードする S 遺伝子座レセプターキナーゼ遺伝子 (SRK) と花粉表面のシステインに富んだ低分子タンパク質をコードするリガンド遺伝子 (SCR/SP11) が座乗している。同一 S 遺伝子座にコードされる SRK のレセプターとリガンドの間の物理的な相互作用が SRK を活性化し、その後シグナル伝達系を介して自己の花粉を拒絶する。Brassica 種から多くの S ハプロタイプの塩基配列情報が得られるにつれ、S ハプロタイプ間の優劣性や S 遺伝子座の構造

比較、S 遺伝子型の同定法の開発などの研究が進んだ。さらに、分子遺伝学的なアプローチによりシグナル伝達経路に関わる要因についての研究も進められた。異種由来の花粉を柱頭上で拒絶するアブラナ科の種間不和合性については良く理解されていなかったが、一般的な遺伝解析や量的形質遺伝子座 (QTL) の解析により遺伝子の同定が試みられている。本総説では、最近の自家不和合性、種間不和合性の研究を紹介し、自家不和合性と種間不和合性に共通するシグナル伝達経路に関するモデルの提唱を試みた。

Breeding Science 64: 23–37 (2014)

アブラナ科作物における細胞質雄性不稔

山岸 博¹⁾・Shripad Ramachandra Bhat²⁾

(¹⁾京都産業大学・総合生命科学部, (²⁾National Research Centre of Plant Biotechnology, India)

アブラナ科作物は顕著な雑種強勢を発揮するため、古くから F₁ 育種が盛んに行われている。F₁ 育種における最も効率的で安定的な F₁ 種子採種法は、細胞質雄性不稔を用いるものであり、アブラナ科の油料作物、野菜において様々な細胞質雄性不稔が開発され、育種に利用されている。細胞質雄性不稔はミトコンドリアゲノム中の遺伝子によりコードされ、雄性不稔の表現型は雄性不稔遺伝子と核の稔性回復遺伝子との相互作用の結果として発現する。このため、細胞質雄性不稔は、植物育種における実際的な利用に関する研究のみならず、核ゲノムとミトコンドリアゲノムの相互作用の分子生物学的機構を解明する対象として広く研究されてきた。アブラナ科作物において最もよく研

究され、かつ広く利用されている細胞質雄性不稔は、我国のダイコンで発見されたオグラ型細胞質である。それに加えて、今日までに起源を異にする多くの雄性不稔細胞質が見出され、それらのうちいくつかでは雄性不稔の原因遺伝子が同定されている。この総説では、オグラ型を含むアブラナ科作物の細胞質雄性不稔について、起源と原因遺伝子を解説する。その一方で核の稔性回復遺伝子の機能、および雄性不稔細胞質が作物の生育に与える影響についても論ずる。さらに、アブラナ科作物の細胞質雄性不稔に関して、現在も未解明な問題を指摘する。

Breeding Science 64: 38–47 (2014)

アブラナ科野菜におけるグルコシノレートの代謝と機能および育種

石田正彦¹⁾・原 正和²⁾・吹野伸子¹⁾・柿崎智博¹⁾・森光康次郎³⁾

(¹⁾野菜茶業研究所, (²⁾静岡大学, (³⁾お茶の水女子大学)

アブラナ科植物には含硫配糖体の二次代謝産物であるグルコシノレートが広く含まれる。グルコシノレートは内在する酵素ミロシナーゼによって加水分解され、硫酸イオン、D-グルコース、ならびにイソチオシアネートなどの特徴的な分解産物を生成する。植物体内におけるグルコシノレートの機能性は十分には解明されていないが、それに起因する辛味や苦み、臭いは害虫や病原体に対する植物防御反応に密接に関わっていると考えられている。また、イソチオシアネートは発がん抑制に関わる特性を有することから、培養細胞や化学発がん動物モデルを利

用した研究が広く進められている。ヒトの健康を維持・増進するための機能性成分イソチオシアネートとその起因成分であるグルコシノレートは、植物生理学、食品機能化学、植物遺伝育種学を研究する多くの科学者から注目を集めている。本報ではグルコシノレートの化学反応性と生合成メカニズムについて概観するとともに、イソチオシアネートの生理機能の観点からアブラナ科野菜におけるグルコシノレートを対象とした成分育種について概説する。

