

作物育種における生殖的隔離の重要性と異質倍数化の効果

殿崎 薫¹⁾・長部謙二²⁾・川辺隆大³⁾・藤本 龍³⁾

(¹⁾横浜市立大学・木原生物学研究所, ²⁾沖縄科学技術大学院大学, ³⁾神戸大学大学院・農学研究科)

種間交雑は既存の作物に新たな遺伝的多様性をもたらすことができる有効な育種手法であるが、多くの場合、受精前後に生じる生殖的隔離によって雑種形成が妨げられている。そのため、生殖的隔離を克服するための技術は古くから開発され、作物育種に大きく貢献してきた。近年の植物生殖研究が進展するのに伴って生殖的隔離の理解が深まっており、種間交雑でみられる生殖的隔離の分子モデルが見出されつつある。生殖的隔離を明らかにすることで、既存の技術では作出できなかった種の組合せにおいても種間雑種を作出することが可能になると期待できる。また、種間雑種は異なる種のゲノムが融合すること（異質

倍数化）によってヘテロシスや新規形質を獲得するなど、両親種ではみられない形質が観察される。異質倍数化は、染色体レベルでのジェネティックな変化と共に、エピジェネティックな変化によって引き起こされていることが指摘され始めている。異質倍数化によってもたらされる効果を理解することによって、種間雑種から望ましい形質を効率的に選択することが可能になると考えられる。本総説では、種間交雑でみられる生殖的隔離の分子機構と、雑種交雑によって引き起こされる異質倍数化に焦点をあて、これまでの知見と最近の研究の進展について概説した。

Breeding Science 66: 333–349 (2016)

圃場での赤かび病Ⅱ型抵抗性に関係する効果的なマーカー遺伝子型

Tao Li¹⁾・Meng Luo¹⁾・Dadong Zhang²⁾・Di Wu¹⁾・Lei Li¹⁾・Guihua Bai^{2,3)}

(¹⁾Jiangsu Provincial Key Laboratory of Crop Genetics and Physiology/Co-Innovation Center for Modern Production Technology of Grain Crops; Key Laboratory of Plant Functional Genomics of Ministry of Education; Wheat Research Center, Yangzhou University, China, ²⁾Department of Agronomy, Kansas State University, USA, ³⁾USDA-ARS Hard Winter Wheat Genetics Research Unit, USA)

赤かび病に対するⅡ型抵抗性の既知 QTL 座の分子マーカーは、通常、育種集団中に 2 個以上の対立遺伝子型が存在する。そのため、赤かび病に対する反応性と各対立遺伝子との関係はマーカー選抜により赤かび病抵抗性を高めるために特に重要である。本論文において、私たちは在来種や商業品種を含む 192 のコムギアクセッションについて 3 作期にわたって圃場での赤かび病の罹病程度を調査するとともに、ゲノム全体に広がる 364 の分子マーカーの遺伝子型を解析した。このうち 11 マーカーは、混合モデルを用いて少なくとも 2 作期において、遺伝子型と形質に再現性の高い関係 ($p < 0.05$) を示した。各マーカー

遺伝子座には 3 以上の対立遺伝子が確認された。正規化された遺伝子型値により、これらの対立遺伝子は良、不良、中立の 3 つに分類できる。各アクセッションについてこれら遺伝子座の遺伝子型を明らかにした。良い対立遺伝子型の減少に伴って赤かび病の罹病程度が高まった。また、中国の在来種や日本のアクセッションはより多くの良い対立遺伝子型を保持していた。これら既知の QTL と連鎖するマーカー遺伝子座について、良い対立遺伝子型を導入し、同時に不良の対立遺伝子型を取り除くことにより、赤かび病抵抗性のレベルを大きく改良できる。

Breeding Science 66: 350–357 (2016)

