

多様な環境および需要に適したバレイショ品種育成に向けた取り組み

森 一幸¹⁾・浅野賢治²⁾・田宮誠司²⁾・中尾 敬¹⁾・森 元幸²⁾

(¹⁾長崎県農林技術開発センター, ²⁾農研機構・北海道農業研究センター)

日本でのバレイショの作型は春作, 夏作, 秋作, 冬作の4つに大別される。作型によって気温, 日長, 栽培期間などの生育環境は大きく異なり, それぞれの環境に適した品種が必要となる。異なる環境に適した品種を効率的に育成するために, 我が国では夏作を行う北海道と春作と秋作の二期作を行う九州に育種機関が設置され, それぞれの作型に適した品種育成が進められている。作型の違いに加えて, 用途によっても特性の異なる品種が求められる。バレイショの用途は, 生食用, 業務加工用, でん粉原料用に大別され, それぞれに求められる特性が異なっ

ているため, 用途に応じた選抜を進めている。また, 病害虫抵抗性の付与や多収性はいずれの作型および用途においても求められる重要な特性である。このような多様な栽培環境や需要に対応する品種を育成するために, 我々育種家は栽培特性や品質面での改良を続けている。本総説ではバレイショの新品種育成のための取り組みの他, 将来予測される危機への対応や遺伝変異拡大に向けた取り組みについて紹介する。

Breeding Science 65: 3–16 (2015)

日本におけるバレイショ原原種を起点とした採種体系について

川上 司・大堀英幹・田島和幸

(種苗管理センター)

バレイショは, 我が国の畑作における基幹作物の1つに位置づけられているが, 栄養繁殖のため塊茎により増殖される。1つの塊茎からは約10個の塊茎しか生産することができない。一度植物体が病害に侵されると著しく収量が減少するため, 良質の種イモ供給は必須である。健全で無病な種バレイショの生産と配付を目的として, 我が国の種バレイショ生産システムを改善するために, 政府により種バレイショの3段階増殖システムが確立された。独立行政法人種苗管理センター (NCSS) は, バレイショ原原種生産の役割を担っており, 病害虫の防除が徹底して行われる隔離されたほ場において厳密な生産管理を

行っている。近年, 原原種の配付量自体は減っているが, 原原種の品種数は着実に増えてきている。また, ジャガイモシストセンチュウ抵抗性など様々な用途に適した新品種も増えてきている。そのため, NCSSではこれらのバレイショ新品種の早期普及と増殖効率を上げるために, 養液栽培温室を用いたミニチューバー (MnT) 生産による新技術を導入している。本稿においては, 我が国における種バレイショ生産とNCSSの重要な役割の1つであるバレイショ原原種生産について述べる。

Breeding Science 65: 17–25 (2015)

バレイショ遺伝資源の多様性

町田(平野)僚子

(筑波大学遺伝子実験センター・生命環境系)

バレイショはナス科ナス属に属し, 形態的, 遺伝的に非常に多様な種が存在する。バレイショの分類学は, 種間交雑, 同質および異質倍数性, 有性および無性生殖の混在等で非常に複雑になっている。そのため, 分子ツールを用いたバレイショ分類体系の見直しは現在なされている。バレイショ遺伝資源は世界各国のジーンバンクに保存されており, 来歴情報や農業形質等の評価情報とともに研究や種苗増殖のために利用が可能であ

る。これらの遺伝資源はこれまで病害抵抗性等の優良形質の供給源として利用されてきた。近年, バレイショのゲノム配列が解明されたことに加え, 新たな分子ツールを用いた優良形質を制御する遺伝子の発掘, 同定や遺伝子導入法の開発も進展している。今後, より有効に遺伝資源を活用するためには, 明確な分類体系の確立および正確な種の同定が必須であると考えられる。

Breeding Science 65: 26–40 (2015)

バレイショ 遺伝資源保存における超低温保存の現状

新野孝男¹⁾・Miriam Valle Arizaga^{1,2)}

(¹⁾筑波大学遺伝子実験センター・生命環境系, ²⁾メキシコ国立農牧研究所・遺伝資源センター)