Breeding Science 64: 48–59 (2014)

Brassica 属作物における耐乾性・耐塩性研究の最近の進歩

Xuekun Zhang¹⁾・Guangyuan Lu¹⁾・Weihua Long^{1,2)}・Xiling Zou¹⁾・Feng Li¹⁾・西尾 剛³⁾

(¹⁾Key Laboratory of Oil Crops Biology and Genetic Improvement, Ministry of Agriculture, Oil Crops Research Institute, China, (²⁾Institute of Industrial Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, China, (³⁾東北大学大学院・農学研究科)

乾燥や塩害による水欠乏は作物の著しい生育遅延と収量減をもたらす。Brassica 属作物は油料種子生産において重要な位置を占めるので、このような不良条件で収量を確保するため、耐性品種の育成は急務である。植物においては、様々な発達段階で乾燥や塩害に対処する種々の物理化学的機構がある。そのため、発芽期や幼苗期、開花期、種子発達期のそれぞれで乾燥や塩害に対する耐性の種々の指標が開発され、遺伝資源のスクリーニングや育種における選抜に利用されてきた。正確な表現型調査と連動した古典遺伝学的あるいは新しいゲノムのアプロー

チは、作物の耐乾性・耐塩性に関わる遺伝子や代謝経路の解明を活発化した。耐乾性・耐塩性の QTL 解析により、Brassica 属作物とシロイヌナズナで多数の QTL が明らかとなった。多数の耐乾性・耐塩性遺伝子が単離され、その内のいくつかは耐性植物の育成に大きな可能性をもたらすことが確かめられた。マーカー利用選抜や形質転換のような分子育種的手段が統合されて、気候変動下で油料作物の安定生産を可能とする耐乾性・耐塩性 Brassica 属作物の育成に利用されると考えられる。

Breeding Science 64: 60–73 (2014)

Brassica napus から *B. juncea* への遺伝子浸透および *B. juncea* を介した近縁アブラナ科植物への間接的遺伝子浸透の可能性

津田麻衣¹⁾・大澤 良²⁾・田部井豊¹⁾

(¹⁾農業生物資源研究所, ²⁾筑波大学・生命環境系)

遺伝子組換えセイヨウナタネ (*Brassica napus*) の商業栽培が開始されて以来、一部で遺伝子浸透などによる生物多様性への影響が調査されている。アブラナ科植物の種属間交雑親和性や遺伝浸透に関しては、多くの研究グループによって幅広く研究されており、*B. napus* のレシビエントに最もなりやすい種として *B. rapa*、続いて *B. juncea* があげられている。*B. rapa* はアメリカやヨーロッパの国々で雑草として繁茂する種であることから、特に *B. napus* と *B. rapa* 間の遺伝子浸透について明らかにするために、これら2種間の交雑親和性は詳細に調査されている。一方、*B. juncea* はアジアで広く分布しているにも関わらず、*B.*

napus から *B. juncea* への遺伝子浸透に関する知見は *B. rapa* に比べて不足している。従って、遺伝子組換え *B. napus* の生物多様性への影響を評価するには、*B. napus* から *B. juncea* への直接的な遺伝子浸透に関する知見、並びに *B. napus* から *B. juncea* を介した他のアブラナ科植物への間接的遺伝子浸透に関する知見を集積することが重要である。本報告では、*B. napus* から *B. juncea* を介した他のアブラナ科植物への交雑親和性および遺伝子浸透の可能性について取りまとめたので報告する。

Breeding Science 64: 74–82 (2014)

シロバナルーピン (*Lupinus albus*) の莢枯病抵抗性に関する QTL の同定

Raymond Cowley^{1,4)}・David J. Lockett¹⁾・Gavin J. Ash²⁾・John D.I. Harper²⁾・Cina A. Vipin²⁾・Harsh Raman¹⁾・Simon Ellwood³⁾

(¹⁾ Graham Centre for Agricultural Innovation (an alliance between NSW Department of Primary Industries and Charles Sturt University), Australia, ²⁾ Graham Centre for Agricultural Innovation (an alliance between NSW Department of Primary Industries and Charles Sturt University), School of Agricultural & Wine Sciences, Charles Sturt University, Australia, ³⁾ Australian Centre for Necrotrophic Fungal Pathogens, Curtin University, Australia, ⁴⁾ 現: DuPont Pioneer, Pioneer HiBred Australia, Australia)

