

高温登熟性を向上するインド型品種「ハバタキ」由来の新規遺伝子 *Apq1* の同定

村田和優¹⁾・伊山幸秀¹⁾・山口琢也¹⁾・尾崎秀宣^{1,2)}・木谷吉則^{1,3)}・蛭谷武志¹⁾

(¹⁾富山県農林水産総合技術センター, ²⁾現:富山県農産食品課, ³⁾現:富山農林振興センター)

高温登熟条件下で低下する玄米の外観品質は、日本の水稲育種において改良すべき重要な形質である。我々は、コシヒカリの遺伝的背景をもつインド型品種「ハバタキ」の染色体断片置換系統群を用いて玄米外観品質に関する QTL 解析を行った。第7染色体にハバタキ型染色体断片をもつ系統は登熟期間が高温条件下であっても高い整粒比率を示した。この染色体断片の効果を明らかにするため、また、有用な対立遺伝子が含まれる領域を絞り込むため、複数の系統対を用いた置換マッピングを実施した。その結果、*Appearance quality of brown rice 1 (Apq1)*

と命名した遺伝子の染色体上の位置を 48 kb の範囲に絞り込んだ。さらに、*Apq1* の各農業形質に対する影響を評価するため、*Apq1* に関する準同質遺伝子系統 (NIL) を育成した。高温登熟条件下で *Apq1*-NIL はコシヒカリよりも明らかに高い整粒比率を示した。収量、食味を含む他の農業形質について、*Apq1*-NIL とコシヒカリは同等であった。したがって、*Apq1* のハバタキ型対立遺伝子は高温登熟条件下での玄米品質の向上を目指す育種プログラムにおいて有用であると考えられた。

Breeding Science 64: 273–281 (2014)

ダイズ (*Glycine max* L.) における収量関連形質の量的遺伝子座マッピング

Hamidreza Dargahi¹⁾・Patcharin Tanya²⁾・Prakit Somta²⁾・阿部 純³⁾・Peerasak Srinives²⁾

(¹⁾Tropical Agriculture (International Program), Faculty of Agriculture at Kamphaeng Saen, Kasetsart University, Thailand, ²⁾Department of Agronomy, Faculty of Agriculture at Kamphaeng Saen, Kasetsart University, Thailand, ³⁾北海道大学大学院・農学研究院)

子実収量の高いダイズ品種の開発は、ダイズ育種計画における主要な課題である。本研究では、ダイズにおける種子収量関連形質と関連した遺伝子座を同定し、従来の研究で見出されてきた量的形質遺伝子座 (QTL) との相同性を明らかにすることを目的として実施された。タイのエダマメ系統 (MJ0004-6) とミャンマーからの導入系統 (R18500) との交雑に由来する 135 の F_{2,3} 系統を育成し、2011 年と 2012 年にカセサート大学実験圃場 (タイ国ナコンパトム県カンペンセン) で 2 反復の乱塊法を用いて解析した。分散分析の結果、調査したいずれの形質においても、系統と年次の効果は統計的に有意であり、また、遺伝子型と環境との相互作用も高度に有意であった。149 の多型

を示す SSR マーカーを解析し、これらのうち 129 個のマーカーを用いて 1,156 cM をカバーする 38 連鎖群からなる遺伝地図を構築した。QTL 解析の結果、両年を通じて種子収量形質に関わる 10 個の有意な QTL を見出した。これらの QTL はそれぞれ、表現型変異の 5% から 21.9% を説明した。特に、開花期、登熟期および 100 粒重に関わる 3 個の QTL が両年ともに検出された。検出された QTL の多くは以前の研究で報告された QTL と対応していたが、結実期間に関与する L および N 連鎖群の 3 個の QTL (*SF1*, *SF2* および *SF3*) と英数に関与する D1b 連鎖群の QTL (*PNI*) が本研究で新たに見出された。

Breeding Science 64: 282–290 (2014)

普通ソバ (*Fagopyrum esculentum* Moench) の高密度連鎖地図作成と QTL マッピングのための DNA マイクロアレイを用いた高速ジェノタイプマッピング

矢部志央理¹⁾・原 尚資²⁾・上野まりこ³⁾・榎 宏征⁴⁾・木村達郎⁴⁾・西村 哲⁴⁾・安井康夫³⁾・大澤 良²⁾・岩田洋佳¹⁾

(¹⁾東京大学大学院・農学生命科学研究科, ²⁾筑波大学大学院・生命環境科学研究科, ³⁾京都大学大学院・農学研究科, ⁴⁾トヨタ自動車株式会社 FP 部バイオ・ラボ)

