

ブラウンミドリブ-12 (bmr) スーダングラスにおける酸性デタージェントリグニン、耐倒伏性、そして、コーヒー酸-O-メチル転移酵素遺伝子の発現

Yuan Li^{1,2)} • Guibo Liu²⁾ • Jun Li³⁾ • Yongliang You²⁾ • Haiming Zhao²⁾ • Huan Liang⁴⁾ • Peisheng Mao¹⁾

¹⁾Department of Grassland Science, College of Animal Science and Technology, China Agricultural University, China, ²⁾Dryland Farming Institute, Hebei Academy of Agricultural and Forestry Sciences, China, ³⁾Institute of Animal Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, China, ⁴⁾Department of Animal Science, Southwest University, China)

酸性デタージェントリグニン (ADL) と耐倒伏性インデックス (LRI) との関係を理解することは、brown midrib (bmr : 茶色の中肋) スーダングラス (*Sorghum sudanense* (Piper) Stapf.) の品種育成に欠かせない。本研究において、戻し交配によって作出した bmr-12 の準同質遺伝子系統と野生型系統を用いて、収量と品質関連形質を調査した。また、定量 PCR によりコーヒー酸-O-メチル転移酵素遺伝子 (COMT) の発現を解析した。bmr-12 変異系統の平均 ADL 含量 (20.94 g kg^{-1}) は、野生型系統である N-12 系統 (43.45 g kg^{-1}) と比較して有意 ($P < 0.05$)

に低かった。一方、bmr-12 系統の LRI (0.29) は、N-12 系統 (0.22) よりも有意 ($P < 0.05$) に高かった。bmr-12 系統の ADL 含量と LRI との間には有意な相関 ($r = -0.44, P > 0.05$) は認められなかった。bmr-12 系統の COMT 遺伝子の配列を比較したところ、2 箇所の変異が見つかった。このうち 2 つ目の変異では 129 番目のグルタミン酸 (CAG) がストップコドン (UAG) に置換していた。bmr-12 変異体では、COMT 遺伝子の発現が有意に減少しており、このことが ADL 含量の減少を引き起こしている可能性がある。
Breeding Science 65: 291–297 (2015)

トウモロコシの幼苗期の乾燥ストレスに対する根系形態の遺伝的変異

Rongyao Li^{1,2,4)} • Yijin Zeng^{1,2)} • Jie Xu^{1,2)} • Qi Wang^{1,2)} • Fengkai Wu^{1,2)} • Moju Cao^{1,2)} • Hai Lan^{1,2)} • Yaxi Liu³⁾ • Yanli Lu^{1,2)}

¹⁾Maize Research Institute, Sichuan Agricultural University, China, ²⁾China Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Maize in Southwest Region, Ministry of Agriculture, China, ³⁾Triticeae Research Institute, Sichuan Agricultural University, China, ⁴⁾Agronomy College, Sichuan Agricultural University, China)

トウモロコシの根系は水や養分の吸収にとって極めて重要であるにもかかわらず、観察の難しさによってほとんど研究が進んでいない。本研究では、103 のトウモロコシ系統について、十分な水分を与えた条件と水分ストレス条件下での根系形態を比較した。根系形態に関して、大きな遺伝的な変異と有意な形質間相関が認められた。全根長および根の全表面積に変異が認められ、全根長は根の全表面積、根量、分枝程度と正の相関が認められた。主成分分析における第 1 および第 2 主成分を合わせて、十分な水分を与えた条件および水分ストレス条件下でそれぞれ全変異の 94.01% および 91.15% を説明できた。したがっ

て、根の形態変異の主要因である全根長と根の全表面積は、幼苗期の選抜指標として利用できる。Stiff stalk および non-stiff stalk グループ (温帯型) では熱帯あるいは亜熱帯型に比べて根系形態の変異が大きいことを見いだした。調査した系統のうち、乾燥に対して 7 系統は非常に弱い、42 系統はやや弱い、45 系統はやや耐性および 9 系統は非常に強いと分類できた。強い耐性を示す 9 系統のうち、7 系統は熱帯 / 亜熱帯型から由来することから、熱帯 / 亜熱帯型は環境ストレス耐性の改良に利用可能な有望な遺伝資源を含んでいると示唆された。
Breeding Science 65: 298–307 (2015)

戻し交雑後代を用いた QTL 解析はイネ日印交雑における種子形の複雑な遺伝制御を明らかにする

永田和史¹⁾・安藤 露¹⁾・野々上慈徳^{1,2,3)}・水林達実¹⁾・北澤則之¹⁾・正村純彦¹⁾・松原一樹^{1,4)}・小野 望²⁾・溝淵律子¹⁾・柴谷多恵子¹⁾・小木首映里¹⁾・堀 清純¹⁾・矢野昌裕^{1,4)}・福岡修一¹⁾