シロバナルーピンの Phomopsis pod blight (PBB: 莢枯病) は糸状菌 *Diaporthe toxica* によって引き起こされる。この糸状菌は毒物質を産生し、罹病した植物を食べた家畜はルビノシス病を発症する恐れがある。この問題に対抗するためには、抵抗性遺伝資源を探し出し、品種育成へ利用する必要がある。しかし、抵抗性遺伝子座はまだ同定されていない。本研究では、Kiev Mutant (感受性) × P27174 (抵抗性) の交配に由来する組換え自殖系統 (F₈ 世代) により作成した連鎖地図を用いて、PBB 抵

抗性に関する QTL 解析を行った。PBB 抵抗性は摘み取った莢を用いて評価した。その結果、連鎖群 3, 6, 10, 12, 17 および 27 に抵抗性 QTL を検出した。このうち、連鎖群 10 に見つかった QTL-5 は異なる環境下でも検出され、表現型分散の 28.2% を説明した。また、連鎖群 3 に検出された QTL-2 は、QTL-5 や連鎖群 12 の QTL-6 とエピスタシスを示した。

Breeding Science 64: 83–89 (2014)

起源の異なるコムギ品種‘蘇麦3号’の赤かび病抵抗性に関わる遺伝的多様性

丹羽紗也佳¹⁾・久保堅司^{2,3)}・Janet Lewis^{4,5)}・菊地理絵¹⁾・Manickavelu Alagu¹⁾・坂 智広¹⁾

(¹⁾横浜市立大学・木原生物学研究所, ²⁾農研機構・九州沖縄農業研究センター, ³⁾農研機構・東北農業研究センター, ⁴⁾International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), Mexico, ⁵⁾Bayer Crop Science LP, USA)

Fusarium graminearum により引き起こされるコムギ赤かび病は、かび毒汚染を伴う深刻な病害である。赤かび病抵抗性品種の蘇麦3号は、交配母本として広く育種プログラムで利用され世界に広がった一方で、異なる遺伝子型が存在する可能性が議論されてきた。本研究では6カ国から蘇麦3号の保存系統を取り寄せ、SSR マーカーにより多様性を分析した結果、原産地の

中国の系統と比較してオーストラリアと日本の系統に遺伝的多型があることを明らかにした。オーストラリア系統は、CIMMYT と九州沖縄農業研究センターでの赤かび病圃場検定において赤かび病抵抗性が高かった。オーストラリアと日本の系統間では、DArT マーカーにより 12.5% の遺伝的多型性を検出した。これらの系統間では、蘇麦3号で既報の 3BS と 6B 染色体上の QTL に連鎖

する選抜マーカーには違いは無く、一方で5ASと2DS染色体上のQTLに関して多型を認めた。蘇麦3号で赤かび病抵抗性が異

なったのは遺伝的多様性によるものであった。

Breeding Science 64: 90–96 (2014)

ユリの倍数体間交雑において異質三倍体の子房親を用いた浸透交雑に関する研究

周樹軍^{1,2)}・袁国良²⁾・徐萍²⁾・宮紅霞²⁾

(¹⁾江西農業大学園林与芸術学院, 中国, ²⁾浙江大学農業与生物技術学院園芸学科, 中国)

“ユリ属の胚乳の発達には、同一の5つのゲノムの存在が不可欠である”という仮説に基づくと、ユリ属の浸透交雑育種において、異質3倍体のユリ(OTO)は2倍体のオリエンタルリリー(OO)と交雑可能であることが期待される。この仮説を検証するため、‘Belladonna’、‘Candy Club’および‘Travatore’の3つのOTOのユリ品種を子房親とし、‘Siberia’と‘Sorbonne’の2つの2倍体(OO)品種および*L. regale*(TT)と交配した。その結果、OTO×OOの全ての交雑において、通常受粉で蒴果は良く成長し、胚救済により子房当たり0.8～3.3個の発芽力のある種子を