染色体断片置換システムを用いたイネの開花期高温耐性に関わる QTL のマッピング

Lei Zhao^{1,2,3)}・Jianguo Lei^{1,2,4)}・Yingjin Huang^{2,3,4)}・Shan Zhu^{1,2,4)}・Hongping Chen¹⁾・Renliang Huang¹⁾・Zhiqin Peng^{1,2,4)}・Qinghua Tu^{1,5)}・Xianhua Shen¹⁾・Song Yan¹⁾

(¹⁾Rice National Engineering Laboratory (Nanchang), Jiangxi Provincial Key Laboratory of Rice Physiology and Genetics, Rice Research Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, China, ²⁾College of Agronomy, Jiangxi Agricultural University, China, ³⁾Key Laboratory of Agriculture Responding to Climate Change, China, ⁴⁾Key Laboratory of Crop Physiology, Ecology and Genetic Breeding, Ministry of Education, China, ⁵⁾Jiangxi Seed Administration, China)

イネの開花期高温耐性の遺伝的基盤を調べるため、ササニシキ（日本型品種、高温感受性）とハバタキ（インド型品種、

高温耐性）の交雑に由来する染色体断片置換システム（CSSLs）を用い、3つの温度環境における解析を行った。高温（HT）に

おける、種子稔性 (SF)、開花時刻 (DFT) および花粉放出度 (PSL) を評価した。11 の QTL が検出され、そのうち種子稔性に関わる qSF^{h2} と $qSF^{h4.2}$ の2つは第2および第4染色体に位置づけられた。開花時刻に関わる $qDFT3$, $qDFT8$, $qDFT10.1$, $qDFT11$ の4つの QTL はそれぞれ第3, 第8, 第10 および第11 染色体に位置づけられた。それ以外の5つの QTL, $qPSL^{h1}$, $qPSL^{h4.1}$, $qPSL^{h5}$, $qPSL^{h7}$, $qPSL^{h10.2}$ はそれぞれ第1, 第4,

第5, 第7, 第10 染色体に位置し、種子稔性と花粉放出度の両方に効果を示した。11 個の QTL のうち、8 個は既報の QTL と一致したが、 $qPSL^{h4.1}$, $qPSL^{h7}$, $qPSL^{h10.2}$ の3つは新規のものであった。さらに、 $qPSL^{h4.1}$ の安定性は異なる温度においても確認され、花粉放出度や柱頭上における花粉伸長の改良による高温耐性育種に利用可能と考えられる。

Breeding Science 66: 358–366 (2016)

AA ゲノムを持つオリザ属野生種の雑種不稔に関する QTL マッピング

Ying Yang · Jiawu Zhou · Jing Li · Peng Xu · Yu Zhang · Dayun Tao

(Food Crops Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences (YAAS), P.R. China)

雑種不稔の遺伝的特性をさらに理解するため、*Oryza nivara* と Yundao 1 の交雑に由来する BC_4F_2 , *O. rufipogon* と Yundao 1 の交雑による BC_4F_2 , *O. barthii* と Dianjingyou 1 の交雑による $BC_{10}F_1$ の3つの交雑集団を作成した。これらの3集団から雑種不稔に関する3つの QTL, $qHS-6a$, $qHS-6b$, $qHS-6c$ が検出され、第6染色体上の RM190 と RM510, RM190 と RM3414, RM190 と RM587 の間にそれぞれマップされた。これらの QTL はコリニアリティを示し、花粉稔性において 88.24%, 61.52%, 44.46%, 種子稔性において 80.60%, 35.20%, 29.01% の分散をそれぞれ説明できた。3つの交配組合せのすべてにおいて、

Yundao 1 または Dianjingyou 1 アリルの配偶子は野生種アリルの配偶子によって消去されていた。SI 座に対応する3つの QTL の位置と遺伝子の作用機構を比較したところ、AA ゲノム種において共通かつ保存された雑種不稔遺伝子座が *Oryza* 属における生殖隔離に重要な役割を果たしていることが示された。これら QTL をファインマッピングすることは、*Oryza* 属の種間におけるマイクロ・コリニアリティと進化的な関係の理解につながるであろう。

