

野生イネ (*Oryza rufipogon*) において種子脱粒性を支配する量的遺伝子座が離層形成に与える効果

Than Myint Htun・井上千鶴・Orn Chhourm・石井尊生・石川 亮

(神戸大学大学院・農学研究科植物育種学研究室)

アジアの栽培イネ (*Oryza sativa* L.) は野生イネ (*O. rufipogon*) から栽培化され、その過程で種子脱粒性が失われたことが知られている。これまでの研究から2つの主要な量的遺伝子座として *qSH1* と *sh4* が報告されている。本研究では、栽培イネ (*O. sativa* 日本晴) の対立遺伝子を野生イネ (*O. rufipogon* W630) の遺伝的背景に導入した染色体置換系統を作出し、これら2つの脱粒性遺伝子座の効果を評価した。日本晴では離層が形成されないが、*qSH1* と *sh4* について、日本晴の対立遺伝子のいずれか片方を持った染色体置換系統では、野生イネと同様に完全な離層形成が観察され、両方を持った系統でも部分的な離層形成が観察された。この結果から、これまでに報告された主要な2つの遺伝子座以外にも離層形成を制御する遺伝子座が存在

することが示唆された。そこで、これら2つの脱粒性遺伝子座について日本晴由来の対立遺伝子を持った染色体置換系統と日本晴を再度交雑し得られた F₂ 分離集団を用いて、種子脱粒性を支配する遺伝子座を QTL 解析によって探索したところ、イネ第3染色体に *qSH3* 遺伝子座を特定した。興味深いことに、*qSH3* についてのみ日本晴の対立遺伝子を導入した染色体置換系統では、脱粒性に影響が見られなかった。しかし、*qSH1* ならびに *sh4* について日本晴の対立遺伝子を導入した染色体置換系統に、さらに *qSH3* 対立遺伝子を導入したところ、有意に脱粒性が低下したことから、*qSH3* がイネの脱粒性喪失において重要な役割を持っていることが判明した。

Breeding Science 64: 199–205 (2014)

ヒマワリのさび病抵抗性遺伝子 *Pu6* の遺伝解析、対立性検定とマーカー選抜

Mariano Bulos¹⁾・Pablo Nicolas Vergani²⁾・Emiliano Altieri¹⁾

(¹⁾Biotechnology Department, Nidera S.A., Argentina, ²⁾Sunflower Breeding Program, Nidera S.A., Argentina)

ヒマワリ系統 P386 のさび病抵抗性は、*Pu6* 遺伝子によって制御されている。この遺伝子は *R₄* のような他のさび病抵抗性遺伝子とは独立して分離することが報告されている。本研究では、*Pu6* の利用や同定を進めたり、*R₄* との連鎖関係を明らかにするために、*Pu6* 遺伝子座を連鎖地図上へ位置づけることを目的とした。*Pu6* の遺伝解析を行ったところ、6個の SSR マーカーとともにヒマワリのコンセンサス遺伝地図の連鎖群 13 の 24.8 cM の範囲に位置づけられた。OSR316 は、*Pu6* と最も密接に連鎖した SSR マーカーであり、2.5 cM の距離であった。抵抗性と

感受性の代表的な系統について OSR316 を調査したところ、6種類の遺伝子型を示した。また、対立性検定の結果、*Pu6* と *R₄* は 6.25 cM の距離で離れていることが明らかになった。本研究は、さび病抵抗性遺伝子群 *R_{adv}/R₄/R₁₁/R_{13a}/R_{13b}/Pu6* を構成する遺伝子座の関係を対立性検定により初めて明らかにしたものである。これらの遺伝子座の詳細な構造を明らかにできれば、異なる遺伝資源から抵抗性遺伝子を任意に組み合わせたり、抵抗性遺伝子周辺の不要な領域を取り除くことが可能になると考えられる。

Breeding Science 64: 206–212 (2014)

VERNALIZATION 1 遺伝子発現レベルは、極早生突然変異コムギ系統 *extra early-flowering* の早生性に関連する

西浦愛子¹⁾・風間裕介²⁾・阿部知子²⁾・水野信之³⁾・那須田周平³⁾・村井耕二¹⁾

(¹⁾福井県立大学・生物資源学部, ²⁾理研・仁科センター, ³⁾京都大学大学院・農学研究科)

重イオンビーム変異原処理により、一粒系コムギ (*Triticum monococcum*) KU104-1 の極早生突然変異体 *exe1*, *exe2*, *exe3*,

exe4 を作出した。4系統の極早生変異体は、極早生の Type I (*exe1*, *exe3*) と超極早生の Type II (*exe2*, *exe4*) に分類された。人工気

象器における生育調査の結果、生殖成長期における葉の展開速度が、野生型に比べて *exe* 変異体では早くなることが判明した。葉の展開速度は、Type I 変異体より Type II 変異体の方が早かった。花成促進遺伝子 *VERNALIZATION 1 (VRN1)* の解析の結果、超極早生の Type II 変異体は Type I 変異体と比べて、初期の幼苗から *VRN1* の高発現がみられた。このことは、Type I 変異体