(¹⁾ 農業生物資源研究所, ²⁾ 農林水産先端技術研究所, ³⁾ 現: 岩手県農業研究センター, ⁴⁾ 現: 農研機構作物研究所)

種子形はイネの収量に関わる重要な形質である。F₂ や組換え自殖系統群を用いてこの形質に関わる多数の量的形質遺伝子座 (QTL) が同定されているが、これらの集団では戻し交雑後代に比べて作用力が小さい QTL の検出が困難である。本研究では、2 種類の戻し交雑後代集団 (染色体断片置換系統群 [CSSLs] と 2000 個体以上からなる BC₄F₂ 系統群) を 2 種類の改良品種: 円粒・短粒の日本型品種 (コシヒカリ) と長粒・細粒のインド型品種 (IR64) の遺伝背景で作出し、両集団における籾長と籾

幅に関する QTL の検出力を F₂ 集団と比較した。F₂ 集団では 8 個の QTL を検出したのに対して、CSSL では 47 個、BC₄F₂ では 65 個の QTL を検出した。以上の結果は、戻し交雑後代集団が複雑な遺伝制御を受ける農業形質に関与する QTL の検出に有効であることを示す。また、種子形の QTL と連鎖する DNA マーカーはコシヒカリあるいは IR64 の遺伝背景における最適な対立遺伝子の組合せを選抜するのに役立つ。

Breeding Science 65: 308–318 (2015)

インドのコムギ遺伝資源におけるピューロインドリンアレルの多様性と新たな変異型アレルの同定

Rohit Kumar¹⁾・Shaweta Arora¹⁾・Kashmir Singh²⁾・Monika Garg¹⁾

(¹⁾National Agri-Food Biotechnology Institute, India, ²⁾Department of Biotechnology, Panjab University, India)

穀粒硬度はコムギの製品開発に影響を与える重要な品質である。この形質はピューロインドリンタンパク質 (PINA および PINB) の変異により支配されている。我々の研究では、551 のインドのコムギ遺伝資源系統の *Pina* および *Pinb* 遺伝子の多様性を評価した。82 系統が最終的に選ばれ、完全長塩基配列の決定および穀粒硬度の研究に供された。塩基配列の決定による研究では、これまで知られていない 6 つのアレルが見つかった。すなわち 2 つは *Pina* 遺伝子で、4 つは *Pinb* 遺伝子である。それらのうちの 5 つは新規のもので、非同義的置換により対応するアミノ酸配列が変化していた。推定成熟タンパク質、プレ、

あるいはプロペプチド内に見いだされた突然変異は、穀粒の硬度の特徴に影響を与えるであろう。我々はこれらの 82 系統を、国際的な、あるいはインドで用いられている分類体系によって異なる硬度のカテゴリーに分類した。インドのコムギの大部分は硬質コムギに分類された。この研究は、まだ研究されていないインドのコムギ遺伝資源は、異なるテクスチャーの性質を持つコムギをマーカー利用選抜により育種し獲得することを助けるであろう。*Pina* および *Pinb* 遺伝子の遺伝的変異のよい供給源であることを示す。

Breeding Science 65: 319–326 (2015)

葉の水分保持能が減退するクチン欠損オオムギ突然変異 *eceriferum-ym* (*cer-ym*) の特徴づけとマッピング

李 超^{1,2)}・劉 成²⁾・Xiaoying Ma¹⁾・Aidong Wang¹⁾・Ruijun Duan¹⁾・Christiane Nawrath³⁾・小松田隆夫²⁾・陳 国雄^{1,2)}

(¹⁾ 中国科学院寒区乾燥地域環境技術研究所, ²⁾ 農業生物資源研究所, ³⁾ ローザンヌ大学)

クチクラは陸上植物の地上部を被うことで、水分保持等の重要な機能を果たしている。オオムギ (*Hordeum vulgare* L.) のクチクラ劣性突然変異体 *eceriferum-ym* (*cer-ym*) は異常な光沢のある穂、葉鞘、葉身を示す。この *cer-ym* は野生型に比べ、根を除去した乾燥処理に高感受性で、また切除した葉片は一時間で 41.8% もの水分を消失したが野生型は僅かに 7.1% を消失し

た。この突然変異で気孔機能は影響を受けないがクチクラの水透過性が高まることから、葉のクチクラの欠陥を示唆し、トルイジンブルー染色によって確認された。突然変異の葉は主要なクチン単量体の含有量を大きく低下し、主要なワックス成分のわずかな上昇を呈しただけで、クチクラの水透過性の上昇はクチン濃度低下の結果であることを示している。*cer-ym* は染色体

4H, AK370363 と AK251484 (いずれも EST マーカー) の間の 0.8 cM の間にマップされた. これらの結果は, *cer-ym* 突然変異体の乾燥感受性は葉のクチンの欠陥が原因で, *cer-ym* は染色体

4H の動原体周辺に座乗することを示唆している.