Breeding Science 66: 367–371 (2016)

トマト *rin* 変異体における種子の発達と胎生発芽

Xu Wang¹⁾ · Lili Zhang²⁾ · Xiaochun Xu²⁾ · Wei Qu²⁾ · Jingfu Li²⁾ · Xiangyang Xu²⁾ · Aoxue Wang^{1,2)}

(¹⁾College of Life Science, Northeast Agricultural University, PR China, ²⁾College of Horticulture, Northeast Agricultural University, PR China)

実験圃場において、受粉後 (DAP) 約 45 ~ 50 日のトマト *rin* 変異体の果実では、種子の胎生発芽が発生する。本研究では、この胎生発芽の誘発要因を詳細に調査した。まず、発達中の種子を受粉後 25 ~ 60 日の間、5 日毎に果実から取り出した。摘出した種子は水の上で培養すると発芽したが、果肉ゲル上では発芽しなかった。発達中の種子の発芽に及ぼす ABA や浸透圧調節物質を単独、あるいは、混合での効果を調査した。ABA の濃度は発達初期で低く、後期では高まり、受粉後約 50 日

最大値を示した。*rin* 変異体と比較品種では ABA 濃度に違いはなく、胎生発芽と直接関係はなかった。*rin* 変異体の発達中の種子は、正常個体の種子と比較して阻害物質に対して敏感である。しかし、発達後期の *rin* 変異体の果実の浸透圧は、発達中の種子が発芽するほどに低くなっている。したがって、*rin* 変異体の果実の浸透圧低下が胎生発芽を招く重要な要因なのかも知れない。

Breeding Science 66: 372–380 (2016)

タバコの大規模 SSR マーカーの開発と黄色種タバコの連鎖地図の作成

Zhijun Tong · Bingguang Xiao · Fangchan Jiao · Dunhuang Fang · Jianmin Zeng · Xingfu Wu · Xuejun Chen ·

Jiankang Yang · Yongping Li

(Key Laboratory of Tobacco Biotechnological Breeding, National Tobacco Genetic Engineering Research Center, Yunnan Academy of Tobacco Agricultural Sciences, China)

タバコ (*Nicotiana tabacum* L.), 特に黄色種タバコは、経済

的に重要な非食用作物であると同時に、植物バイオテクノロジー

ジーの重要なモデル植物である。しかし、ゲノム解析、遺伝子マッピング、育種に利用できる分子マーカーは限られている。SSRは、最も広く利用されている分子マーカーで、一般的に共優性、簡易性、真核生物に多いこと、再現性が高いことなど、有用性が高い。本研究では、黄色種タバコ (K326) のゲノム配列データに基づいて、新規 SSR マーカー 13,645 個を開発し、4つの異なるタイプに属する 18 品種に適用できた。2つの黄色

種タバコ品種 RW と K326 の交雑で得られた 213 の BC1 個体をマッピング用に選抜した。既知の SSR マーカーと新規 SSR マーカーを使って、626SSR を含み、24 連鎖群よりなる遺伝地図を作成した。この遺伝地図は、1120.45 cM の領域をカバーし、近接マーカー間の平均距離が 1.79 cM であり、現時点では黄色種タバコの最も高密度地図である。

Breeding Science 66: 381–390 (2016)

Amomum tsaoko (ショウガ科) の 2 つの生活型間における結実率の分化

Yao-Wen Yang^{1,2)}・Zi-Gang Qian¹⁾・Ai-Rong Li²⁾・Chun-Xia Pu^{1,2)}・Xiao-Li Liu¹⁾・Kai-Yun Guan²⁾

(¹⁾The Center for Reproducing Fine Varieties of Chinese Medicinal Plants, Yunnan College of TCM, China, (²⁾Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, China)