遺伝研究やゲノム育種のためには、特にマイナー作物では、事前にゲノム情報を必要としないジェノタイプマッピングシステムが

利用できることが望ましい。本研究では、高密度連鎖地図の迅速な構築や量的形質遺伝子座 (QTL) マッピングに対する、ア

レイに基づく新たなジェノタイプピングシステムの可能性を明示した。本システムを利用することで、普通ソバ (*Fagopyrum esculentum* Moench) の正確な高密度連鎖地図の構築に成功した。同地図は 756 の遺伝子座で構成され、8,884 マーカーを含んでいる。連鎖群数は、普通ソバの基本染色体数 8 に収束した。P1 および P2 地図におけるそれぞれの連鎖群の長さは、773.8 および 800.4 cM であった。隣接する遺伝子座間の平均間隔は 2.13 cM であった。本研究で構築された連鎖地図は、他の普通ソバ集団

の解析にも有用であろう。また、主茎長に対して QTL マッピングを行い、4 箇所 の QTL を検出した。178 サンプルの DNA 抽出からジェノタイプピングまでに 37 日を要し、本システムは、普通ソバの数百サンプルに対するゲノムワイドマーカーのジェノタイプピングを個体が成熟する前に可能であることを示している。この新規システムは、事前のゲノム情報のないマイナー作物のゲノム育種に対して有用になるだろう。

Breeding Science 64: 291–299 (2014)

ダイズ品種「トヨハルカ」の耐倒伏性に関する量的形質遺伝子座

山口直矢¹⁾・佐山貴司²⁾・山崎敬之^{1,3)}・三好智明¹⁾・石本政男²⁾・船附秀行⁴⁾

¹⁾北海道立総合研究機構・十勝農業試験場、²⁾農業生物資源研究所、³⁾現：北海道立総合研究機構・農業研究本部、⁴⁾農研機構・近畿中国四国農業研究センター

ダイズの耐倒伏性は多収およびコンバインの収穫効率において重要な形質である。これまでにダイズの倒伏指数に関する量的形質遺伝子座 (QTLs) については多くの研究がされてきた。これまでに研究されてきた QTLs の多くは熟性遺伝子座や伸育性遺伝子座の近傍に位置づけられている。本研究の目的は熟性遺伝子座や伸育性遺伝子座と関連のない耐倒伏性の遺伝的要因を同定することである。耐倒伏性品種の「トヨハルカ」と「トヨムスメ」の組換え生殖系統を用いて QTL 解析を行った。「トヨハルカ」と「トヨムスメ」の遺伝子型はどちらも *e1e2E3E4 dl1* と推定された。4 年間の平均倒伏指数を用いた QTL 解析により、

染色体番号 19 に効果が大きく安定した QTL, *qLS19-1* を同定した。*qLS19-1* の近傍マーカーである Sat_099 の遺伝子型が「トヨハルカ」型である準同質遺伝子系統 (NIL) の倒伏指数は「トヨムスメ」型の NIL よりも有意に低かった。NILs と「トヨムスメ」の戻し交配系統の両方において、Sat_099 の「トヨハルカ」型アリルは子実収量や他の農業形質に悪影響を与えることはほぼなかった。これらの結果より、育種プログラムにおいて *qLS19-1* のマーカー選抜は耐倒伏性の向上に効果があると考えられる。

Breeding Science 64: 300–308 (2014)

Oryza sativa と *O. glumaepatula* の種間交雑後代に見出された染色体 2 に座乗する 2 個の連鎖する F₁ 花粉不稔遺伝子

阪田光和¹⁾・山形悦透¹⁾・土井一行^{1,2)}・吉村 淳¹⁾

¹⁾九州大学大学院・農学研究院、²⁾現：名古屋大学大学院・生命農学研究科

F₁ 花粉不稔は *Oryza* 属 AA ゲノム種間交雑の接合後生殖的隔離において重要な役割を果たす。本研究では、*Oryza sativa* ssp. *japonica* (反復親) と南アメリカ産の野生イネ *O. glumaepatula* の戻し交雑後代において染色体 2 の短腕末端に見出された F₁ 花粉不稔遺伝子 S22(*t*) 領域の遺伝的解剖を行った。その結果、S22(*t*) 領域においては 2 つの遺伝子座 (S22A および S22B) が連鎖しており、これらが独立に作用して F₁ 花粉不稔を引き起こすことが明らかとなった。S22A 座および S22B 座のいずれにおいても、*O. glumaepatula* 由来のアリル (S22A-*glum^a* と S22B-*glum^a*) を有する花粉粒がヘテロ接合体の時に不稔となった。S22A-*glum^a* アリルは雄性配偶子を介して後代に伝達しなかった