Breeding Science 65: 327–332 (2015)

Bt 遺伝子を発現する日長ならびに温度感受性の雄性不稔イネの開発

Xin Liu¹⁾ • Jiwen Zhang¹⁾ • Cuicui Zhang¹⁾ • Liangchao Wang¹⁾ • Hao Chen¹⁾ • Zengrong Zhu²⁾ • Jumin Tu¹⁾

(¹⁾Institute of Crop Science, College of Agriculture and Biotechnology, Zhejiang University, China, (²Institute of Insect Sciences, College of Agriculture and Biotechnology, Zhejiang University, China)

ニカメイガやコブノメイガは世界的に重要なイネの害虫である. 私たちは *cry1Ab/lAc Bt* (*Bacillus thuringiensis*) 遺伝子を持つ Huahui 1 との交雑により, *Bt* 遺伝子を持つ日長ならびに温度感受性雄性不稔 (PTSMS) イネ系統, 208S を開発した. 208S とそのハイブリッドはニカメイガやコブノメイガに対して高度に安定した抵抗性を示した. *Cry1Ab/lAc* タンパク質の含量は緑色組織では供与親とほぼ同じ程度であり, 非緑色組織ではほとんど蓄積していなかった. 208S とそのハイブリッドにおいて, *Bt* 遺伝子に関する優性の量的効果は認められなかつ

た. 208S は長日, 高温下では完全に不稔であるのに対し, 短日, 低温下では部分的な稔性を示した. また, 208S は優れた種子品質を示し, 良好な組合せ能力を持つ一方, *Bt* 遺伝子による稔性や農業形質における負の影響は確認できなかった. さらに, 208S は雄性不稔系統として Huahui 1 と同様に稔性の低下を示さなかった. こうして, 208S は虫害抵抗性のためのハイブリッド生産において利用価値が高く, *Bt* 遺伝子を利用したイネの品種育成において橋渡しの材料として利用できる.

Breeding Science 65: 333–339 (2015)

イネ第 12 染色体長腕に挿入された 1 コピーのトランスポゾン *mPing* に関する遺伝的分離の歪み

堀端 章 • 柿窪善浩 • 加藤恒雄

(近畿大学生物理工学部)

クラス II のトランスポゾン *mPing* は, イネゲノムに広く存在し, 通常の栽培条件下でも転移することができる. 我々は, 第 12 染色体の長腕上に 1 コピーの *mPing* の挿入を見出した. この挿入に関するヘテロ接合体と *mPing* をもたないホモ接合体との正逆戻し交雑の F₁ 植物では, ヘテロ接合体に由来する *mPing* をもつ雄性配偶子が次世代に伝達される頻度は, *mPing* をもたない雄性配偶子に比べて低く, その結果として, 戻し交雑後の F₁ 植物と同様, 自殖次代においても遺伝的分離の歪みが生じることが明らかとなった. 柱頭上での発芽程度は, *mPing* をもつ花粉がもたない花粉に比べて低い傾向にあったが, その差は, 雄性配偶子における *mPing* の伝達率の低下を説明できるほどで

はなかった. さらに, ホモ接合体における *mPing* の切り出しは観察されなかった. 以上の結果から, *mPing* をもつ雄性配偶子は, *mPing* をもたない雄性配偶子との負の競争によって, 受粉から受精までの間に部分的に排除されていることが示唆された. 減数分裂時の *mPing* をもたない小胞子の形成異常も分離の歪みの原因となり得るが, この点に関しては調査できなかった. この *mPing* の近傍には, 少なくとも 2 つの機能未同定の ORF が存在しており, これらの ORF のいずれか一方または両方が, 雄性配偶子の正常な機能発現に必要である可能性がある.