Amomum tsaoko はフレキシスタイラスな (花柱が曲がる性質を持つ) ショウガの一種である。「フレキシスタイラー」とは交雑性を高めるためのユニークな花のメカニズムの 1 つで、今日までショウガ科の数種でのみ知られている。本報は、結実率の観点から *A. tsaoko* においてフレキシスタイラーが生殖に及ぼす影響を明らかにした先駆的研究である。2007 年と 2008 年には、雌性先熟性 (anaflexistyled) の花序と雄性先熟性 (cataflexistyled) の花序の結実率はそれぞれ $14.89 \pm 10.35\%$ および $11.31 \pm 7.91\%$ で、有意な差があった ($d.f.=141.920$, $t=2.518$, $P=0.013 < 0.05$)。雄性先熟性花序の花の数 ($d.f.=93$, $t=-2.819$,

$P=0.006 < 0.01$) および結実率 ($d.f.=93$, $t=-2.894$, $P=0.005 < 0.01$) は、いずれも 2007 年と 2008 年の間できわめて有意な年次間差を示した。2つの生活型の形態的特徴は類似しているが、いくらかの性的分化が見られ、雌性先熟性型はよりメスらしく、雄性先熟性型はよりオスらしく機能する可能性を示している。雌性先熟性型に比べて雄性先熟性型の生殖は環境因子の変化にきわめて感受性であり、そのため、豊作の 2008 年と不作の 2007 年では収量が異なっていた。

Breeding Science 66: 391–395 (2016)

BSRI 高発現イネは 2 種類の細菌病と 2 種類の重要糸状菌病に対し広範な病害抵抗性を示す

前田 哲¹⁾・林 長生¹⁾・笹谷孝英^{2,3)}・森 昌樹¹⁾

(¹⁾農業生物資源研究所, (²⁾農研機構・中央農業総合研究センター, (³⁾現: 農研機構・九州沖縄農業研究センター)

作物育種においては 2 種類以上の病害に対し抵抗性を示す、広範な病害抵抗性が望まれている。イネにおいて、病原細菌の白葉枯病菌 *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* と病原糸状菌のいもち病菌 *Magnaporthe oryzae* は最重要の病原菌である。我々は FOX ハンティングシステムを用いて、シロイヌナズナの BIK1 に類似した受容体様細胞内キナーゼをコードしている *BROAD-SPECTRUM RESISTANCE 1* (*BSRI*) 遺伝子をイネより同定し、*BSRI* 高発現イネが細菌病の白葉枯病および糸状菌病のいもち病に対して高度の抵抗性を示すことを報告している。本報では *BSRI* 高発現イネが、さらに 2 種類の白葉枯病菌のレース

や、前報で報告した以外のいもち病菌のレースにも抵抗性になることを示した。また、病原細菌の粉枯細菌病菌 *Burkholderia glumae* や病原糸状菌のごま葉枯病菌 *Cochliobolus miyabeanus* に対しても抵抗性になることを示した。さらに、*BSRI* 高発現イネは、イネ縞葉枯病ウイルスによる重要病害である縞葉枯病にもやや抵抗性を示した。以上のことから、*BSRI* 高発現イネは少なくとも 2 種類の病原細菌と 2 種類の病原糸状菌に対する非常に広範な抵抗性を示すこと、加えて 1 種類の病原ウイルスに対しやや抵抗性を示すことが明らかになった。

Breeding Science 66: 396–406 (2016)

ダイズの早晩性遺伝子 *E5* の QTL マッピング

アウチッテャ ディサナヤカ¹⁾・ティト ロドリゲス¹⁾・シャオカン ディ¹⁾・ファン ヤン¹⁾・
ステフェン ギチリ²⁾・フェリペ ロハス ロダス¹⁾・阿部 純³⁾・高橋良二^{1,2)}
(¹⁾筑波大学・生命環境科学研究科, ²⁾作物研究所, ³⁾北海道大学・農学研究院)