が、S22B-*glum^a* アリルは低頻度で伝達していた。開花時には、S22A による不稔花粉は二ないし三核期までしか達していないのに対し、S22B による不稔花粉はすべて三核期まで達しており、両アリルの伝達率の違いは、この開花期における不稔花粉の成熟度の違いにより引き起こされることが示唆された。また、遺伝学的解析によって、連鎖する 2 つの不稔アリルの相反は 2 遺伝子座間の組換え価に基づく高不稔を引き起こし、強い生殖的隔離障壁となりうることを示した。加えて、不稔アリルの後代への伝達率は、受精競争における競争相手のアリル頻度に依存して変化することを示した。

Breeding Science 64: 309–320 (2014)

セイヨウナタネ遺伝資源の遺伝的多様性の評価と拡大

Jinfeng Wu • Feng Li • Kun Xu • Guizhen Gao • Biyun Chen • Guixin Yan • Nian Wang • Jiangwei Qiao • Jun Li • Hao Li • Tianyao Zhang • Weiling Song • Xiaoming Wu

(Key Laboratory of Oil Crops Biology and Genetic Improvement, Ministry of Agriculture, Oil Crops Research Institute, CAAS, China)

遺伝資源コレクションの遺伝的多様性の評価は、その遺伝資源を品種の生産性を改善するための遺伝子プールとして利用できる潜在力の評価に有用である。本研究では、45の高精度なSSRマーカーが選抜され、世界のセイヨウナタネ (*Brassica napus*) 自殖系統248を含むコレクションの遺伝的基盤の評価に利用された。このコレクションの全体として、Aゲノムの遺伝的多様性はCゲノムより高く、半冬型のセイヨウナタネのCゲノムの遺伝的多様性は異なる遺伝資源のタイプの中で最も低かった。*B. oleracea* はセイヨウナタネのCゲノムの遺伝的多様

性の拡大によく使われるため、野生の *B. oleracea* の25系統の潜在力を評価した。セイヨウナタネに比べ、*B. oleracea* の対立遺伝子の変異が多く、遺伝的多様性が高いことがわかった。*B. oleracea* と *B. rapa* のそれぞれ1系統を用い、合成ナプスを作成し、半冬型のセイヨウナタネの6品種と交配し、7つのF₁雑種を作成した。これら雑種において、対立遺伝子の導入だけではなく、突然変異も観察され、遺伝的基盤が大幅に改善できることが示された。

Breeding Science 64: 321–330 (2014)

ダイズの青立ち抵抗性に関する主要な QTL

山田哲也¹⁾・島田信二²⁾・羽鹿牧太¹⁾・平田香里^{1,3)}・高橋浩司¹⁾・永谷妙子¹⁾・浜口秀生²⁾・前川富也²⁾・佐山貴司⁴⁾・林 武司^{2,5)}・石本政男⁴⁾・田中淳一^{1,5)}

(¹⁾農研機構・作物研究所, ²⁾農研機構・中央農業総合研究センター, ³⁾農研機構・東北農業研究センター, ⁴⁾農業生物資源研究所, ⁵⁾筑波大学大学院・生命環境科学研究科)

ダイズの青成ちは我が国のダイズ生産における重要な障害であり、青成ち症状の現れた個体では、莢は成熟するが茎の枯死が遅れる。この状態で機械収穫を行うと、茎の汁が子実の表面に付着し外観品質が損なわれる。著者らは、青成ち抵抗性系統である「東北129号」と青成ち感受性の主力品種「タチナガハ」の交雑に由来する組換え自殖系統 ($n=154$) を供試し、青成ち症状の圃場評価を6年間実施した。得られたデータを用いてQTL解析を実施した結果、青成ち抵抗性に寄与する3個のQTLが検出された。効果の大きさは $qGSD1$ (LG_H) $>qGSD2$ (LG_

F) $>qGSD3$ (LG_L) の順であり、いずれも「東北129号」型が「タチナガハ」型と比較して抵抗性型であった。これら3個のQTL領域が「東北129号」型となった系統は、青成ち発生率が「東北129号」と同様に低いことから、「東北129号」の青成ち抵抗性は、主にこれら3個のQTLの寄与によるものと考えられた。本研究では、上記の交雑に由来する材料のみを用いたが、得られたQTLおよび近傍DNAマーカーの情報は、青成ち抵抗性のダイズ品種開発において重要な情報となることが期待される。

Breeding Science 64: 331–338 (2014)

