

ヒマワリ (*Helianthus annuus* L.) における浸透圧ストレスによるプロリン集積の遺伝解析

Farghama Khalil¹⁾ • Saeed Rauf^{1,2)} • Philippe Monneveux³⁾ • Shoaib Anwar¹⁾ • Zafar Iqbal^{2,4)}

¹⁾Department of Plant Breeding & Genetics, University College of Agriculture, University of Sargodha, Pakistan, ²⁾Plant Tissue Culture Lab, University College of Agriculture, University of Sargodha, Pakistan, ³⁾International Potato Center (CIP), Peru, ⁴⁾Department of Plant Pathology, University College of Agriculture, University of Sargodha, Pakistan)

植物内のプロリン濃度は浸透圧ストレスの指標として知られている。しかし、その遺伝性について十分に解明されているとは言えない。本研究では、浸透圧ストレス下と対象区におけるヒマワリ F₁ 雑種とその両親系統の実生の根と茎の生育、カリウム、カルシウムおよび総可溶性糖類濃度、さらにはストレスによるダメージとともにプロリン濃度を評価した。プロリンはストレスが与えられると非常に高い濃度で集積された。その濃度は遺伝子型間で広い変異を示し、F₁ 雑種は両親系統よりも高い値を示した。高いプロリン濃度を示す F₁ 雑種でカルスの数が減少したように、プロリン集積と浸透圧ストレスによるダメージを減少させる浸透圧調整との間には正の関係が認められ

た。広義あるいは狭義の遺伝率は浸透圧ストレス下でより高くなったが、これは浸透圧ストレス耐性選抜の可能性を示唆するものである。対象区では、プロリン濃度の遺伝的変異の大部分は優性効果として説明されるが、浸透圧ストレス下では優性効果と相加効果の両者ともに高い値を示した。また、このことはプロリン集積が複数の遺伝子により制御されていることを示唆している。能力の高い F₁ 雑種の組合せは、おそらくプロリン集積を高めるような相加的な対立遺伝子の集積がなされたと考えることができる。

Breeding Science 66: 463–470 (2016)

パン用硬質コムギの 2B 染色体上に見いだされたタンパク含量と関係する QTL のマッピング

寺沢洋平¹⁾ • 伊藤美環子¹⁾ • 田引 正¹⁾ • 長澤幸一¹⁾ • 八田浩一¹⁾ • 西尾善太^{1,2)}

¹⁾農研機構・北海道農業研究センター芽室研究拠点, ²⁾東京農業大学農学部)

高タンパク含量のパン用硬質コムギ品種「ゆめちから」と低タンパク含量の日本めん用軟質コムギ品種「きたはなみ」を交配して得られた倍加半数体系統を用いて、コムギ子実タンパク含量およびコムギ粉のタンパク含量と関係する量的遺伝子座 (QTL) を解析した。3年間の解析の結果、コムギ子実およびコムギ粉のタンパク含量と関係する単一の QTL である *QGpc.2B-yume* は、2B 染色体短腕上の DNA マーカー *Xgpc4382* の近傍にマッピングされた。*Xgpc4382* の多型で分類した倍加半数体系統は平均して、コムギ子実タンパク含量では 1.0%、

コムギ粉のタンパク含量では 1.1% の差異を示した。*QGpc.2B-yume* の多型による収量構成要素への影響は見られず、調査した北米のパン用硬質赤粒コムギは全て高タンパク型の多型を示した。*QGpc.2B-yume* は、4 倍体コムギ由来の高タンパク遺伝子 *Gpc-B1* とは異なり、収量構成要素に対する負の影響が見られないことから、子実タンパク含量およびコムギ粉のタンパク含量増加のためのコムギ育種に有用であると考えられる。

Breeding Science 66: 471–480 (2016)

OsSBE1b の 1 アミノ酸変異はイネの難消化性デンプン蓄積に寄与する

Ruifang Yang¹⁾ • Jianjiang Bai¹⁾ • Jun Fang¹⁾ • Ying Wang²⁾ • Gangseob Lee³⁾ • Zhongze Piao¹⁾

¹⁾Crop Breeding and Cultivation Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, China, ²⁾Institute of Edible Fungi, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, ³⁾National Academy of Agricultural Science (South Korea), Korea)