ダイズの開花や成熟までの期間は、早晩性遺伝子 *E1* ~ *E5* と *E7* ~ *E9* に支配される。これらのうち、*E5* 以外はゲノム上の位置が明らかになっている。本研究では、*E5* 遺伝子をマッピングするため、*E5* 遺伝子が発離することが期待される F_2 集団を用いて、開花まで日数 (DF) と成熟まで日数 (DM) の QTL 解析を行った。Harosoy-*E5* × Clark-*e2* の集団では、DF と DM を支配する QTL が *E2* 遺伝子の位置に見出された。Harosoy × Clark-*e2E5* の集団では、DF と DM を支配する QTL が、それぞれ D1a 連鎖群と B1 連鎖群に見出された。Harosoy-*E5Dt2* × Clark-*e2* の集団では、DF を支配する QTL が B1 連鎖群に見出された。以上のように、これらの集団から得られた結果は一致

せず、*E5* に対応する QTL は見出されなかった。*E5* 遺伝子が最初に同定された交配組み合わせ (Harosoy × PI 80837) では、*E1* および *E3* 遺伝子に対応する QTL が見出されたが、*E5* 遺伝子に対応する QTL は見出されなかった。Harosoy と PI 80837 は *E2* 遺伝子座に *e2-ns* アリルを持つが、Harosoy-*E5* は *E2-dl* アリルを持っていた。そのため、Harosoy-*E5* の *E2-dl* アリルは outcross によって生じ、Harosoy-*E5* の晩生化の原因であると判断された。以上の結果より、ユニークな *E5* 遺伝子は存在しないと結論づけた。

Breeding Science 66: 407-415 (2016)

オオムギ *NARROW LEAFED DWARF1* 遺伝子は WUSCHEL-RELATED HOMEBOX 3 (*WOX3*) をコードし、側生器官における側方末端の発達を制御する

吉川貴徳¹⁾・田中慎也¹⁾・増本悠樹¹⁾・登 直也¹⁾・石井洋人¹⁾・桧原健一郎²⁾・伊藤純一²⁾・谷坂隆俊¹⁾・
武田 真³⁾
(¹⁾吉備国際大学・地域創成農学部, ²⁾東京大学大学院・農学生命科学研究科, ³⁾岡山大学・資源植物科学研究所遺伝資源機能解析グループ)

オオムギ (*Hordeum vulgare* L.) は生産量が世界第 4 位の禾穀類であり、主に家畜の飼料やビールの原料として利用される。近年では食物繊維が豊富なため健康食品として注目されている。しかし、オオムギの葉の発生機構に関しては知見が乏しいのが現状である。本研究において、我々は細葉かつ矮性の表現型を呈するオオムギ *narrow leafed dwarf1* (*nld1*) 変異体の調査を行った。詳細な組織学的調査の結果、*nld1* では鋸歯や厚壁細胞のような葉縁組織が欠失しており、*nld1* の細葉表現型は葉の側方末端の発達不良に起因することが示唆された。同様の

発達不良は節間や苞穎においても認められた。マップベースクローニングの結果、*NLD1* はトウモロコシの *NARROW SHEATH* 遺伝子とオーソログな WUSCHEL-RELATED HOMEBOX 3 (*WOX3*) をコードすることが明らかになった。*In situ* ハイブリダイゼーションの結果、*NLD1* の転写産物は葉原基の発生段階から葉縁に局在していた。以上の結果より、*NLD1* 遺伝子はオオムギにおいて側生器官の幅の増大や側方末端組織の発達に主要な役割を担うと考えられた。

Breeding Science 66: 416-424 (2016)

多収品種「ミズホチカラ」を原品種とする高脂質含量巨大胚突然変異体の作出と評価

阪田光和¹⁾・妹尾真里¹⁾・松坂弘明¹⁾・高橋清美¹⁾・中村勇貴¹⁾・山形悦透¹⁾・Enrique R. Angeles²⁾・望月俊宏¹⁾・
熊丸敏博¹⁾・佐藤匡央¹⁾・榎本亜紀子¹⁾・田代康介¹⁾・久原 哲¹⁾・佐藤 光¹⁾・吉村 淳¹⁾
(¹⁾九州大学大学院・農学研究院, ²⁾九州大学・熱帯農学研究センター)