獲得できた。しかし、OTO×TTの交配は全て失敗した。ゲノミック *in situ* ハイブリダイゼーションによると、OTO×OOの交配の後代は異数体であり、T-ゲノムに由来する染色体のいくつかは異質3倍体のユリゲノムに導入されていた。以上の結果から、OTOのユリは雄性不稔であっても子房親とすることで異数体の後代が得られることを明らかにした。また、ユリ育種における新たな仮説を支持することができた。

Breeding Science 64: 97–102 (2014)

ダイズの低温裂開抵抗性の選抜法

山口直矢¹⁾・山崎敬之^{1,2)}・大西志全^{1,3)}・鈴木千賀^{1,4)}・萩原誠司^{1,3)}・三好智明¹⁾・千田峰生⁵⁾

(¹⁾北海道立総合研究機構・十勝農業試験場, ²⁾現:北海道立総合研究機構・農業研究本部, ³⁾現:北海道立総合研究機構・北見農業試験場, ⁴⁾現:北海道立総合研究機構・中央農業試験場, ⁵⁾弘前大学・農学生命科学部)

日本北部の北海道において、ダイズは低温による障害を受ける。特に道東部および道北部では、低温が裂開粒の発生を引き起こすことが報告されている。背部側の種皮が大きく裂けて子葉が露出し、多くの場合子葉が乖離することが裂開粒の特徴である。裂開粒は商品価値がない屑粒として扱われるため、裂開粒の発生は安定生産の障壁となっている。しかしながら、これまでに裂開粒に関する知見は少ない。本研究の目的は、裂開粒発生の低温感受性時期を同定し、裂開抵抗性系統の選抜法を確立することである。まず初めに、圃場試験において開花期後の低温と裂開粒の発生の関係を調べ、開花14後日目から21日目

の平均気温が裂開粒の発生率と負の相関を示すことを明らかにした。次に、圃場試験において裂開抵抗性の品種間差を調べ、「トヨホマレ」と「十育238号」は「ユキホマレ」と「トヨムスメ」よりも裂開抵抗性が強いことを明らかにした。さらに、人工気象室を用いて開花期10日後から21日間の低温処理を行う選抜法を確立し、これにより品種間差の比較が可能であることを示した。この選抜法は裂開抵抗性ダイズの育種に利用可能と考えられる。

Breeding Science 64: 103–108 (2014)

mPing: 爆発的増殖を遂げた転移因子

内藤 健¹⁾・門田有希²⁾・安田加奈子³⁾・斎藤大樹³⁾・奥本 裕³⁾

(¹⁾農業生物資源研究所, ²⁾岡山大学・環境生命科学研究所, ³⁾京都大学・農学研究所)

転移因子は進化の大きな要因となると考えられてきたが、その仮説を検証することは極めて困難であった。なぜなら転移因子の挿入の大部分は、数百万年以上前に生じたことであり、現在も活性をもつ転移因子の宿主ゲノム中におけるコピー数は、極端に少ないためである。しかしながら、イネから最初に単離されたDNA型転移因子である *mPing* が、この問題を解く鍵と

なった。*mPing* は、古くからあるイネ系統の中でコピー数を大きく増殖させていただけではなく、現在も高い転移活性を維持しており、このことが *mPing* を転移因子の増殖とその影響を直接観察可能なものとしている。*mPing* の挿入位置の網羅的解析により、*mPing* がエクソンにはほとんど挿入されず、プロモーター領域に高頻度で挿入されることが示され、またそれゆえ

mPing の挿入が近傍遺伝子の発現へ限定的な影響を与えることがわかった。*mPing* 挿入のいくつかは、近傍の遺伝子に適応的に有用な発現プロファイルを付与していることも明らかとなり、

転移因子が遺伝子発現のネットワークを新たに形成する可能性が示された。

Breeding Science 64: 109–114 (2014)

北部日本における新奇な香り米遺伝子の栽培化

大塚健太¹⁾・高橋育弥^{1,6)}・田中克典²⁾・猪谷富雄³⁾・田淵宏明⁴⁾・吉橋 忠⁵⁾・殿内暁夫¹⁾・石川隆二¹⁾

(¹⁾弘前大学・農学生命科学部, ²⁾弘前大学・人文学部, ³⁾広島県立広島大学・生命環境学部, ⁴⁾農研機構・九州沖縄農業研究センター・都城研究拠点, ⁵⁾国際農林水産業研究センター・生物資源・利用領域, ⁶⁾現:東北大学大学院・生命科学研究所)