難消化性デンプンに富む食品は、糖尿病、大腸癌、下痢、慢

性の腎臓病・肝臓病など、さまざまな疾病の予防に役立つ。デ

ンブレン合成酵素の変異はイネのいくつかの品種における難消化性デンプンの高含有に寄与する。著者らはこれまでに、イネの突然変異系統「Jiangtangdao1」における *sbe3-rs* 変異がデンプン枝分かれ酵素遺伝子 *SBEIIb* (旧名: *SBE3*) のアリルであることを示唆し、高蓄積した難消化性デンプンの生合成は *sbe3-rs* によって制御されている可能性を示してきた。分子生物学的解析により、開花後15日目の「Jiangtangdao1」未熟種子の可溶性画分における SBE 活性は、野生型系統「Huaqingdao」の画分よりも有意に低かった。*sbe3-rs* 変異体「Jiangtangdao1」に野

生型の *OsSBEIIb* 遺伝子を導入することによって相補性試験を行ったところ、遺伝子の導入された系統では種子に関連する形質が回復した。形質転換体においては、胚乳のアミロペクチン構造とデンプン粒の形態学および物理化学的特性が野生型と同レベルに回復していた。本研究により、*sbe3-rs* は *OsSBEIIb* 遺伝子の新規アリルであり、「Jiangtangdao1」に高蓄積する難消化性デンプンの生合成に寄与していることが示された。

Breeding Science 66: 481–489 (2016)

完全長葉緑体ゲノムを利用して評価したシークワサー (*Citrus depressa* Hayata) の多起源と沖縄における生物多様性

石川隆二¹⁾・Nathan Badenoch²⁾・宮城邦昌³⁾・目取眞要⁴⁾・長田俊樹⁵⁾・大西正幸⁶⁾

(¹⁾ 弘前大学農学生命科学部, (²⁾ 京都大学東南アジア研究センター, (³⁾ シン垣ネットワーク, (⁴⁾ 沖縄県中部農業改良普及センター, (⁵⁾ 総合地球環境学研究所, (⁶⁾ 同志社大学文化遺産情報科学研究センター)

シークワサー (*Citrus depressa* Hayata) は南西諸島から台湾山地にかけて分布しているカンキツである。本研究では、オレンジの参照配列を利用して、沖縄県国頭村奥地区で栽培されているシークワサー優良在来系統の葉緑体ゲノムのリシーケンスを行った。その結果、在来系統 MM2 の葉緑体ゲノムサイズは 160,118 bp と推定され、参照配列との間で 48 の INDELs および 71 の SNPs が検出された。これらの INDELs については実験的に再検出され、在来系統の解析により複数の母系の存在が示された。オレンジの核ゲノムにおいて開発された 6 座の SSR マーカーが、シークワサー優良在来系統のジェノタイプ

ングおよび系統識別に利用可能であった。これらの核・母系判定マーカーを用いて、シークワサーの野生集団ならびに在来集団の多様性を評価した。国頭村奥地区以外の栽培集団は野生集団と比較して遺伝的多様性を消失してしまったことが示された。一方、奥地区の栽培集団では多様性が維持されており、むしろ周囲の野生集団よりも高い多様性を示した。これらは農家による意識的な多様性維持のシステムによるものであると結論された。

Breeding Science 66: 490–498 (2016)

リンゴ品種‘ふじ’のゲノム分析：リシーケンス、SNP マーカー開発からハプロタイプ定義、QTL 検出まで

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⁾・川原善浩⁴⁾・伊藤龍太郎^{4,5)}・伊藤 剛⁴⁾・片寄裕一⁴⁾・金森裕之⁴⁾・松本敏美⁴⁾・森 聡美⁴⁾・佐々木晴美⁴⁾・松本 隆⁴⁾・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 (つくば), (²⁾ 農研機構・果樹研究所 (盛岡), (³⁾ 農研機構・中央農業総合研究センター, (⁴⁾ 農業生物資源研究所, (⁵⁾ 株式会社ダイナコム)

‘ふじ’は世界的に著名で生産量の多い品種の一つであり、育種素材としても頻用されてきた。このため、‘ふじ’の優れた形質を選抜できる DNA マーカーの開発が望まれている。著者らは‘ふじ’のハプロタイプを定義し、‘ふじ’の家系 115 品種・系統を分析することで、ハプロタイプと 5 つの形質 (収穫日, 果実重, 酸度, 蜜入り程度, 粉質化程度) との関連性を探った。まず、‘ふじ’のゲノムリシーケンスを行い、公開されている ‘Golden Delicious’ のゲノム配列との間で、一塩基多型 (SNP) や挿入欠失を含む 2,820,759 個の多型を検出した。これ

らの中から、‘ふじ’が両親 (‘ロールズ ジャネット (国光)’ および ‘デリシャス’) から受け継いだ対立遺伝子を区別でき、かつ遺伝地図上の座が確定した 1,014 の SNP を選抜した (これらのほとんどはふじにおいてヘテロ接合である)。これを用いて‘ふじ’のハプロタイプを定義し、家系品種・系統への伝播を辿った結果、家系個体は平均で 27% の‘ふじ’ゲノムを保有していた。分散分析により、上記 5 形質について‘ふじ’の 2 つのハプロタイプを比較したところ、収穫日, 酸度, 蜜入り程度, 粉質化程度に関連する QTL がひとつずつ検出された。