米油はコメを搗精した際に生じる糠から生産され、健康に対して多くの有用な効果があり、脂肪酸組成のバランスも良い。本研究では、米糠の量を増やすため、トリアシルグリセロール

(TAG) の貯蔵組織の 1 つである胚の巨大化を目的に、多収品種を用いた巨大胚突然変異の誘発とその評価を行った。まず、多収品種「ミズホチカラ」の受精卵にメチルニトロソウレ

ア (MNU) 処理を行い, M_2 種子をスクリーニング後, 巨大胚突然変異体を 4 系統確立した. 遺伝解析により, 巨大胚突然変異系統 MGE12 と MGE13 の原因遺伝子座は, 既報の染色体 7 に座乗する *giant embryo* (*ge*) と同座であり, *ge* の原因遺伝子 *Os07g0603700* に塩基置換があることが明らかとなった. 一方, 巨大胚突然変異系統 MGE8 と MGE14 の原因遺伝子座は *ge* と

異なり, 染色体 3 上に新遺伝子としてマッピングされた. TAG 含量は 4 系統すべてにおいて「ミズホチカラ」に比べ増加していた. 系統 MGE13 は「ミズホチカラ」と農業関連形質が類似し, 今後, 高脂質含量の育種素材となることが期待される.

Breeding Science 66: 425–433 (2016)

ウガンダにおけるキャッサバのプロビタミン A カロチノイドと乾物含量の安定性と遺伝子型 × 環境交互作用

Williams Esuma^{1,2)} • Robert Sezi Kawuki¹⁾ • Liezel Herselman²⁾ • Maryke Tine Labuschagne²⁾

⁽¹⁾National Crops Resources Research Institute, Uganda, ⁽²⁾Department of Plant Sciences, University of the Free State, South Africa)

開発途上国の資源に乏しい人々の健康に悪影響を与えてきた食品から摂取されるビタミン A の欠乏 (VAD) に取り組むため, プロビタミン A カロチノイドの水準が高い主要作物を開発する努力が払われている. サブサハラアフリカに住む 5 億人以上の主要作物であるキャッサバをプロビタミン A カロチノイドについて強化できれば, 広範囲に栄養面からのインパクトを与えることができる. このために, 13 のプロビタミン A に変異をもつクローンについて, 6 環境で完備型乱塊法で評価を行い, 根の総カロチノイド量 (TCC) および乾物含量 (DMC) における遺伝子型 × 環境交互作用 (GEI) の評価を行った. 相加主効果相乗交互作用解析の結果, TCC, DMC, 根の生重量, 収

穫指数において遺伝子型間に有意な変異がみられた. 環境効果は TCC において有意でなかったが, GEI の効果は全ての計測された形質で有意であった. 全ての計測形質において, 定植後 12 ヶ月以内に有意な経時的増加がみられた. TCC は DMC と負の相関をもち, 生産者が好む主要形質の一つである DMC について妥協することなくプロビタミン A をもつキャッサバを開発する際に克服すべき重要な課題であることが示された. しかしながら, TCC, DMC, FRW について最も性能の高い遺伝子型を識別することができ, これらを交雑することで, 育種集団を開発・改良するための遺伝資源を構築することができる.

Breeding Science 66: 434–443 (2016)

BAC-FISH によるニホンナシ (*Pyrus pyrifolia*) 黒斑病原因遺伝子領域の染色体上における位置の検出

山本雅史¹⁾ • 寺上伸吾²⁾ • 高田教臣²⁾ • 山本俊哉²⁾

⁽¹⁾鹿児島大学・農学部, ⁽²⁾農研機構・果樹研究所)