植物の超低温保存は、現在植物遺伝資源の長期保存戦略の一翼を担うまでになっている。バレイショでは、培養茎頂を用いた超低温保存がIPK（ドイツ）や国際ポテトセンター（ペルー）をはじめ、多くの国で、実用レベルで行われはじめている。これらの研究機関で用いられている手法は、培養茎頂にあらかじめ脱水耐性賦与処理を行った上で、脱水を行い、その後直接液体窒素に浸漬することにより、急速に茎頂を冷却できる。また、液体窒素中に保存した茎頂は、再生のため、液体窒素中からショ糖液に直接浸漬することで急速加温できる。そのため、再生後

の再生率は従来の手法と比べ高く、長期保存可能な実用的なレベルとなっている。しかし、これらの手法でも再生率が低くなる系統や作物があり、それを克服するには、健全で、単一の保存のための培養茎頂をどのように作成するかと液体窒素保存後の再生のための培地、環境条件等の検討が重要になっている。超低温保存技術は今後のジーンバンク事業における長期保存（Cryobanking）においてますます重要になると考えられる。

Breeding Science 65: 41–52 (2015)

バレイショの遺伝学，ゲノミクスと応用

渡邊和男

(筑波大学遺伝子実験センター・生命環境系)

バレイショは塊茎による栄養体繁殖の他、生殖について多様な独特の特性を持っている。これら特性は、遺伝的に異なる因子によって制御されている。これらの生殖特性の情報は、塊茎形成する *Solanum* 属から病虫害抵抗性などの特性を導入するために、種間雑種作成等に活用されてきた。バレイショ育種は、随時進展してきているが、多大な選抜集団や育種の所用時間などの資源の投資も大きいことは事実である。これら植物育種全般が抱える課題があるだけでなく、バレイショ育種の場合は倍數体に関わる遺伝学的複雑性も大きく関連している。四倍性

の遺伝は、バレイショ育種においてもっとも特徴的な事項である。遺伝地図および選抜マーカーは、バレイショ育種に貢献してきた。ゲノム情報は、さらにバレイショの進化について解明に資する方向性を提供し、かつ包括的にバレイショ育種を支援する。しかし、育種や遺伝資源に関わり、知的所有権の理解と整備が課題である。育種での有用な遺伝的変異拡大のために、モダンバイオテクノロジーを活用するためには、規制事項についても挑戦的な課題が存在している。

Breeding Science 65: 53–68 (2015)

バレイショにおけるウイルス病制御のための抵抗性育種促進を支援するウイルスと宿主の相互作用の探求

ヤリ バルコネン

(ヘルシンキ大学大学院・農業科学学科)

バレイショウイルス Y (PVY) とバレイショモップトップウイルス (PMTV) は、バレイショのウイルス病原であり、他のウイルス病と比べ、世界的に地理的発生分布が拡大し、経済的な被害が増大している。遺伝的多様性に富む PVY 株に対して、多くのバレイショ品種は、これら異なる PVY 株に対応できる幅広い抵抗性を持っていない。また、PMTV については効果的な宿主抵抗性は報告されていない。これらウイルスの媒介生物を制御することは、感染を防ぐための効果的なあるいは適用可

能な対処方法とはいえない。ウイルスと宿主の相互作用の研究は、ウイルス感染機構やウイルス防御機構に関連する植物側の遺伝子群を見いだすに資すると考えられる。ウイルス感染およびウイルス防御機構ともに、ウイルス抵抗性育種に役立つと考えられる。先端遺伝子工学は、効果的な抵抗性遺伝子やウイルス感染を阻害する突然変異した非機能性の宿主因子を付与することで、抵抗性を強化した新品種を作成する技法を提供する。

Breeding Science 65: 69–76 (2015)

シンク・ソース機能同時強化によるジャガイモ生産性向上

加藤 彰^{1,2)}・蘆田弘樹³⁾・笠島一郎^{1,4)}・重岡 成^{2,5)}・横田明穂^{1,2)}

(¹⁾ 奈良先端科学技術大学院大学・先端科学技術研究推進センター, (²⁾ 科学技術振興機構・戦略研究推進部クレスト, (³⁾ 神戸大学大学院・人間発達環境学研究所, (⁴⁾ 農研機構・花き研究所, (⁵⁾ 近畿大学・農学部)