このうち、第14番染色体の‘デリシャス’に由来するハプロタイプは蜜を発生させること、第1番染色体の‘ロールズ ジャネット’に由来するハプロタイプは粉質化を低減することが示

された。

Breeding Science 66: 499–515 (2016)

再合成ナタネを利用したオグラ型細胞質雄性不稔に対する新規稔性回復系統の開発

Laurencja Szała¹⁾・Katarzyna Sosnowska¹⁾・Wiesława Popławska¹⁾・Alina Liersch¹⁾・Anna Olejnik¹⁾・Katarzyna Kozłowska¹⁾・Jan Bocianowski²⁾・Teresa Cegielska-Taras¹⁾

¹⁾Plant Breeding and Acclimatization Institute-National Research Institute, Department of Genetics and Breeding of Oilseed Crops, Poland, ²⁾University of Life Sciences, Department of Mathematical and Statistical Methods, Poland)

再合成ナタネはハイブリッド育種において大きな興味の対象となる可能性を有している。しかし、再合成ナタネをそのまま利用すると、油としての品質（高エルシン酸）と食用としての品質（高グルコシノレート）が、ナタネのいわゆる「ダブルゼロ品質」を満たさないため、問題となる。それゆえ、再合成ナタネを育種の現場で利用する前に、さらなる改良が必要となる。本研究においては、チンゲンサイ (*B. rapa* ssp. *chinensis* var. *chinensis*) とケール (*B. oleracea* ssp. *acephala* var. *sabellica*) の交配によって再合成ナタネを得た。再合成植物を、オグラ型細胞質雄性不稔の稔性回復遺伝子 *Rfo* を持つダブルゼロ品質の冬

ナタネ系統と交配した。小孢子培養法を利用して、これらの F₁ 雑種に由来する倍加半数体集団を育成した。準再合成倍加半数体系統において、種子のエルシン酸およびグルコシノレート含量を解析した。準再合成倍加半数体集団から *Rfo* 遺伝子を持つダブルゼロ品質の系統を4つ選抜した。344個の AFLP マーカーを用いた遺伝解析により、再合成および準再合成系統は、F₁ 雑種の親系統である101種の冬ナタネ系統とは明確に区別されるクラスターを形成することが示された。

Breeding Science 66: 516–521 (2016)

コムギの黄さび病抵抗性をもつ *Aegilops variabilis* の染色体の細胞遺伝学的同定

Laibin Zhao・Shunzong Ning・Jianjun Yu・Ming Hao・Lianquan Zhang・Zhongwei Yuan・Youliang Zheng・Dengcai Liu

(Triticeae Research Institute, Sichuan Agricultural University, China)

Aegilops variabilis (UUS^vS^v) は、*Ae. umbellulata* (UU) と *Ae. longissima* (S^lS^l) の間の自然交雑によって起源したとされ、コムギの育種上重要な遺伝資源である。*Ae. variabilis* においては、蛍光 *in situ* ハイブリダイゼーション法 (FISH) による核型の解析は進んでいない。我々は、pSc119.2 と pTa71 プローブを組合わせて用いることにより *Ae. variabilis* の14対の染色体を同定できることを明らかにした。さらにこれらの FISH イデオグラムを用い、黄サビ病に感受性のパンコムギ品種 Yiyuan 2 と抵抗性を示す *Ae. variabilis* の交雑後代から得られた抵抗性のコムギ中間系統がもつ *Ae. variabilis* の染色体の同定を行った。その結果、15の BC₁F₇ 系統のうち3系統は 2S^v と 4S^v 染色体の添加系統 (2n=46) であり、残る12系統は 2S^v(2B) あるいは 2S^v(2D)

の染色体置換系統であることが判明し、このことは SSR マーカーによっても確認された。ここで用いた *gwm148* はパンコムギのゲノム背景において 2S^v 染色体を同定することができる SSR マーカーである。2S^v 染色体をもつ系統のいくつかは、細胞学的に不安定で非相同染色体間転座のような染色体の構造変異を示すことから、この染色体はおそらく配偶子致死遺伝子 (*Ge*) をもつと推察される。2S^v(2D) および 2S^v(2B) 系統は日長反応性遺伝子の影響によって出穂が遅くなり、特に 2S^v(2D) 系統は 2S^v(2B) よりも出穂が遅延した。また、2S^v(2D) 系統は背丈が高く、穂あたり小穂数が多く、穂長が長くなることも判明した。