イネの香りは東南アジアの消費者にとって重要な形質であり、日本の在来香り米は17世紀に最初の記録が残されている。主成分分析は明瞭に日本の在来香り米が6つのクレードに分かれることを示し、そのうちのどのクレードも *Badh2* の第7エキソンにおける8 bp 欠失を有していなかった。在来香り米は *Badh2* において異なる変異を有する2つの主要なグループにより構成されていた。1つは既知の第13エキソンにおける SNP を有しており、その他は同遺伝子の第1エキソン-イントロン接合部の潜在的なスプライシング供与部の SNP を有していた。後者は *Badh2*

における新奇なアレルとしてのスプライシング変異グループであると考えられた。2つの香り米のグループにおけるヘテロ接合性 (*He*) の値は非香り米の在来種や近代栽培種とは有意な差を示さなかった。潜在的スプライシング変異グループは E13SNP グループよりも広範囲な1つのハプロタイプを示した。機能喪失に関連したであろう変異は近年生じたであろう新奇なスプライシング変異であることを示している。その香り米アレルは地域の環境条件下において他殖により拡散していった。

Breeding Science 64: 115–124 (2014)

高温耐性と高温感受性のセイヨウナタネ幼苗間の高温ストレスによる DNA メチル化変異の比較

Guizhen Gao · Jun Li · Hao Li · Feng Li · Kun Xu · Guixin Yan · Biyun Chen · Jiangwei Qiao · Xiaoming Wu

(Oil Crops Research Institute of the Chinese Academy of Agricultural Sciences, Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Oil Crops, Ministry of Agriculture, P.R. China)

DNA メチル化は種々の生物的・非生物的ストレスに反応を示す。高温ストレスは、世界における作物生産の重大な脅威である。高温ストレスは植物における一連の形態学的、生理学的、生化学的変化を引き起こす。作物における DNA メチル化と高温ストレスとの関係はあまり知られていない。我々は、セイヨウナタネの高温耐性と高温感受性の遺伝子型の幼苗間で、高温ストレス下でのシトシンメチル化レベルの差と変化について調査した。その結果、対照区でも高温耐性と高温感受性の遺伝子型間でメチル化レベルに差があることが分かり、高温処理区では、高温感受性遺伝子型の方が高温耐性遺伝子型よりもメチル化レベルの増加が大きかった。高温耐性遺伝子型では、DNA 脱

メチル化がより多く起こり、高温感受性遺伝子型では DNA メチル化がより多く起こった。多くの多様な遺伝子が、高温ストレスによりシトシンメチル化の変化が影響され、このことは、これらの遺伝子が *Brassica napus* において高温ストレスに対する反応や適応に重要な役割を演じていることを示唆する。本研究は、高温ストレスに対する反応において *B. napus* の高温耐性と高温感受性の遺伝子型間で DNA メチル化の変化が異なったことを示し、高温ストレスに対する適応の分子機構を解明するための一助となろう。

Breeding Science 64: 125–133 (2014)

準同質遺伝子系統の育成による黒米着色の遺伝分析

前田寛明^{1,2)}・山口琢也¹⁾・表野元保^{1,3)}・宝田 研^{1,4)}・藤田健司¹⁾・村田和優¹⁾・伊山幸秀¹⁾・小島洋一郎^{1,5)}・森川真紀子^{1,6)}・尾崎秀宣^{1,6)}・向野尚幸^{1,7)}・木谷吉則^{1,8)}・蛭谷武志¹⁾

(¹⁾富山県農林水産総合技術センター, ²⁾現:高岡農林振興センター, ³⁾現:農林水産省・経営局, ⁴⁾現:新川農林振興センター, ⁵⁾現:富山県農業技術課, ⁶⁾富山県農産食品課, ⁷⁾現:砺波農林振興センター, ⁸⁾現:富山農林振興センター)