苦味がなくルチノシダーゼ活性がごくわずかなダットンソバ系統の発見と遺伝解析

鈴木達郎¹⁾・森下敏和²⁾・六笠裕治^{2,3)}・瀧川重信²⁾・横田 聡²⁾・石黒浩二²⁾・野田高弘²⁾

(¹⁾農研機構・北海道農業研究センター, ²⁾農研機構・北海道農業研究センター・芽室研究拠点, ³⁾故人)

約500系統のダットンソバ系統をスクリーニングし、ゲル内検出法でルチノシダーゼアイソザイムが検出できない系統を発見した。発見した個体における *in vitro* ルチノシダーゼ活性はごくわずかであった。その形質の遺伝様式を調査するため、ルチノシダーゼ活性がごくわずかな系統「f3g-162」と通常のルチノシダーゼ活性を持つ「北海T8号」の交配後代を調査した。F₂種子のルチノシダーゼ活性は、種子1グラムあたり1.5 nkat

以下のグループと、400 nkat以上のグループの2つに明確に分かれた。F₂世代での分離比が3:1に適合したことから、本形質は単一劣性遺伝子 (*rutA*) 支配と考えられた。また、粉の苦味の官能評価では、ルチノシダーゼ活性がごくわずかな個体は苦味がなかったが、通常のルチノシダーゼ活性の個体は強い苦味があった。ダットンソバは少なくとも3種類の苦味の原因物質を持つとされるが、本結果はルチンの分解が苦味生成の主要因

であることを示している。ルチノシダーゼ活性がごくわずかな「f3g-162」は、苦味の弱いダットンソバ品種の育成に有望と考

えられる。

Breeding Science 64: 339–343 (2014)

苦味がなくルチノシダーゼ活性がごくわずかなダットンソバ品種「満天きらり」の育成

鈴木達郎¹⁾・森下敏和²⁾・六笠裕治^{2,3)}・瀧川重信²⁾・横田 聡²⁾・石黒浩二²⁾・野田高弘²⁾

(¹⁾農研機構・北海道農業研究センター, ²⁾農研機構・北海道農業研究センター・芽室研究拠点, ³⁾故人)

苦味がなくルチノシダーゼ活性がごくわずかなダットンソバ品種「満天きらり」を育成した。農業特性改善のため、ネパール遺伝資源由来のルチノシダーゼ活性がごくわずかの系統「f3g-162」を種子親として日本の主要品種「北海 T8 号」を花粉親として交配した。後代系統は生産力検定試験に供試した。「満天きらり」のルチノシダーゼ活性は「北海 T8 号」の 266 分の 1 と低く、ゲル内染色法で検出できなかった。「北海 T8 号」の粉に加水して作成したドウは、加水後 10 分でルチンがほぼ完全に分解したが、「満天きらり」は加水後 6 時間でもほとん

ど分解しなかった。粉の官能評価では、ほぼ全てのパネリストが「北海 T8 号」の粉に強い苦味を感じたが、「満天きらり」では苦味を感じなかった。ルチンの分解が少なく苦味がないダットンソバ品種の育成は本報が初となる。また、「満天きらり」の農業特性は「北海 T8 号」とほぼ同様であった。以上より、「満天きらり」は苦味がなくルチンの多い食品原料として有望と考えられる。

Breeding Science 64: 344–350 (2014)

ニホンナシの収穫期と果皮色を支配する QTL の同定

山本俊哉¹⁾・寺上伸吾¹⁾・高田教臣¹⁾・西尾聡悟¹⁾・尾上典之¹⁾・西谷千佳子¹⁾・國久美由紀¹⁾・井上栄一²⁾・岩田洋佳³⁾・林 武司⁴⁾・板井章浩⁵⁾・齋藤寿広¹⁾

(¹⁾農研機構・果樹研究所, ²⁾茨城大学・農学部, ³⁾東京大学大学院・農学生命科学研究科, ⁴⁾農研機構・中央農業総合研究センター, ⁵⁾鳥取大学・農学部)

ニホンナシ「あきあかり」と「太白」の F₁ 集団を用いて、収穫期、果皮色、果肉硬度、果実重、果汁酸度、果汁糖度、収穫前落果の 7 種類の果実形質について QTL 解析を行った。構築した「あきあかり」の SSR 連鎖地図は 208 座から構成され、全長 799 cM、「太白」の SSR 連鎖地図は 275 座から構成され、全長 1039 cM であった。有意な QTLs のうち、収穫期に関連する 2 カ所、果皮色に関連する 1 カ所、果肉硬度に関連する 1 カ所の QTLs は、2 年連続で安定して検出された。収穫期の QTLs は、「太白」の第 3 連鎖群の下部 (BGA35 が近接マーカー) と