と Type II 変異体の早生性の違いが *VRN1* 発現レベルの違いと関連することを示唆する。変異体の原系統 KU104-1 は、花成抑制遺伝子 *VRN2* の自然欠失型の一粒子コムギである。本研究の結果は、*VRN1* 発現レベルが、*VRN2* とは無関係に、*exe* 変異体の早生性に関与していることを示している。

Breeding Science 64: 213–221 (2014)

イオンビーム照射によって誘発されたイネ極晩生突然変異体の遺伝解析

一谷勝之¹⁾・山口大介¹⁾・田浦 悟²⁾・福徳康雄³⁾・尾上昌平¹⁾・清水圭一¹⁾・橋本文雄¹⁾・坂田祐介¹⁾・佐藤宗治¹⁾

(¹⁾鹿児島大学・農学部, ²⁾鹿児島大学・遺伝子実験施設, ³⁾鹿児島大学・アイソトープ総合センター)

種子へのイオンビーム照射によって、原品種である日本型イネ品種台中 65 号よりも約 2 ヶ月出穂が遅れる極晩生突然変異体が複数誘発された。本報告では、それらのうち KGM26, KGM27 について報告する。原品種と突然変異系統との雑種第二代は、いずれも早生：晩生 = 3 : 1 の明瞭な二項分布を示したことから、突然変異系統の晩生は各々 1 劣性遺伝子に支配されていることが明らかになった。KGM26, KGM27 の分析によって見出された出穂期遺伝子を *FLT1 (FLOWERING TIME 1)*, *FLT2 (FLOWERING TIME 2)* とそれぞれ命名した。インド型品種カサラスに突然変異系統を戻し交雑して得られた BC₁F₁ 集

団を供試して、DNA マーカーと両遺伝子の連鎖分析を行った結果、*FLT1* は第 8 染色体短腕末端、*FLT2* は第 9 染色体の動原体付近に座乗した。*FLT1* は *EHD3* と座乗位置が重なっているため、同座の可能性もある。*FLT2* は座乗位置付近に同様の作用をもつ遺伝子が報告されていないため、新遺伝子の可能性が高い。BC₁F₁ 集団では、突然変異晩生遺伝子ホモ接合型個体が到穂日数の大きな変異を示したことから、他の遺伝子が突然変異晩生遺伝子の作用に大きな影響を及ぼすことが示唆された。

Breeding Science 64: 222–230 (2014)

イネ穀粒の外観品質に関する QTL 解析は、遺伝子組換えや戻し交配育種によって発生する現象を典型的に示した

Bao Yan¹⁾・Rongjia Liu¹⁾・Yibo Li¹⁾・Yan Wang¹⁾・Guanjun Gao¹⁾・Qinglu Zhang¹⁾・Xing Liu¹⁾・Gonghao Jiang²⁾・Yuqing He¹⁾

(¹⁾National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement, National Center of Plant Gene Research (Wuhan) and National Center of Crop Molecular Breeding, Huazhong Agricultural University, China, ²⁾College of Life Science, Heilongjiang University, China)

イネ穀粒の形状や収量は多数の量的形質遺伝子座 (QTL) によって制御されている。本研究では、Huahui 3 (*BtXa21*) と Zhongguoxiangdao の交配に由来する F_{9,10} 世代の組換え自殖系統 (RILs) を用いて、10 本の染色体上に 27 個の QTL を見出した。このうち 12 個の QTLs は再現よく検出され、これまでに報告されていないものであった。実験材料には 2 つの遺伝子が含まれている。1 つは虫害抵抗性に関わる *Bt* 遺伝子であり、もう 1 つは病害抵抗性の *Xa21* 遺伝子である。興味深いことに、これらの遺伝子が穀粒の形状や重さに関わる QTLs と密接に連鎖していることがわかった。*Bt* 遺伝子の挿入位置は Huahui 3 の第 10 染色体に位置づけられ、この挿入が穀粒に関

与する QTL を破壊し、遺伝子組換え体の低収を引き起こしているのかもしれない。一方、戻し交配による供与親から受容親である Minghui 63 への *Xa21* 遺伝子の移入はリンケージドラッグ (linkage drag) を引き起こし、穀粒の形状や収量に対してプラスに作用する効果が小さな QTL をもたらしているのかもしれない。このようにイネ穀粒の外観品質に関する QTL 解析は、遺伝子組換えや戻し交配育種によって生じる現象を典型的に示した。本研究で見つかった QTL は、将来の遺伝子単離やイネ穀粒の形状や収量の育種改良を進める上で有用である。

Breeding Science 64: 231–239 (2014)

日本リンゴ品種の果実品質に関する QTL 解析：早生性の QTL は収穫前落果性と密接に関連している

國久美由紀¹⁾・森谷茂樹²⁾・阿部和幸²⁾・岡田和馬²⁾・土師 岳²⁾・林 武司³⁾・Hoytaek Kim¹⁾・西谷千佳子¹⁾・寺上伸吾¹⁾・山本俊哉¹⁾

(¹⁾ 農研機構・果樹研究所, ²⁾ 農研機構・果樹研究所・リンゴ研究拠点, ³⁾ 農研機構・中央農業総合研究センター)