Breeding Science 66: 522–529 (2016)

ダイズにおける種子発芽期耐塩性に関する新規遺伝子座の同定

Guizhen Kan¹⁾・Lihua Ning²⁾・Yakai Li¹⁾・Zhenbin Hu¹⁾・Wei Zhang¹⁾・Xiaohong He¹⁾・Deyue Yu¹⁾

¹⁾National Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, National Center for Soybean Improvement, Nanjing Agricultural University, China, ²⁾Provincial Key Laboratory of Agrobiolgy, Institute of Agro-biotechnology, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, China)

種子の発芽段階の耐塩性はダイズ (*Glycine max* (L.) Merr) における塩類土壌での安定した苗立ちの主要な決定要因である。本研究では、「Kefeng1」と「Nannong1138-2」の交配に由来する184系統の組換え自殖系統群 (RILs, F_{7:11}) と196系統のダイズ遺伝資源を調査した。連鎖地図を用いた遺伝解析の結果、3つの耐塩指数と関連する11個の量的遺伝子座 (QTL) が検出された。一方、アソシエーションマッピング解析より3つの耐塩指数と関連する計22個の単純反復配列 (SSR) 遺伝子座が検出された。SSR マーカー Sat_162 は発芽段階で塩ストレスに応答する遺伝子 Glyma08g12400.1 から 792,811 bp の位置にある

QTL と密接に連鎖していた。また、5つの SSR マーカー (Satt201, BE475343, CSSR306, Satt664 と Satt567) は2つの耐塩指数と関連し、2つの SSR マーカー (Satt156 と Satt636) は3つ全ての耐塩指数と関連していた。さらに、耐塩指数と関連する遺伝子座の対立遺伝子型の分析から優れた対立遺伝子型を保持した系統を同定した。これらの結果は、将来のダイズ発芽段階の耐塩性のマーカー選抜育種および耐塩性遺伝子の集積に有益である。

Breeding Science 66: 530–541 (2016)

イネの育種への利用を想定した実用的かつ簡易なインキュベーター高速世代促進システム—simplified Biotron Breeding System

田中淳一^{1,2)}・林 武司^{1,2)}・岩田洋佳³⁾

¹⁾農研機構・次世代作物開発研究センター, ²⁾筑波大学大学院生命環境科学研究科, ³⁾東京大学大学院農学生命科学研究科)

新しい育種の方法である biotron breeding system (BBS) はイネの世代を高速で促進できる。この方法では、CO₂ 濃度制御を行えるインキュベーター (バイオトロン) の利用に加え、分けつ除去や登熟期間を短縮するための胚救出を組合せる。しかし、分けつ除去や胚救出は手間がかかり、大集団を扱うには実用的でなかった。我々はインキュベーター利用において、CO₂ 濃度制御、分けつ除去、根域制限が到穂日数へ与える影響について調査した。その結果、高いCO₂ 濃度は有意に到穂日数を減少させた一方、分けつ除去と根域制限の効果は小さく、かつ収穫種子量を大きく減少させた。これらの結果に基づいて、BBS か

ら分けつ除去と胚救出を省略し、CO₂ 濃度制御、日長制御、および適切な根域容積を確保した simplified BBS (sBBS) を提案した。sBBS により、分けつ除去や胚救出等の手間のかかる作業なしに、「日本晴」の1世代を3ヶ月以下にすることができた。実効性確認のため、sBBS を品種「おぼろづき」を低アミロース性アレル *Wx1-1* の供与親として、「あきだわら」を連続親に用いた準同質遺伝子系統の作出に適用したところ、年4回の交配が可能であった。

Breeding Science 66: 542–551 (2016)

日本型イネと広親和性インド型イネとの雑種に由来する倍加半数体個体群の開発と分子的特徴

Hung Nguyen^{1,2)}・Xiao-Yang Chen³⁾・Meng Jiang¹⁾・Qing Wang⁴⁾・Li Deng⁴⁾・Wei-Zhang Zhang⁵⁾・Qing-Yao Shu^{1,2)}

¹⁾National Key Laboratory of Rice Biology, Institute of Crop Sciences, Zhejiang University, China, ²⁾Hubei Collaborative Innovation Center for Grain Industry, China, ³⁾Jinhua Academy of Agricultural Science, China, ⁴⁾Wuxi Hupper Seed Technology Research Co. Ltd., China, ⁵⁾Zhejiang Zhijiang Seed Co. Ltd., China)

倍加半数体 (DH) 集団、特に広親和性遺伝子 *S5^a* を有する亜種間交雑に由来するものはイネの遺伝学研究と育種にとって重要な生殖質資源であるが、その特性と可能性は完全には評価・探索されていない。本研究では、日本型イネ 668B と広親和性