「太白」の第 15 連鎖群の上部 (PPACS2 あるいは MEST050 が近接マーカー) に検出され、ゲノムワイド関連解析の結果とよく一致していた。ACC 合成酵素の 1 つである PPACS2 遺伝子は、収穫期、収穫前落果および日持ち性に関連することが示唆された。第 8 連鎖群の上部に果皮色に関連する主要な QTL が検出された。本研究で得られた QTLs は、ニホンナシ育種プログラムにおける DNA マーカー選抜に有効であろう。

Breeding Science 64: 351–361 (2014)

蒸煮大豆の硬さに関する QTL 解析

平田香里^{1,2)}・増田亮一²⁾・坪倉康隆³⁾・安井 健²⁾・山田哲也²⁾・高橋浩司²⁾・永谷妙子²⁾・佐山貴司⁴⁾・石本政男⁴⁾・羽鹿牧太²⁾

(¹⁾農研機構・東北農業研究センター, ²⁾農研機構・作物研究所, ³⁾雪印種苗株式会社, ⁴⁾農業生物資源研究所)

蒸煮大豆の硬さは、煮豆や納豆などの加工適性において重要な形質である。この形質については、幅広い品種間差があ

るにもかかわらず、遺伝的な要因についてはほとんど解明されていない。蒸煮大豆の硬さの評価は煩雑であるため、この形

質を制御する遺伝子と連鎖する DNA マーカーを開発することは、大豆の品種育成にとって有用であると考えられる。本研究では、蒸煮大豆の硬さを制御する遺伝的要因を明らかにするため、蒸煮大豆の硬さに差がある大豆品種、「納豆小粒」および「兵系黒3号」の組換え自殖系統を用いて QTL 解析を実施した。解析の結果、効果が有意な QTL が2つ (*qHbs3-1* および *qHbs6-1*) 検出された。2つの QTL はそれぞれ第3染色体上および第6染色体上に検出され、いずれの QTL も「兵系黒

3号」型で蒸煮大豆が軟らかくなる効果を有することが示唆された。より効果が高かった *qHbs3-1* については、ヘテロ残余系統や他の交配組合せ由来の分離集団を用いた解析で、その効果の安定性が確認された。したがって、*qHbs3-1* に連鎖する BARCSOYSSR_03_0165 や BARCSOYSSR_03_0185 等の SSR マーカーは、蒸煮大豆の硬さの改良を目的とした品種育成において選抜マーカーとして有用であると考えられた。

Breeding Science 64: 362–370 (2014)

TILLING によって開発された新規の *GmFAD3-2a* 変異遺伝子はダイズ種子油中の α -リノレン酸含量を低下させる

星野友紀^{1,2)}・渡邊啓史¹⁾・高木 胖¹⁾・穴井豊昭¹⁾

(¹⁾佐賀大学・農学部応用生物科学科植物遺伝育種学分野, (²⁾山形大学・農学部食料生命環境学科植物遺伝育種学分野)

ダイズ (*Glycine max* (L.) Merr.) 油脂には、一般に8%の α -リノレン酸が含まれており、非常に不安定で容易に酸化される。この特性は、多くの食品および工業的用途において望ましくない。 α -リノレン酸含量を減少させるための遺伝的改変は、ダイズ油脂の商業的価値を高めると考えられる。しかしながら、ダイズ自然変異集団における低 α -リノレン酸含量の遺伝資源は限定されている。小胞体型 ω -3脂肪酸不飽和化酵素(FAD3)は、多価不飽和脂肪酸合成経路における α -リノレン酸の合成に関わっており、ダイズゲノム中には、4コピーの *FAD3* 相同遺伝子 (*Glyma02g39230*, *Glyma11g27190*, *Glyma14g37350* および *Glyma18g06950*) が存在する。一方、*Glyma02g39230* (*GmFAD3-1a*) と *Glyma14g37350* (*GmFAD3-1b*) の機能欠損アリルは既に報告されているが、*Glyma18g06950* (*GmFAD3-2a*) についてはほと

んど認められない。我々は TILLING 法を用いて、39,100 の独立した変異系統から、単一ヌクレオチド置換をそれぞれ含む7個の *GmFAD3-2a* 変異アリルを単離した。*GmFAD3-2a* の転写産物および酵素活性の分析の結果、1つのミスセンス変異体‘P1-A9’は *GmFAD3-2a* の機能欠損アリルを含むことが明らかになった。3種類の機能欠損アリル (*GmFAD3-1a*, *GmFAD3-1b*, および *GmFAD3-2a*) を組み合わせることで、我々は種子中に2%未満の α -リノレン酸を含有するダイズ系統を作出した。脂肪酸代謝経路における逆遺伝学的新規変異アリルの開発は、従来の育種法を用いた、より良質な油脂を生産するダイズの改良を可能とする。