主要6作物(トウモロコシ, イネ, コムギ, キャッサバ, ダイズ, ポテト)の年間総生産量は31億トンに達する。近年, 食糧として利用されてきた作物生産物が化石燃料や工業原料として利用され始めている。農業生産物の燃料や工業原料への転用は農耕地との競合や農産物の価格高騰など, 多くの国で懸念材料になりつつある。これらの懸念はもっともではある。しかし, もし植物バイオテクノロジーによって作物の現在の生産性を2倍に拡大できると, そこで生み出される余剰部分を食糧以外のものに転用することが可能となり, 食糧との競合は生まれません。

トウモロコシ, イネ, コムギやダイズではシンク組織は地上部に存在するが, ジャガイモではシンクは地中である。地上部に貯蔵組織を有する植物では, それらの組織を支える能力を超えては生産物を蓄えることはできないが, ジャガイモでは土壌が貯蔵組織を支えるので貯蔵組織の肥大化は可能である。このミニレビューでは, ジャガイモの生産性を強化する戦略を紹介し, この領域の最近の進捗の方向を議論する。

Breeding Science 65: 77-84 (2015)

遺伝子組換え技術を用いたバレイショの環境ストレス耐性研究の現状と分子育種の可能性

菊池 彰・Huu Duc Huynh・遠藤 司・渡邊和男

(筑波大学遺伝子実験センター・生命環境系)

地球温暖化が大きな問題として捉えられているが, これまでのバレイショの育種は生産性と品質, 耐病性の向上を目指し進められてきた。そのため, 現代の栽培品種は環境ストレスに対して弱く, 耐性形質の付与は, 将来に向けての重要な仕事であると考えられる。近年, 遺伝子組換え技術を用いた, 環境ストレスに関わる研究が数多くなされている。本稿では, 環境ストレス研究のうち, 乾燥と塩, 低温に着目して, 今世紀に発表された研究の紹介を行う。これら3種のストレスは相互に関連しているため, 導入遺伝子の特性と論文タイトルに基づいて, 活性酸素消去, 転写因子の2つを加え, 5つの項目に括り, 遺伝

子導入によるストレス耐性の強化と近縁種などの耐性に関わる遺伝子の同定に焦点をあてた。作出された遺伝子組換え体の実用性は, 未知なところもあるが耐性付与に成功してきている。また, 野生種を含むバレイショには環境ストレス耐性に関わる形質が存在しており, 新たな耐性遺伝子の発見が期待される。将来的には, 遺伝子組換えによる形質の付与, DNA マーカーを用いた野生種からの交配育種などといった分子育種によりバレイショの環境ストレス耐性が強化されていく事が考えられる。

Breeding Science 65: 85-102 (2015)

3A 染色体上の *MOTHER OF FT AND TFL1* に焦点を絞った日本のコムギ系統における種子休眠の分子・系統解析

蝶野真喜子¹⁾・松中 仁²⁾・関 昌子³⁾・藤田雅也¹⁾・乙部千雅子¹⁾・小田俊介¹⁾・小島久代¹⁾・中村信吾¹⁾

(¹⁾ 農研機構・作物研究所, (²⁾ 農研機構・九州沖縄農業研究センター, (³⁾ 農研機構・中央農業総合研究センター)

コムギ (*Triticum aestivum* L.) 品種「ゼンコウジコムギ」では, 3A 染色体上に座乗する *MOTHER OF FT AND TFL1* (*MFT-3A*) のプロモーターにある一塩基多型 (SNP) により遺伝子の発現量が増大し, その結果, 種子休眠が強くなる。我々は, 「ゼンコウジコムギ」型 (Zen-type) SNP を検出する DNA マーカーを使って, 日本のコムギ系統における *MFT-3A* の遺伝子型を調べ, 324 系統中 169 系統が Zen-type SNP を有していることを見

いだした。日本の栽培品種において, Zen-type SNP の頻度は日本の南部では著しく高かったが, 北部では低かった。 *MFT-3A* の遺伝子型と種子休眠との関係を調べるため, 発芽試験を3年にわたり行った。平均して, Zen-type SNP を有する系統が非 Zen-type SNP を有する系統よりも強い種子休眠を示した。栽培品種の中では, 「イワイノダイチ」(九州), 「ジュンレイコムギ」(近畿-中国-四国), 「キヌヒメ」(関東-東海), 「ネバリゴシ」

(東北-北陸), 「きたもえ」(北海道) が各地理的グループで最も強い種子休眠を示し, 「きたもえ」を除く全ての品種が Zen-type SNP を有していた。近年では, 東北-北陸地域で Zen-type