インド型イネ T23 との雑種から DH 集団を作出した。*ORF3*, *ORF4*, *ORF5* におけるアレル特異的マーカーを用いた *S5* 座のジェノタイプングにより、*ORF3-ORF4* 領域に組換えのホットスポットが存在する可能性が明らかとなった。ハプロタイプ解

析の結果、34個中21個の亜種特異的 *InDel* マーカーの分離は DH 集団において歪んでおり、そのうちいくつかのものはきわめて低頻度 (1.7%) または高頻度 (98.3%) でインド型アレルを示し、また、*S5* アレルの効果はほとんどなかった。*S5ⁿ* アレルを持つ DH 系統が高頻度でインド型アレルを持つものに対し、出穂期以外のすべての農業形質に対して *S5ⁿ* アレルの効果は観

察されなかった。本研究によって遠縁交雑、特に2つのイネ亜種間での DH 作出の遺伝学的理解が進み、また、作出された DH 集団はイネの遺伝学研究および将来における育種にとって有用な資源となると考えられる。

Breeding Science 66: 552–559 (2016)

キャッサバ褐条病を撲滅するための11年間にわたる育種活動

Robert Sezi Kawuki¹⁾ • Tadeo Kaweesi¹⁾ • Williams Esuma¹⁾ • Anthony Pariyo¹⁾ • Ismail Siraj Kayondo¹⁾ • Alfred Ozimati¹⁾ • Vincent Kyaligonza¹⁾ • Alex Abaca¹⁾ • Joseph Orone¹⁾ • Robooni Tumuhimbise¹⁾ • Ephraim Nuwamanya¹⁾ • Philip Abidrabo¹⁾ • Teddy Amuge¹⁾ • Emmanuel Ogwok¹⁾ • Geoffrey Okao¹⁾ • Henry Wagaba¹⁾ • Gerald Adiga¹⁾ • Titus Alicai¹⁾ • Christopher Omongo¹⁾ • Anton Bua¹⁾ • Morag Ferguson²⁾ • Edward Kanju³⁾ • Yona Baguma¹⁾

¹⁾National Crops Resources Research Institute, Uganda, ²⁾International Institute of Tropical Agriculture (IITA), C/o International Livestock Research Institute (ILRI), Kenya, ³⁾International Institute of Tropical Agriculture (IITA), Tanzania)

現在、キャッサバ生産を脅かしているキャッサバ褐条病 (CBSD) は、世界の食糧安全保障に対する7大障害の1つに数えられる病害である。CBSD に関して重要な事柄が3つある。1つ目に、CBSD をもたらすウイルスはキャッサバの起源中心よりも外において、少なくとも90年間にわたってキャッサバと共進化を遂げてきた。2つ目に、過去74年の間、CBSD の発生は低地に限られている。3つ目に、ほとんどの研究はCBSD の疫学とウイルスの多様性に集中してきた。そこで、本研究はCBSD の遺伝学と育種に焦点を絞り、ウガンダにおける過去11年のキャッサバ育種から得られた実証的データを紹介する。本

論文では、特に以下について述べる：1) 抵抗性および感受性資源を同定するためのCBSD 抵抗性スクリーニングにおける実証データ、2) 完全同胞、半同胞および *S₁* 家系よりなるCBSD 抵抗性集団の育成とそれらの野外特性における進捗、3) ゲノムワイド関連解析に基づくCBSD 抵抗性に関するゲノム領域と遺伝子に関する知見。本情報は、現行のCBSD 育種活動の調和の基礎を提供し、その結果、将来においてCBSD を撲滅するための育種の橋渡しとなるものと期待される。

Breeding Science 66: 560–571 (2016)

デュラム小麦の穀粒特性と成分に対するSSIIaヌル変異の影響

Ermelinda Botticella¹⁾ • Francesco Sestili¹⁾ • Gianluca Ferrazzano²⁾ • Paola Mantovani²⁾ • Alessandro Cammerata³⁾ • Maria Grazia D'Egidio³⁾ • Domenico Lafiandra¹⁾

¹⁾Department of Agricultural and Forestry Sciences, University of Tuscia, Italy, ²⁾Società Produttori Sementi, Italy, ³⁾Research Unit for Cereal Quality, Council for Agricultural Research and Economics, Italy)

デンプンは、人間の食物において基本的にエネルギー源となる主要な栄養素である。さらに最近では、その組成の改変が栄養および技術の両面において新しい機能性に関連してきている。主要なデンプン生合成酵素を標的とすることは、貯蔵デンプン中のアミロース-アミロペクチン比を操作するための有効な戦略であることが示されている。