イネには白米だけでなく黒米がある。黒米の果皮にはアントシアニンが蓄積されており、アントシアニンは抗酸化性を有し健康に対して有用である。我々は、日本のリーディング品種である「コシヒカリ」の遺伝的背景をもつ黒米のイントロgression系統を育成した。ドナー品種には「紅血糯」を用い、「コシヒカリ」を4回戻し交配した。そして結果的に、黒米の準同質遺伝子系統を育成した。DNA マーカーを用いたイントロgression系統のゲノム全体の解析をした結果、第1, 3, 4染色体に黒米着色に関与する領域があることが示唆された。第3

染色体の遺伝子座はこれまでに報告がなかった。黒米の準同質遺伝子系統と「コシヒカリ」との交配に由来する546個体を用いたマッピング分析を行った。その結果は、3つの領域すべてが黒米着色に必要であることを示した。我々は、それらの遺伝子座に *Kala1*, *Kala3*, *Kala4* と命名した。黒米の準同質遺伝子系統の食味および農業形質を評価したところ、食味は既存品種の「おくのむらさき」よりも明らかに優れており、「コシヒカリ」との同質性は非常に高かった。

Breeding Science 64: 134–141 (2014)

ベトナム在来イネにおける澱粉粒結合型澱粉合成酵素に関する遺伝子の一塩基多型がアミロース含量に及ぼす影響

Tran Thi Thu Hoai^{1,2)}・松坂弘明¹⁾・豊澤佳子¹⁾・Tran Danh Suu²⁾・佐藤 光¹⁾・熊丸敏博¹⁾

(¹⁾九州大学大学院・農学研究院, ²⁾Plant Resources Center, Vietnamese Academy of Agricultural Science, Vietnam)

アミロース含量はコメ澱粉の物理・化学的特性に影響を及ぼす重要な要因である。352品種のベトナム在来イネでは見かけのアミロース含量および澱粉粒結合型澱粉合成酵素 (granule-bound starch synthase: GBSS) の発現レベルに多様な変異が認められた。GBSS 遺伝子における第1イントロンのスプライシングドナーサイトとエクソン領域での一塩基多型 (single-nucleotide polymorphisms: SNP) に基づき、ベトナム品種のGBSS 遺伝子は7つのタイプに分類された。極低および低アミロース性は第1イントロンにおけるT型SNPと、中間および高アミロース性は第

10エクソンにおけるT型SNPと関連性が認められた。低アミロース性品種では第1イントロンのT型SNP、第6および第10エクソンのC型SNPの組み合わせが多く認められた。加えて、ベトナム在来イネ品種に *Wx^{pp}* 遺伝子の存在を明らかにした。本研究の結果は、ベトナム在来品種における低アミロース性はスプライシングドナーサイトではなくエクソン部位における自然突然変異の結果によることを示唆している。

Breeding Science 64: 142–148 (2014)

タアサイ (*Brassica campestris* L. ssp. *chinensis* (L.) Makino var. *rosularis* Tsen et Lee) への複対立遺伝子雄性不稔の移入

Qiu Shi Wang・Xi Zhang・Cheng Yu Li・Zhi Yong Liu・Hui Feng

(Department of Horticulture, Shenyang Agricultural University, China)

タアサイ (*Brassica campestris* L. ssp. *chinensis* (L.) Makino var. *rosularis* Tsen et Lee) のF₁種子生産に用いる、複対立遺伝子雄性不稔系統を育成するため、「方向性のある遺伝子移入プログラム」が考案された。奶白菜 (*Brassica campestris* L. ssp. *chinensis* L., S01) の複対立遺伝子雄性不稔系統が、雄性不稔性の材料として使用され、タアサイの1つの純系 (WT01) が遺伝子移入の目標系統とされた。雄性不稔性と他の植物学的形質を同時に移

すため、連続戻し交配が行われた。一方、遺伝子型は検定交配により決定された。雄性不稔性はS01からWT01へ成功裏に移入された。WT01と似た植物学的形質を持つ、新しい雄性不稔系統、GMS-3、が育成された。GMS-3を母親にして、4種類の雑種組み合わせが作られた。この新規雄性不稔系統から、最も望ましい形質を有する1つのF₁雑種 (C1) が開発された。

Breeding Science 64: 149–155 (2014)

ジャガイモにおける *Rhizoctonia solani* によって引き起こされる黒あざ病に対する抵抗性の実験室および圃場における簡易検定法

張笑宇・于肖夏・于卓・薛玉鳳・齊立鵬

(中国内蒙古大学農学院, China)