SNP を有する系統数が増加しているが, 北海道地域では増加していない。

Breeding Science 65: 103-109 (2015)

作物生産の向上をめざした根伸長角度の遺伝的改良

宇賀優作¹⁾・木富悠花¹⁾・石川 寛²⁾・矢野昌裕^{1,3)}

(¹⁾農業生物資源研究所, ²⁾農業環境技術研究所, ³⁾現: 農研機構・作物研究所)

作物にとって根系は養水分の吸収や地上の茎葉を支えるうえで必須の器官である。しかし, これまで根系は育種対象として扱われることはほとんどなかった。なぜなら, 地上部形質に比べ, 地面から掘り起こす必要のある根系形質は選抜時の個体評価にかなりの労力と時間を必要とするからである。根伸長角度は土壌中の根の伸長方向を決定するため, 根が土壌から養水分を吸収できる領域に大きく影響する。本レビューでは, はじめ

に, 作物生産に対する根伸長角度の重要性について, つぎに, 根伸長角度の制御メカニズムについて述べる。最後に, イネにおける根伸長角度に関する量的形質遺伝子座の最近の知見をもとに, 根伸長角度の遺伝的改良による作物生産性の向上の可能性について議論する。

Breeding Science 65: 111-119 (2015)

イネの種子形に関する遺伝子の分子機能

Jia Zheng・Yadong Zhang・Cailin Wang

(Institute of Food Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Jiangsu High Quality Rice Research and Development Center, Nanjing Branch of China National Center for Rice Improvement, China)

イネの種子形は収量を決定する重要な形質であり, 関与する遺伝子の単離と解析が育種プログラムにおいて注目されてきた。近年, いくつかの種子形に関する遺伝子が単離された。それらの遺伝子は, 籾の形態に関与するだけでなく, 細胞分裂

の制御を通じて胚乳形成にも作用することが明らかとなっている。本論文では, 種子形に関する遺伝子とそれらの制御機構に関する最近の研究について概説する。

Breeding Science 65: 120-126 (2015)

ケツルアズキ [*Vigna mungo* (L.) Hepper] ジーンプールの遺伝的多様性に関する SSR 解析

Anochar Kaewwongwal・Alisa Kongjaimun・Prakit Somta・Sompong Chankaew・Tarikar Yimram・Peerasak Srinives

(Department of Agronomy, Faculty of Agriculture at Kamphaeng Saen, Kasetsart University, Thailand)

本研究では, ケツルアズキ (*Vigna mungo* (L.)) の遺伝的多様性を 22 個の SSR 標識を用いて評価した。供試材料は, 520 栽培系統および 14 野生系統である。全体で 199 個, 座あたり 9.05 個の対立遺伝子が観察された。野生ケツルアズキは栽培型より高い遺伝的多様性を示した。栽培型の遺伝子多様度は地域間で類似していたが, 対立遺伝子数は南アジアの集団で他の地域の集団に比べて多かった。野生系統で観察された遺伝的多様性の 76.67% が栽培型に存在しており, ケツルアズキにおける栽培化に伴うビン首効果は比較的小さかったものと考えられる。遺伝距離を解析した結果, 栽培型は東南アジアの野生系統より南

アジアの野生系統に類似していた。構造解析, 主座標分析および近隣結合法による解析から, 供試 534 系統は 3 つのグループに分かれ, 南アジアの栽培型は, 西アジアの栽培型と遺伝的に異なった。*Vigna* 属のアズキ, リョクトウ, タケアズキなど他の近縁種で得られた SSR 分析結果との比較から, ケツルアズキの遺伝的多様性のレベルはリョクトウやタケアズキの多様性のレベルに匹敵するが, アズキの多様性に比べて小さいことが明らかとなった。

Breeding Science 65: 127-137 (2015)

Eucalyptus urophylla × *E. tereticornis* における小孢子形成と花形成

Jun Yang^{1,2)}・Xiangyang Kang^{1,2)}

(¹⁾National Engineering Laboratory for Tree Breeding, Beijing Forestry University, P R China, (²⁾Key Laboratory for Genetics and Breeding of Forest Trees and Ornamental Plants, Ministry of Education, Beijing Forestry University, P R China)