Breeding Science 65: 340–344 (2015)

マーカー選抜育種による非感光性日本型イネ品種へのイネツングロ病ウイルス抵抗性の導入

Junghyun Shim¹⁾ • Gideon Torollo¹⁾ • Rosalyn B. Angeles-Shim^{1,3)} • Rogelio C. Cabunagan¹⁾ • Il-Ryong Choi¹⁾ •

Un-Sang Yeo^{1,2)} • Woon-Goo Ha^{1,2)}

(¹) 国際イネ研究所 • 遺伝育種バイオテクノロジー部門, フィリピン, (²) 国立農務省農村開発部作物科学研究所, 韓国, (³) 名古屋大学生命科学研究センター)

イネツングロ病は熱帯におけるイネの重要病害のひとつである. イネツングロ病は, イネツングロ病球状ウイルスとイネツ

ングロ病桿状ウイルスの混合感染により引き起こされる. 日本型品種の熱帯アジアでの栽培は, しばしば制約が伴うが, それ

は熱帯地域の短日条件に感受性が高いためである。熱帯条件下で育成された Japonica1 は高収量性であるが、イネツングロ病に感受性であり、玄米品質が劣る。Japonica1 にイネツングロ病抵抗性を付与するために、2度の戻し交雑と Japonica1 と抵抗性品種間の8度の三系交雑を実施した。8,876個体の BC₁F₂ と3個体の WCF₂ 植物のうち、342個体が、非感光性と高品質米として選抜された。非感光性個体の後代をマーカー選抜と生

物検定とによって評価し、イネツングロ病球状ウイルス抵抗性の、22系統の BC₁F₇ と3系統の WCF₇ 系統を育成した。本研究では、非感光性の選抜とイネツングロ病球状ウイルス抵抗性のマーカー選抜によって、熱帯アジアにおける栽培に適したイネツングロ病球状ウイルス抵抗性の日本型品種の育成方法を示した。

Breeding Science 65: 345–351 (2015)

サツマイモでん粉の低温糊化性の遺伝と遺伝子の量的効果

片山健二^{1,2)}・田宮誠司^{1,3)}・境 哲文²⁾・甲斐由美²⁾・高田明子^{1,4)}・藏之内利和¹⁾・吉永優^{2,4)}

(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・北海道農業研究センター, (⁴⁾ 農研機構本部)

サツマイモは他殖性の6倍体で、世界で最も重要なでん粉生産作物の一つである。これまで日本では、通常の品種よりでん粉の糊化開始温度が20度程度低く、老化が遅く、生でん粉粒の消化性が高いといった特徴を示す、「クイックスイート」のような新しいサツマイモ品種が開発されてきた。この研究では、低温糊化性でん粉を有するこれら変異体の遺伝解析を行った。変異型8系統と正常型15系統を用いて交配を行い、26組み合わせの後代を得た。これら交配後代の解析結果から、でん粉の

低温糊化性は、1対の劣性遺伝子 (*spt*) に支配される質的形質であり、6染色体の分離様式で遺伝することが示唆された。でん粉の糊化開始温度に対する野生型 *Spt* 遺伝子の量的効果が見られたが、その効果は直線的ではなかった。これらの結果は、様々なでん粉糊化開始温度を示すサツマイモ品種の開発を促進すると期待される。

Breeding Science 65: 352–356 (2015)

Oryza sativa 日本型栽培イネ品種とイネ属近縁野生種との間で利用可能なPCRベースの共優性 INDEL マーカー

新濱 充¹⁾・望月美里¹⁾・倉田のり^{1,2)}・野々村賢一^{2,3)}

(¹⁾ 国立遺伝学研究所・植物遺伝研究室, (²⁾ 総合研究大学院大学・生命科学, (³⁾ 国立遺伝学研究所・実験圃場)

栽培種と近縁な野生種は、植物育種のための重要な遺伝資源である。*Oryza rufipogon*, *O. barthii*, *O. glumaepatula*, *O. meridionalis*, *O. longistaminata* といった野生イネ種は、育種素材として利用可能な遺伝資源であり、ゲノム構造の類似性から AA ゲノム種とも呼ばれる。染色体部分置換系統 (Chromosome segment substitution lines; CSSLs) は育種および遺伝学における有用なリソースであり、多くのイネ CSSLs が作出されている。本研究は、PCR および電気泳動により CSSLs を評価できる DNA マーカーの開発を目的とする。私たちは、日本型インド型栽培イネ品種間の挿入/欠失 (INDEL) を検出するため

に開発された188個の既存のマーカーから選抜された155個について、栽培イネ品種と AA ゲノム野生イネ種の DNA 多型検出に利用可能であることを確認した。利用可能なマーカーの率は、*O. rufipogon* 系統では61.7%から85.6%と高く、それ以外の AA ゲノム野生イネ系統では39.8%から51.4%と低い傾向が認められた。これらの INDEL マーカーはイネの全染色体に散在しており、栽培イネ品種と近縁野生イネ種との間の交雑に由来する CSSLs その他の遺伝資源の遺伝子型を決定する際に有用である。

Breeding Science 65: 357–361 (2015)