ジャガイモにおいて *Rhizoctonia solani* によって引き起こされる黒あざ病の抵抗性を評価する二段階法を開発した。第一段階として、実験室内でジャガイモ塊茎切片に病原菌接種を行い、48時間培養後に発達した壊疽病斑の直径を計測し、予備評価を行った。第二段階として、圃場において病原菌を培養したコムギふすまを種芋の植え穴に入れることで接種し、抵抗性評価を行った。様々なジャガイモの品種・系統に対して病原菌を培養したコムギふすまの0, 2, 3, 4, および5g接種区を設定したところ、2-4g接種区が黒あざ病抵抗性の判別に適していた。実

験室内の病原菌を接種した塊茎の壊疽病斑の大きさと圃場での発病程度には正の相関が見られた。以上により、実験室内の塊茎切片への病原菌接種により、抵抗性の第一段選抜を行い、続いて、圃場での接種検定により、抵抗性の第二段選抜を行うことが可能であると判断された。この二段階法を用いることで、ジャガイモの遺伝資源の中から、圃場で作業労力や時間を節約し、実用かつ効果的に黒あざ病抵抗性素材の選抜が可能となった。
Breeding Science 64: 156-163 (2014)

異なる温度条件下における韓国産水稻粳品種の玄米品質に及ぼす澱粉合成関連対立遺伝子の効果

Young-Jun Mo¹⁾・Ji-Ung Jeung¹⁾・Woon-Chul Shin¹⁾・Ki-Young Kim¹⁾・Changrong Ye²⁾・Edilberto D. Redoña²⁾・Bo-Kyeong Kim¹⁾

(¹⁾National Institute of Crop Science, Rural Development Administration, Republic of Korea, ²⁾Plant Breeding, Genetics, and Biotechnology Division, International Rice Research Institute, Philippines)

本研究では、澱粉合成関連対立遺伝子の玄米品質に及ぼす影響を調べた。韓国産の粳性水稻187品種(内訳は日本型170品種と統一と同じインド型17品種)を圃場と2通りの温室条件で栽培し、完全粒と白未熟粒の比率、アミロース含量、アルカリ崩壊度、ラビット・ビスコアナライザーによる粘度特性を評価した。本研究で用いた10個の澱粉合成関連遺伝子のうち、7個の遺伝子で多型がみられ、そのうち4個の遺伝子は日本型・インド型に特徴的な変異を示した。また、多型を示した7個の遺伝子のうち6個の遺伝子は栽培条件の違いに関わらず、少なくとも1つの玄米品質と有意に関係していた。しかし、日本型170

品種のデータだけで解析すると、遺伝子型と表現型値の間のアソシエーションの程度や有意性は著しく低かった。同様に、澱粉合成関連対立遺伝子の違いと玄米品質の変動との有意な関連性は、日本型・インド型品種間での偏った対立遺伝子頻度に起因した。10個の主要な澱粉合成関連遺伝子座について、育種の過程で日本型品種では固定化が進んでいるので、玄米品質にみられた変異は、本研究で解析した澱粉合成酵素遺伝子とは異なる遺伝子の効果によると考えられる。

Breeding Science 64: 164-175 (2014)

三倍体ビワ (*Eriobotrya japonica*) の二倍体品種花粉との交雑による種子形成

菊池真司¹⁾・岩砂美和子²⁾・小堀亜耶²⁾・蔦木康徳³⁾・吉田明広⁴⁾・室田有里^{5,6)}・西野栄正¹⁾・佐々英徳¹⁾・木庭卓人¹⁾

(¹⁾千葉大学大学院・園芸学研究科, ²⁾千葉大学・園芸学部, ³⁾千葉県農林総合研究センター, ⁴⁾安房農業事務所, ⁵⁾千葉県農林総合研究センター, ⁶⁾現: 千葉県山武農業事務所)

ビワ (*Eriobotrya japonica*, $2n=2x=34$) は果実に対して比較的大きな種子を持つため、無核ビワの育成はこれまで大きな育種目標であった。近年の三倍体ビワ品種 ($2n=3x=51$) の育成とジベレリン処理法の確立は無核ビワの商業的栽培を可能にしたが、