ニホンナシ栽培において, ニホンナシ病原型 *Alternaria alternata* によって発生する黒斑病は重要病害の一つである. 本研究においてはこの黒斑病原因遺伝子領域のニホンナシ (*Pyrus pyrifolia*) 染色体上での位置を BAC クローンをを用いた蛍光 *in situ* ハイブリダイゼーション (BAC-FISH) によって検討した. ‘おさゴールド’ の自殖実生の根端を材料とし, 染色体標本は酵素解離空気乾燥法によって作製した. 黒斑病原因遺伝子に近接する BAC クローンをプローブとした FISH を実施した. そ

の結果, 黒斑病原因遺伝子領域は中程度の長さの 2 本の染色体の端部に検出された. 2 か所の黒斑病原因遺伝子領域と 6 か所の 18S-5.8S-25S rDNA 遺伝子の染色体上における位置が異なることがマルチカラー FISH によって確認できた. 本研究によって, 有用遺伝子の染色体上における位置の解明に BAC-FISH が有効であることが明らかになった.

Breeding Science 66: 444–449 (2016)

6 系統のジャーマンカモミールにおける栄養体および生殖による自家不和合性の維持

Bettina Faehnrich • Sarah Wagner • Chlodwig Franz

(University of Veterinary Medicines Vienna, Department for Farm Animals and Veterinary Public Health, Institute for Animal Nutrition and Functional Plant Compounds, Austria)

自家不和合性 (SI) の植物は、両性花の雑種交雑を行う際に、目的の父株を確実に受精させるための理想的な母株となる。本報告では、SI を維持するための最適な方法を明らかにすることを目的とする。6 種類の系統に属する 220 のジャーマンカモミール (*Matricaria recutita* (L.) Rauschert) の中から、SI 遺伝子型の植物を選抜した。SI かどうかは、植物あたり 3 個の頭花において不稔であることを確認して決定した。最初の SI 植物を基本的な父系世代 (P1) とし、i) 6 ヶ月間にわたり同じ遺伝子型を維持し、結実率を繰り返し解析した (P2)。また、ii) 3 通り (SI×SI, SI×NSI (自家不和合性でない植物), NSI×SI) の交雑を行い F₁

世代を作製した。F₁ は 78%, P2 は 62% が SI だった。このことは、SI の維持には環境の影響が遺伝子型の影響よりも大きいことを示している。しかし、SI×SI 交雑から計算した遺伝率は高い値 ($h^2=0.71$) を示した。生殖繁殖では、世代 / 交雑様式の影響は高い有意性があり ($P=0.001$)、品種 'Degumille' は SI×NSI 交雑後に最も高い SI の値を示した (86%)。したがって、'Degumille' の SI 母系植物と NSI の父系植物の品種内組み合わせによる交雑が、カモミールの SI を維持する上で最適な組み合わせであることが明らかになった。

Breeding Science 66: 450–455 (2016)

交配育種および γ 線照射による立ち型草姿サツマイモ系統の育成

藏之内利和¹⁾・熊崎 忠^{1,2)}・熊谷 亨¹⁾・中谷 誠^{1,3)}

(¹⁾ 農研機構・作物研究所, ²⁾ 現: 豊橋技術科学大学, ³⁾ 現: 農林水産省)

サツマイモでは、匍匐型草姿に比べて立ち型草姿の有利な点 (栽培管理しやすい、狭い場所にも適する等) があるにも関わらず、立ち型草姿の品種は僅かしか育成されていない。その理由の一つは、立ち型草姿系統が青果用としては農業特性が不十分な点であり、改善が重要となっている。筆者らは、交配育種および γ 線照射による突然変異育種を用い、優れた農業特性を有する新しい立ち型草姿サツマイモ系統を育成しようとした。

交配育種では、日本の代表的青果用品種「ベニアズマ」とほぼ同等の収量性のある新しい立ち型草姿系統を育成できた。しかし、突然変異育種では明らかに立ち型草姿である系統を育成できず、有望系統が得られなかった。今後は、より多くの植物体を用い、照射法を改善することが重要であろう。

Breeding Science 66: 456–461 (2016)