本研究では、SSIIa (デンプン合成酵素IIa) のセットを欠損しているデュラム小麦を作成することを目標とした育種戦略が記載されている。我々は、SSIIa ヌル形質を導入したイタリア産デュラム小麦のエリート品種 Svevo 由来の変異系統群において、種子重量、全デンプン、アミロース、タンパク質およびβ-

グルカン含量などの主要な特性を明らかにした。大規模な変異が検出され、改良された品質形質か農学特性のいずれかを有するコムギ系統を選抜するために使用された。2つのSSIIa ヌル系統のセットのセモリナは、新しいレオロジー特性を示し、また、すべての主要な食物繊維の構成要素、すなわちアラビノキシラン、β-グルカンおよび難消化性デンプン含量の増加を示した。さらに、遺伝子発現の調査は、デンプンおよびβ-グルカンの生合成に関するいくつかの遺伝子における重要な違いを強調した。

Breeding Science 66: 572–579 (2016)

北部ラオスイネ在来品種のモチ遺伝子座近傍領域における遺伝的多様性

武藤千秋¹⁾・石川隆二²⁾・Kenneth M. Olsen³⁾・川野和昭⁴⁾・Chay Bounphanousay⁵⁾・間藤 徹⁶⁾・佐藤洋一郎⁷⁾

¹⁾農研機構・遺伝資源センター, ²⁾弘前大学農学生命科学部, ³⁾Biology Department, Washington University, USA, ⁴⁾南方文化研究所, ⁵⁾Agricultural Research Centre, National Agriculture and Forestry Research Institute, Laos, ⁶⁾京都大学大学院農学研究科, ⁷⁾人間文化研究機構)

胚乳のモチ性は栽培イネ (*O. sativa* L.) において重要な形質である。北部ラオスはモチイネの多様性中心として考えられている。北部ラオスからイネ在来品種 297 系統を収集し、INDEL, SSR, ならびに SNP マーカーを用いて遺伝子型分析を行った。これらの品種は、*Granule bound starch synthase 1* (*Wx*) 遺伝子に機能不全型突然変異を持つことを確認した。INDEL マーカーではインディカ・ジャポニカ間での組換え個体が高頻度で検出された。モチ遺伝子座近傍領域の SSR 多型を用いた主成分分析においてインディカモチ集団は、インディカウルチ集団とジャポニカモチ集団の中間に分布していた。また、イン

ディカモチ系統ではヘテロ個体が高頻度で検出された。モチ遺伝子座近傍領域の SNP マーカーを用いたハプロタイプ分析では、インディカモチ系統はジャポニカモチ系統のわずかな染色体断片を持つ傾向がみられた。モチ遺伝子座外側の近傍領域外では頻繁に組換えが生じていた。これらのことから北部ラオスのインディカモチ系統の成立は、ジャポニカモチ在来品種とインディカウルチ在来品種の自然交雑後代を現地農民が人為的選抜を繰返すことによるものと考えられた。

Breeding Science 66: 580–590 (2016)

優良インディカイネ品種 9311 における外来性の BT タンパク質遺伝子およびリジンリッチタンパク質遺伝子のピラミディングと評価

Xin Liu¹⁾・Cuicui Zhang¹⁾・Xiaogang Li²⁾・Jumin Tu¹⁾

¹⁾Institute of Crop Science, College of Agriculture and Biotechnology, Zhejiang University, China, ²⁾Shanxi Rice Research Institute, China)

遺伝子のピラミディングは複数の農業形質を同時に改良するために有効な手法である。本研究では、*Actin 1* プロモーターで制御された *cry1Ac* 遺伝子および胚乳特異的な *GLUTELINI* (*GTI*) プロモーターで制御されたリジンリッチタンパク質遺伝子 (*LRP*) の 2 つの外来遺伝子を優良インディカ品種 9311 にピラミディングした。これら 2 つの遺伝子は害虫抵抗性およびリジン含量を改善するために選定した。ピラミッド系統において、外来の *cry1Ac* 遺伝子は葉と茎で効率的に発現し、研究室内ではニカメイガ (*Chilo suppressalis* Walker) に、圃場においてはコブノメイガ (*Cnaphalocrocis medinalis* Guenee) に強い

抵抗性を示した。また、*LRP* 遺伝子は胚乳で強く発現し、種子においてきわめて高いリジン含量を示した。圃場試験のデータでは、収量を含むほとんどの農業形質が原品種と比べてよく維持されていることが示された。これらの結果は、外来性の *cry1Ac* および *LRP* 遺伝子が、イネにおいて高い実用性の可能性を持つことを示しており、得られたピラミッド系統は、将来における害虫抵抗性および高リジン含量イネの開発のための理想的な中間素材となる。