三倍体ビワにおける種子形成の可能性は詳細に調査されていなかった。交雑実験と減数分裂や花粉管伸長の観察によって、私達は、三倍体系統3N-N28が自殖では不稔を示すが二倍体品種の花粉を受粉させると5.5%の頻度まで種子を形成することを明

らかにした. 3N-N28 を放任受粉させて収穫した種子を播種すると, 播種後5ヶ月までに半数の実生は生存し, 二倍体 ($2n=34$), 四倍体 ($2n=68$), または異数体の染色体数を持っていた. よって本研究から, 三倍体ピワが種子形成のリスクを持っているこ

とが示された. 二倍体品種の花粉による受粉を防ぐこと, または新規の三倍体品種の育成が無核ピワの生産に必要であると考えられる.

Breeding Science 64: 176–182 (2014)

判別システムを用いた日本産イネ品種のいもち病抵抗性に関する遺伝変異

川崎-田中顕子^{1,2)}・福田善通²⁾

(¹⁾鳥取大学, ²⁾国際農林水産業研究センター)

在来品種, 改良品種, 雑草イネなど合計 324 の日本産イネ遺伝資源について, 標準判別いもち病菌菌系に対する反応パターンによる抵抗性, およびゲノム染色体に分布する 64 の SSR マーカーの多型情報により, 遺伝変異を評価した. SSR マーカーの多型によるクラスター分析によりイネ遺伝資源は二つのグループ (I と II) に分類され, I には主に日本型的水稲品種, II には陸稲品種とインド型品種が含まれた. いもち病菌菌系の反応パターンに基づくクラスター分析により 3 群 (A2, B1, B2) に分類され, A2 群の品種は, 少なくとも二つの抵抗性遺伝子 *Pish* と

Pik-s を持つと推定した. また B1 群の品種では, 抵抗性遺伝子 *Pish*, *Pia*, *Pii*, *Pi3*, *Pi5(t)*, および *Pik* の複対立遺伝子が組み合さって保有されているものと推定した. B2 群の品種は大半の菌系に対して抵抗性を示し, *Pish*, *Pia*, *Pii*, *Pi3*, *Pi5(t)* や *Pik*, *Piz* および *Pita* 座の複対立遺伝子のどれかと未知の遺伝子を持つと考えられる. B 群には多くのクラスターIIのアクセッションが含まれていた. B1 群には北海道の品種が, B2 群には関東および東北の品種が高頻度に含まれていた.

Breeding Science 64: 183–192 (2014)

ソルガムの支柱根の有無に関する QTL 解析

Ronggai Li^{1,2)}・Yucui Han¹⁾・Peng Lv¹⁾・Ruiheng Du¹⁾・Guoqing Liu¹⁾

(¹⁾Institute of Millet Crops, Hebei Academy of Agricultural & Forestry Sciences, China, ²⁾School of Biological Sciences, University of Aberdeen, UK)

支柱根の有無と形態は植物の根の構造に関連する重要な形質である. 支柱根は植物体の定着や発育後期における水や栄養素の吸収に重要な役割を果たしているが, もっと重要なことは支柱根の形質が冠水あるいは水不足条件下での種子生産に影響を及ぼすことである. しかしながら, 支柱根関連形質の遺伝的制御についてはほとんど報告されていない. 本研究では, ソルガム在来品種 *Sunsui* の特徴である支柱根の有無に関する QTL をマップするとともに, 連鎖する分子マーカーを特定することを目的とした. *Sansui/Jiliang 2* の F2 集団を用いて, SSR マーカー 109 座からなる連鎖地図を作製した. QTL 解析により, 支柱根

の有無に関する QTL が第 6 染色体と第 7 染色体に座乗することを明らかにした. 第 7 染色体上の主要な QTL は, SSR マーカー座 *Dsenhsbm7* と *Xcup 70* に挟まれた領域に存在し, 全分散に対して約 52.5% の寄与率を示した. 一方, 第 6 染色体上の効果の小さな QTL は, マーカー座 *Xtxp127* と *Xtxp6* に挟まれた領域に存在し, 7.0% の寄与率を示した. この研究から得られた成果は, 支柱根に注目してソルガム根の構造を改良する際に有用な情報を提供する.

Breeding Science 64: 193–198 (2014)