Breeding Science 64: 371–377 (2014)

SNP マーカーを用いたアソシエーション解析によりアジア産オオムギ品種に検出された耐塩性関連 QTL

Sbei Hanen¹⁾・佐藤和広²⁾・Shehzad Tariq^{1,3)}・Harrabi Moncef⁴⁾・奥野員敏³⁾

(¹⁾筑波大学大学院・生命環境科学研究科, (²⁾岡山大学・資源植物科学研究所, (³⁾筑波大学・北アフリカ研究センター, (⁴⁾チュニジア国立農業研究所)

384 の SNP マーカーを用いたアソシエーション解析により耐塩性関連 QTL を検出するため、アジア産オオムギ 296 品種の耐塩性と SNP 遺伝子型を解析した。幼植物を 250 mM の NaCl 溶液中で水耕栽培し、幼苗期での耐塩性を評価した。評価には1反復あたり4個体で3反復、計12個体の平均値を用いた。耐塩性の程度を、葉の損傷度 (LIS) と葉数、苗長、根長、苗乾物重および根乾物重の耐塩性指数 (STI%, 塩処理区での形質値/無処理区での形質値 \times 100) に基づいて評価した。LIS は葉の壊死や退色の程度により1 (耐性強) ~ 5 (耐性弱) の5段階で評価した。アジア産オオムギ品種の耐塩性の程度には幅広い変異がみられた。LIS と苗乾物重の STI は耐塩性評価に最

適な形質であった。SNP マーカー座における遺伝子型と耐塩性評価データとのアソシエーションを解析し、LIS と STI (苗乾物重) を指標として耐塩性に関連する QTL の検出を試みた。その結果、染色体 1H (2 箇所)、染色体 2H (2 箇所)、染色体 3H (1 箇所)、染色体 4H (1 箇所)、染色体 5H (1 箇所) の合計7個の耐塩性関連 QTL を検出した。そのうち5個の QTL は LIS に関連し、残りの2個の QTL は STI (苗乾物重) に関連するものであった。染色体 3H と染色体 4H に検出された LIS に関連する2個の耐塩性 QTL は新規のものであった。

Breeding Science 64: 378–388 (2014)

低窒素条件でのトウモロコシの雑種能力の予測において、穀粒数が良い指標形質となることを、異なった窒素条件でのダイヤレル分析によって明らかにした

Xiuxiu Li¹⁾・Zhen Sun¹⁾・Xiaojie Xu¹⁾・Wen-Xue Li¹⁾・Cheng Zou¹⁾・Shanhong Wang¹⁾・Yunbi Xu^{1,2)}・Chuanxiao Xie¹⁾

¹⁾Institute of Crop Science, China, ²⁾International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), Mexico)

持続的な農業において、低窒素条件下での収量性の改善は重要な育種目標である。トウモロコシにおける低窒素ストレス耐性の遺伝的多様性とヘテロシスを評価するために、ダイヤレル交配による28のF₁雑種とその両親8系統を低窒素区(LN, 無窒素肥料栽培)と標準区(NN, 220 kg N/ha)で2年間栽培し、穂当たりの穀粒数(KNE)や個体当たり粒重(GY)を調査した。本研究や私たちのこれまでの研究における、遺伝率、収量との相関、低窒素ストレスへの感受性をまとめると、KNEは低窒素区での選抜の良い指標となることがわかった。また、

KNEは100粒重と比較して両窒素区、特に低窒素区において中間親を超える高いヘテロシスを示した。このことはKNEが低窒素区において収量性のヘテロシスに大きく貢献していることを示している。従って、KNEは低窒素ストレス耐性育種において雑種能力を予測するための良い指標形質となる。低窒素ストレスに耐性のハイブリッドの育種では、主に低窒素区での形質評価に頼っている。しかし、収量そのものによる選抜よりもKNEによる選抜の方がより着実に改良できるかもしれない。

Breeding Science 64: 389–398 (2014)

カザフスタンで収集した野生オオムギ (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*) のゲノムワイド SNP による遺伝的多様性の解析

Yerlan Turuspekov¹⁾・Saule Abugalieva¹⁾・Kanat Ermekbayev¹⁾・佐藤和広²⁾

¹⁾Institute of Plant Biology and Biotechnology, Kazakhstan, ²⁾岡山大学・資源植物科学研究所)