リンゴ (*Malus × domestica* Borkh.) の重要な果実形質の多くは複数遺伝子によって制御されており、マーカー選抜を行うためにはより多くの QTL に関する情報が必要である。本報では、日本リンゴ品種である「王林」と「あかね」の F₁ 後代を用いて、これらの遺伝連鎖地図を作製した。「王林」の地図は 251 座から構成され、17 連鎖群 (全長 1095.3 cM) に収束した。「あかね」の地図は 291 座から成り、18 連鎖群 (全長 1098.2 cM) に収束した。これらの地図を用いて 16 の重要形質の QTL 解析を行ったところ、収穫期について 4 つの QTL が検出され、これらは遺伝分散の約 70% を説明することからマーカー選抜に有用で

あると考えられた。第 15 連鎖群に検出された早生性の QTL は、収穫前落果性の QTL と密接に関連していた。また、果皮の赤色の濃さに関する QTL が第 9 連鎖群の MYB 遺伝子の近くに検出され、「あかね」の保有する 2 種類の対立遺伝子が、程度の異なる赤着色効果を保有していることが示唆された。一方、糖度と糖組成についての解析から、第 16 連鎖群の糖度の QTL はソルビトールおよびフルクトース含量で説明できることが示された。

Breeding Science 64: 240–251 (2014)

ソラマメ (*Vicia faba*) の EST-SSR マーカーの開発と連鎖地図の作成

Walid El-Rodeny¹⁾・木村光宏²⁾・平川英樹²⁾・Attia Sabah¹⁾・白澤健太²⁾・佐藤修正²⁾・田畑哲之²⁾・笹本茂美²⁾・渡辺安希子²⁾・川島久美子²⁾・加藤みどり²⁾・和田津由子²⁾・窪岡久乃²⁾・高橋千佳²⁾・南 千春²⁾・南里啓子²⁾・中山しのぶ²⁾・小原光代²⁾・山田 学²⁾・岸田佳恵²⁾・藤代維一²⁾・磯部祥子²⁾

(¹⁾ Sakha Agricultural Research Station, Egypt, ²⁾ (公財) かずさ DNA 研究所)

ソラマメの高密度な連鎖地図を作成するために、本研究で取得した 5,090 の特異的な EST から 1,363 の FBES (EST-SSR) マーカーを開発した。品種「Nubaria 2」と「Misr3」の F₂ 集団 109 個体を用いて連鎖地図の作成を試みた。両親品種は完全なホモ系統ではないため、109 の F₂ 個体は採種された F₁ 個体ごとに 3 つのサブ集団に分けた。各サブ集団で連鎖群を作成し、共通マーカーにより統合した。統合された連鎖地図は 6 つの連鎖群からなり、全長は 684.7 cM で 552 座が座乗している。552 座のうち 47% はマルチ座を検出する (MLD) マーカーに由来して

いた。各連鎖群にマップされた座が由来する EST 配列と *Lotus japonicas* および *Medicago truncatula* のゲノム配列を比較したところ、明らかなシンテニー領域が認められた。また、開発された FBES マーカーを用いてエジプトで育成された 10 品種の多型解析を行ったところ、78.9% (487 中 384) のマーカーが多型を検出された。本研究で開発した EST-SSR マーカーと連鎖地図によりソラマメの分子育種を推進できると考えられる。

Breeding Science 64: 252–263 (2014)

Kazusa Marker DataBase : 植物のゲノム科学, 遺伝学, 分子育種のためのデータベース

白澤健太・磯部祥子・田畑哲之・平川英樹

(かずさ DNA 研究所・植物ゲノム研究部)

農作物の有益なゲノム情報を提供するために、Kazusa Marker DataBase (<http://marker.kazusa.or.jp>) を構築した。本データベースには、かずさ DNA 研究所において開発された SSR や SNP マーカーといった DNA マーカー、遺伝的連鎖地図、物理地図が含まれる。本データベースを通じて、DNA マーカーに対するキー

ワード検索、マーカー開発に用いられた配列データや実験条件に関する情報も得ることができる。現在、10 の植物種 (トマト (*Solanum lycopersicum*), トウガラシ (*Capsicum annuum*), イチゴ (*Fragaria × ananassa*), ダイコン (*Raphanus sativus*), ミヤコグサ (*Lotus japonicus*), ダイズ (*Glycine max*), ラッカセイ (*Arachis*

hypogaea), アカクローバ (*Trifolium pratense*), シロクローバ (*Trifolium repens*), ユーカリ (*Eucalyptus camaldulensis*) を対象としている。今後、研究が進んだ植物種をデータベースに追加していく予定である。Kazusa Marker DataBase が農作物にお

けるゲノム科学, 遺伝学, 分子育種といった基礎研究から応用研究において有益なツールとして用いられることが期待される。

Breeding Science 64: 264–271 (2014)