Eucalyptus urophylla × *E. tereticornis* における小孢子形成と花形成の比較を行った。小孢子形成と細胞質形成は花粉母細胞が減数分裂する際に同時に生じていたが、1つの花芽における異なる葯では発生の異時性が観察された。葯における小孢子形成の形成期間は、長い雄ずい（花柱により近い）が短い雄ずい（花柱から離れた）よりも前に生じていた。花形成は、1つの枝における異なる場所でも異時性を示した。花芽は枝の下方で発達し、周囲長は著しい増加を示した。加えて、小孢子形成と花芽

発達間には関係が認められた。一般的に、花枝の先端で小さな単一の花芽にパキテン期が観察されると、続く5～9日で枝全体において小孢子期（ディプロテン期から四分体期まで）が生じていた。*Eucalyptus urophylla* × *E. tereticornis* における小孢子形成の開始が決定されたことにより、将来的に育種研究に適用されるかもしれない。

Breeding Science 65: 138–144 (2015)

次世代シーケンスを利用したレトロトランスポゾン挿入部位多型解析によるサツマイモ連鎖地図の作成

門田有希¹⁾・原拓也¹⁾・岡田吉弘²⁾・謝花治³⁾・小林晃⁴⁾・田淵宏朗⁴⁾・翁長彰子³⁾・田原誠¹⁾

(¹⁾岡山大学大学院・環境生命科学研究科, (²⁾農研機構・九州沖縄農業研究センター糸満駐在, (³⁾沖縄県農業研究センター, (⁴⁾農研機構・九州沖縄農業研究センター都城研究拠点)

サツマイモは $2n=6x=90$ の多くの染色体をもつ他殖性六倍体の作物種である。世界的に重要な農作物種の1つであるが、遺伝学的に複雑であるため遺伝解析は進んでおらず、全ゲノム配列も未だ明らかではない。本研究では、サツマイモ品種「パープルスイートロード (PSL)」と「90IDN-47」の交配集団を用い、レトロトランスポゾンの挿入部位多型を利用することにより、遺伝連鎖地図を作成した。次世代シーケンス技術を利用した解析により、多数の *Rtsp-1* レトロトランスポゾンの挿入部位を同定し、交配集団におけるそれら挿入部位の分離比を基に、対立遺伝子座の状態 (simplex, duplex, triplex) を推定した。シェードテストクロス法による連鎖解析の結果、PSL および 90IDN-

47の両親品種に関して、それぞれ43および47の連鎖群を同定した。興味深いことに、それら挿入部位の大部分 (~90%) は simplex の状態で存在していた。そのためレトロトランスポゾンの挿入部位多型は、多倍数性であるサツマイモの連鎖解析に極めて有用であることが示唆された。また、今回私たちが用いた手法は、短時間かつ比較的簡便な遺伝子型解析を可能にした。今回作成された連鎖地図のマーカー数は遺伝子同定に十分ではないものの、本研究の試験的な解析結果により、レトロトランスポゾンの挿入部位多型がサツマイモの連鎖地図作成に極めて有効であることが示された。

Breeding Science 65: 145–153 (2015)

ダイズの組換え自殖系統における有限および無限伸育型系統の子実収量およびその収量構成要素

加藤信¹⁾・藤井健一朗²⁾・湯本節三³⁾・石本政男²⁾・白岩立彦⁴⁾・佐山貴司²⁾・菊池彰夫¹⁾・西尾剛⁵⁾

(¹⁾農研機構・東北農業研究センター, (²⁾農業生物資源研究所, (³⁾農研機構・作物研究所, (⁴⁾京都大学大学院・農学研究科, (⁵⁾東北大学大学院・農学研究科)

ほとんどが有限伸育型である日本のダイズ品種の生産性を高めるため、育種における無限伸育性の有用性を評価した。有限伸育型の日本品種および無限伸育型の米国品種を両親とした2組合せの組換え自殖系統を秋田および京都で栽培し、個体当

り子実重および収量構成要素を伸育型間で比較した。伸育型による個体当たり子実重の差は比較する系統の熟期によって異なった。早生系統では、無限伸育型の個体当たり子実重は、秋田で比較したときに有限伸育型より多かったが、京都ではその

ような差は認められなかった。収量構成要素の中では、一莢内粒数はいずれの熟期においても無限伸育型が有限伸育型より多かった。無限伸育型系統の個体当たり莢数および粒数は、早生の系統を秋田と比較したとき有限伸育型より多かった。以上の

結果より、東北地域で早生の多収品種を育成する上で、無限伸育性は有用な形質であることが示唆された。

Breeding Science 65: 154–160 (2015)