栽培オオムギの祖先型野生オオムギ *Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum* は栽培オオムギの遺伝子給源として重要である。本報告ではカザフスタンに生育するこの野生オオムギの分布域と遺伝変異を調査した。カザフスタンにおける野生オオムギの分布は南の地域に限られていた。ゲノム全体に分布する384個の一塩基多型(SNP)を用いてカザフスタン由来の14集団96系統ならびにこの野生オオムギの変異中心である中東から25系

統を比較解析した。多型を示した233のSNPを用いた解析の結果、カザフスタン由来の野生オオムギ集団の遺伝的多様性($H_e = 0.19 \pm 0.01$)は中東由来の材料($H_e = 0.29 \pm 0.01$)より小さかった。カザフスタンの野生オオムギ集団は、変異中心からの限られた集団が近年になって分布域を拡大し、冬期の低温にも適応したものと推察された。

Breeding Science 64: 399–403 (2014)

インゲンマメのダイズわい化ウイルス黄化系統抵抗性遺伝子 *Sdvy-1* に連鎖したDNAマーカーの開発と有効性検証

山下陽子¹⁾・竹内 徹¹⁾・奥山昌隆²⁾・佐々木純²⁾・小野寺鶴将²⁾・佐藤三佳子¹⁾・相馬ちひろ¹⁾・江部成彦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)

ダイズわい化ウイルス黄化系統 (Yellowing strain of Soybean dwarf virus, SbDV-YS) はインゲンマメ (*Phaseolus vulgaris*) に葉の黄化や減収をもたらす。本ウイルス病に最も効果的な対策は抵抗性育種である。白い種皮をもち、無限つる性の品種「大福」は接種検定においてSbDV-YS抵抗性を示す。我々は、赤い種皮をもち、有限わい性でSbDV-YSに感受性の優良品種「大正金時」を「大福」と交配したF₃系統を用いて Amplified-fragment-length polymorphism 解析を行った。抵抗性系統に特

異的な領域およびその周辺の塩基配列に基づいて5つのDNAマーカーを開発した。そのうちDV86, DV386およびDV398が抵抗性遺伝子 *Sdvy-1* と連鎖していた。開発したマーカーを用いて「大正金時」に *Sdvy-1* を導入した2つの準同質遺伝子系統(NIL)「十育B79号」および「十育B80号」を作成した。これらNILは「大正金時」と同様の伸育性、成熟期および粒形を示した。NILの煮熟特性は概ね「大正金時」と同様だったものの、NILでは裂皮粒率が親品種より高かった。接種検定で

は NIL への SbDV-YS 感染は認められなかった。以上の結果から、*Sbvy-1* はインゲンマメ抵抗性育種において、有用な SbDV-

YS 抵抗性遺伝子だと考えられる。
Breeding Science 64: 404–408 (2014)

黒ダイズ品種の種皮に含まれるフェノール化合物の遺伝的多様性

Siviengkhek Phommalath¹⁾・寺石政義¹⁾・吉川貴徳^{1,2)}・齊藤大樹¹⁾・築山拓司¹⁾・中崎鉄也¹⁾・谷坂隆俊^{1,2)}・奥本 裕¹⁾

(¹⁾京都大学大学院・農学研究科, ²⁾現: 吉備国際大学・地域創成農学部)

黒ダイズは、種皮にプロアントシアニジンやアントシアニンといったフェノール化合物を含んでいることから、食料としてだけでなく、伝統医薬としても使用されてきた。本研究の目的は、日本在来種を主とする 227 の黒ダイズ品種について、種皮に含まれるフェノール化合物含量の遺伝的多様性を明らかにすることである。フェノール化合物は種子から酢酸を含むアセトン溶液で抽出し、プロアントシアニジン含量、アントシアニン含量、総フラボノイド含量、総フェノール含量およびラジカル消去能を測定した。フェノール化合物において幅広い多様性が

示された。フェノール化合物の各含量は互いに相関が高く、ラジカル消去能と密接に関連していた。フェノール化合物の各含量は開花日と中程度の相関を示したが、種子重とは相関が認められなかった。紫の花色をもつ品種は、白の花色をもつ品種に比べて含量が高くなる傾向にあったことから、花色を決める *W1* 遺伝子座がフェノール化合物の構成と含量に影響を与えていることが示唆された。フェノール化合物を多く含む黒ダイズ品種の開発は難しくないと考えられた。

Breeding Science 64: 409–415 (2014)

ヒマワリにおけるイミダズリノンに起因するクロロシスの正確な評価法

Ochogavía, Ana Claudia^{1,3)}・Gil, Mercedes^{2,3)}・Picardi, Liliana^{2,4)}・Nestares, Graciela²⁾