Breeding Science 66: 591–598 (2016)

DENSE AND ERECT PANICLE 1 (*DEPI*) 遺伝子座の多型は中国東北部の多収性ジャポニカイネ品種の穂形質の多様性に影響する

Mingzhu Zhao¹⁾・Jian Sun¹⁾・Zhiqiu Xiao²⁾・Fei Cheng¹⁾・Hai Xu¹⁾・Liang Tang¹⁾・Wenfu Chen¹⁾・Zhengjin Xu¹⁾・Quan Xu^{1,3)}

¹⁾Rice Research Institute of Shenyang Agricultural University/Key Laboratory of Northern Japonica Rice Genetics and Breeding, Ministry of Education and Liaoning Province/Key Laboratory of Northeast Rice Biology and Genetics and Breeding, Ministry of Agriculture, China, ²⁾Laboratory of Agricultural Resource and Environment, College of Land and Environmental Science of Shenyang Agricultural University, China, ³⁾College of Agronomy of Shenyang Agricultural University, China)

イネは人類の主要食物の 1 つであり、直立型の穂は重要な形態的改良である。*dense and erect panicle 1* (*DEPI*) 座は直立型

の穂の形成に寄与し、稲育種において広く利用されている。しかし、*DEPI* 遺伝子の多様性は未だ狭い。*DEPI* の多様性を広

げるため、我々は多収性ジャポニカの72の遺伝資源を用い、*DEPI*の穂形質への寄与を解析した。*DEPI*のDNA断片中には、45のSNPと26の挿入・欠失(indels)が見出された。さらに、我々は7つのハプロタイプを検出し、637 bpが12 bpの断片によって置換されることが72の遺伝資源すべてにおける直立穂の表現型を説明できることを見出した。また、プロモーターの-1253 bpの位置における(G/C)のSNPは、サイトII転写調節エレメントのコア配列(TGGGCC)をシフトさせていた。アン

シエーション解析の結果、(G/C)のSNPは主に1穂当たりの一次枝梗と二次枝梗の数、および粒数に影響していることが示された。我々の結果は、*DEPI*の機能および遺伝的多様性に新たな洞察を与えるものである。プロモーター領域の(G/C)のSNPは、稲育種における*DEPI*の幅広い利用に寄与するであろう。

Breeding Science 66: 599–605 (2016)

γ線照射花粉による単為発生で誘導されたピワ半数体

Manuel Blasco • María Luisa Badenes • María del Mar Naval

(Fruit Tree Breeding Department, Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (IVIA), Spain)

ピワ (*Eriobotrya japonica* (Thunb.) Lindl.) で、γ線を照射した花粉の受粉により単為発生を誘導し、半数体獲得に成功した。‘Changhong-3’、‘Cox’および‘Saval Brasil’を花粉親として用い、150および300 Gyの線量のγ線を花粉に照射し、母親の‘Algerie’に受粉した。その後、受粉後90、105および120日に果実を収穫した。300 Gyのγ線で処理した‘Saval Brasil’の花粉を受粉し

た‘Algerie’の105日後の果実から、4個体の半数体が得られた。フローサイトメトリーと染色体数計測により、半数体であることが確認された。得られた半数体は、二倍体植物と比較して非常に弱い生育を示した。これらの研究結果から、ピワにおいてγ線照射花粉が半数体獲得に利用可能であることが示唆された。

Breeding Science 66: 606–612 (2016)

イネ紋枯病抵抗性における QTL と形質との連関

Md Kamal Hossain^{1,4)} • Kshirod Kumar Jena²⁾ • Md Atiqur Rahman Bhuiyan^{3,4)} • Ratnam Wickneswari⁴⁾

¹⁾Present address: Hybrid Rice Division, Bangladesh Rice Research Institute, Bangladesh, ²⁾Plant Breeding, Genetics and Biotechnology Division, International Rice Research Institute, Philippines, ³⁾Present address: Department of Agriculture, Noakhali Science and Technology University, Bangladesh, ⁴⁾School of Environmental and Natural Resource Sciences, Faculty of Science and Technology, Universiti Kebangsaan Malaysia, Malaysia)

紋枯病はイネの最重要病害と考えられ、世界中で甚大な収量の現象を引き起こす。この病害を効率的に根絶するには抵抗性品種を育成するしかない。17の多様な遺伝子型と、17のQTLに連鎖したSSRマーカーを用い、温室条件での評価を行った。Pearsonの相関により、止葉角度だけが温室でのスクリーニングにおける紋枯病抵抗性と有意に相関することが示された。UPGMAクラスタリングに基づく多変量解析および主成分分析の結果、止葉角度、止葉長、および植物体の緻密度が、抵抗性のQTLである*QRlh11*、*qSBR11-3*、*qSBR11-1*、*qSBR9-1*、*qShB3-2*、and *qSB-9*と連鎖する以下のSSRマーカーと有意に相関していた：RM209 (116,130)、RM202 (176)、RM224 (126)、RM257 (156)、