イネの温度感受性クロロフィル欠失変異体 1 の生理的特性と原因遺伝子のファインマッピング

Jin Liu¹⁾・Jiayu Wang¹⁾・Xiaoyun Yao¹⁾・Yu Zhang¹⁾・Jinquan Li²⁾・Xiaoxue Wang¹⁾・Zhengjin Xu¹⁾・Wenfu Chen¹⁾

(¹⁾Shenyang Agricultural University, China, (²⁾Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Germany)

クロロフィル含量はイネのバイオマスや収量を制御する重要な形質である。今回、私たちはイネの戻し交配組換え自殖系統の集団から温度感受性クロロフィル欠失変異を見出し、thermo-sensitive chlorophyll deficit 1 (*tscd1*) と名付けた。*tscd1* 植物体は幼植物から分げつ期まで葉が黄化し、クロロフィル含量が低いものの正常に生育して、穂ばらみ期以降は有意な違いはなくなる。22°C以下では、*tscd1* 変異体は顕著な黄色の表現型を示す。温度が上昇するのに伴って、黄色の葉は徐々に緑色となり、野生型の葉色に近づく。野生型と *tscd1* 変異体では葉緑体の構造

や光合成色素の前駆体の含量が大きく異なっており、その結果、葉緑体の発達は不良となり黄化する。遺伝解析の結果、変異形質は単因子劣性の核遺伝子支配であることがわかった。ファインマッピングを行い、*tscd1* が第2染色体の長腕上の 34.95 kb に座乗することが明らかになった。その領域には8個の推定遺伝子が含まれていた。現在、*tscd1* の単離を進めている。分げつ期前であつ生育量にほとんど影響しないクロロフィル欠失変異は、ハイブリッドの純度の確認に役立つかもしれない。

Breeding Science 65: 161–169 (2015)

イネごま葉枯病圃場抵抗性に関与する主要な QTL の検証および新たな抵抗性 QTL の同定

佐藤宏之¹⁾・松本憲悟²⁾・太田千尋²⁾・山川智大²⁾・木原淳一³⁾・溝淵律子⁴⁾

(¹⁾九州沖縄農業研究センター, (²⁾三重県農業研究所, (³⁾島根大学・生物資源科学部, (⁴⁾農業生物資源研究所)

ごま葉枯病はイネの主要な病害の1つである。「Tadukan」等、一部の在来品種には、圃場抵抗性が見いだされているが、商業上有用な抵抗性品種はまだ育成されていない。筆者らは以前、「Tadukan (抵抗性)」と「ヒノヒカリ (罹病性)」の交雑に由来する RIL の幼苗を用いた室内検定により、3つの QTL (*qBS2*, *qBS9* および *qBS11*) が本病害の抵抗性に関与していることを報告した。本研究では、ごま葉枯病激発圃場に RIL およびそれらの両親を実際に移植し QTL の効果を検証した。その結果、第1, 4 および 11 染色体上に、「圃場抵抗性」に関与する3つの QTL (*qBSR1*, *qBSR4* および *qBSR11*) が新たに検出された。*qBSR1* および *qBSR11* では「Tadukan」型のアリルが、一方 *qBSR4* では「ヒノヒカリ」型のアリルが抵抗性を付与することが示された。今回の圃場検定で検出された主要な QTL で

ある *qBSR11* は、幼苗検定で検出された *qBS11* と座乗位置が一致した。一方、*qBSR1* および *qBSR4* は今回新たに検出された QTL である。また、幼苗検定で検出された *qBS2* および *qBS9* は圃場検定では検出されなかった。次に、2つの圃場抵抗性 QTL (*qBSR1* および *qBSR11*) の「Tadukan」型アリルを「コシヒカリ (罹病性)」の遺伝背景に取り込んだ同質遺伝子系統 (NIL) を作成し、圃場抵抗性を検証したところ、*qBSR11* を単独で保有する系統の罹病度は、「コシヒカリ」の罹病度と有意差を示し、この QTL の導入効果が認められた。一方、*qBSR1* の効果は小さく導入効果は認められなかった。以上の結果より、*qBSR11* に連鎖する DNA マーカーを用いた選抜を行うことにより、ごま葉枯病抵抗性育種が今後推進するものと期待される。

Breeding Science 65: 170–175 (2015)