(¹⁾Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Argentina, ²⁾Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Argentina, ³⁾CONICET, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina, ⁴⁾CIUNR, Consejo de Investigaciones de la Universidad Nacional de Rosario, Argentina)

クロロシスの程度はヒマワリのイミダズリノン除草剤抵抗性を評価する指標として利用できる。本研究の目的は、イマザピルを処理したヒマワリ幼植物におけるクロロシスを 2 つの方法により定量することである。供試材料はイミダズリノンに対する抵抗性が異なると報告されている 2 種類の自殖系統である。クロロシスの評価は光合成葉における色素の分光光度分析による定量およびスキャナーを用いた色相分析により行った。本報告では、色素の安定性を改良した色素抽出法を提示している。実験に供試した 2 系統のいずれにおいても、10 μM イマザピル処理により葉緑素含量が有意に減少した。Tomato Analyzer[®] に

より解析した葉色の減少が葉緑素含量と有意な正の相関を示したことから、葉色を測定することによりクロロシスを正確に評価できること、そして葉緑素含量を推定できることが示唆された。以上の結果より、イミダズリノンに起因するクロロシス、葉色変異および葉緑素含量の間での密接な関係が明らかになった。本研究で開発した 2 つの分析手法は、いずれも迅速、簡便な量的評価が可能であり、再現性もある。したがって、ヒマワリにおけるイミダズリノン除草剤抵抗性育種における大規模集団の評価・スクリーニングに利用可能である。

Breeding Science 64: 416–421 (2014)

Amaranthus cruentus を種同定するための簡便な PCR-RFLP マーカーの開発

朴 永俊¹⁾・西川友太郎²⁾・松島憲一¹⁾・南 峰夫¹⁾・根本和洋¹⁾

(¹⁾信州大学大学院・農学研究科, ²⁾農業生物資源研究所・遺伝資源センター)

アマランサス栽培種 3 種間におけるデンブン枝作り酵素遺伝子座 (*SBE*) の配列比較から、*Amaranthus cruentus* を種同定

する PCR-restriction fragment length (RFLP) マーカーを開発した。本実験では、まず、世界各地から収集された栽培種 3 種

72系統のSBEゲノム配列の部分領域をダイレクトシーケンス解析によって決定した。次に遺伝子配列のアライメントを行い、PCR-RFLP分析に使用可能な種特異的制限酵素サイトを捜した。その結果、MseIが*A. cruentus* SBEのintron 11に存在する5'-T/TAA-3'配列でのみ認識された。そこでSBE遺伝子から増幅された278 bp断片をMseIで処理して分析したところ、*A. cruentus*と*A. caudatus*および*A. hypochondriacus*間での種特

異的なRFLPパターンが得られた。すなわち*A. caudatus*および*A. hypochondriacus*では未消化であったが、*A. cruentus*では174 bpおよび104 bpの2つのバンドを生じた。従って、アマランサスSBE遺伝子でのPCR-RFLP分析は栽培種3種のうち、*A. cruentus*の種同定を行う簡便な技術であると考えられる。

Breeding Science 64: 422–426 (2014)

低温寡日照地域での促成栽培に適したイチゴ新品種‘新潟S3号’

濱登尚徳^{1,2)}・小竹 修^{1,3)}・小野長昭¹⁾・倉島 裕^{1,4)}・中野 優²⁾・岩本 嗣⁵⁾・高橋能彦²⁾

(¹⁾新潟県農業総合研究所・園芸研究センター、²⁾新潟大学大学院・自然科学研究科、³⁾現：巻農業振興部、⁴⁾現：新潟県農業総合研究所、⁵⁾神奈川工科大学・応用バイオ科学部)

早生で糖度が高く、着色の良い促成栽培向けのイチゴ新品種‘新潟S3号’を育成した。‘新潟S3号’は系812を種子親、‘アスカルビー’を花粉親とした交配集団から選抜された品種である。収穫開始日は2007年および2008年の平均で12月27日と、‘越後姫’より34日、‘アスカルビー’より9日早かった。2007年および2008年の2ヶ年平均で、商品果収量は‘越後姫’の85%、‘アスカルビー’の107%、早期収量は‘越後姫’の145%、‘アス

カルビー’の85%であった。果形は円錐形、果皮色は赤である。2008年試験における‘新潟S3号’の果皮硬度は31.5 g/mm²で‘越後姫’よりも硬く、平均糖度は11.4%で、‘越後姫’や‘アスカルビー’よりも高かった。さらに、‘新潟S3号’では頂部軟質果が発生しなかったことから、この品種は新潟県をはじめ冬季低温寡日照条件となる地域での栽培に適応的である。

Breeding Science 64: 427–434 (2014)