RM426 (175)、and RM6971 (196)。マンテル検定の結果、表現型とアレル間の変異パターンとの間には弱い相関が示唆され、形態変異と分子の変異は独立であることを示している。TeqingとTetepが最も抵抗性の強い品種であり、IR65482-4-136-2-2、MR219-4は抵抗性が改善されている可能性がある。これらの結果は、形態的形質と紋枯病抵抗性に連鎖するQTLを用い、2つのQTLあるいはQTLと形質を感受性品種にピラミディングすることにより、効率よく抵抗性を強められることを示唆している。

Breeding Science 66: 613–626 (2016)

キャッサバ (*Manihot esculenta* Crantz) におけるプロビタミン A カロチノイドと乾物含量のダイアレル分析

Williams Esuma^{1,2)}・Robert S. Kawuki¹⁾・Liesel Herselman²⁾・Maryke Tine Labuschagne²⁾

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

サブサハラ・アフリカに住む5億人以上の資源に乏しい人々の健康を脅かしているビタミン A の欠乏の解決に貢献するため、キャッサバ (*Manihot esculenta* Crantz) のプロビタミン A カロチノイドを生物学的に栄養強化するための世界的努力が払われている。ウガンダにおける生物学的栄養強化 (biofortification) イニシアチブを推進するため、6×6のダイアレル分析を行い、プロビタミン A クローン6遺伝子型の組合せ能力と、キャッサバの根の総カロチノイド含有量 (TCC)、乾物含量 (DMC)、および、その他関連形質を制御する遺伝子の働きを推定した。ダイアレル交配から得られた15のF₁家系を2つの環境で乱塊法を用いて評価した。一般組合せ能力 (GCA) の効果は、TCCとDMCにおいて有意であり、キャッサバにお

いてこれら形質を支配する相加的遺伝効果の重要性が示唆された。いっぽう、非相加的効果は、根とシュートの重さにおいて顕著であった。TCCが最も高かったMH02-073HSは、TCCにおいてGCAが最も高く、ウガンダの農家に栽培されている白い肉色を持つ品種NASE3は、DMCにおいてGCAが最も高かった。優れたGCA効果を持つこれら系統は、TCCとDMCの改良を目的とした将来の育種プログラムにおいて、遺伝変異の供給源となりうるであろう。TCCとDMCには負の相関がみられたことから、プロビタミン A キャッサバ品種の採用を増加させるために両形質を組み合わせるためには育種的な戦略が必要となるであろう。

Breeding Science 66: 627–635 (2016)

イネ品種 IR24 に誘発された突然変異体 XM14 のもつ新規イネ白葉枯病抵抗性遺伝子の同定と連鎖分析

Constantine Busungu¹⁾・田浦 悟²⁾・坂上潤一³⁾・一谷勝之³⁾

(¹⁾鹿児島大学大学院連合農学研究所, ²⁾鹿児島大学遺伝子実験施設, ³⁾鹿児島大学農学部)

白葉枯病は細菌 *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (*Xoo*) によってもたらされるイネ重大病害の一つである。フィリピンの *Xoo* 6 レースならびに日本の6レースに対して感受性のイネ品種「IR24」に化学突然変異原 N メチル N ニトロソウレアを処理することにより、日本の6レースすべてに対して抵抗性の突然変異系統「XM14」を得た。IR24とXM14の雑種第二代は、*Xoo* 日本産レースIIに対して、抵抗性1:感受性3を示すことから、抵抗性は1劣性遺伝子に支配されていることが明らかになった。日本産6レースすべてに対して感受性の品種「コシヒカリ」とXM14の雑種第二代を供試し、*Xoo* 日本産レースII接種後の病斑長が最も短い10個体を選抜してDNAマーカーによる分析

を行った結果、抵抗性遺伝子は第3染色体に座乗すると推定された。IR24の遺伝的背景をもち、当該染色体領域が日本品種「あそみのり」に置き換わった染色体断片置換系統「IAS16」とXM14の雑種第二代は*Xoo* 日本産レースIIに対して明瞭な病斑長の二頂分布を示した。DNAマーカーを用いた連鎖分析の結果、抵抗性遺伝子は第3染色体動原体近傍に座乗することが明らかになった。この染色体領域における白葉枯病抵抗性遺伝子はまだ報告されていないため、本研究で見出された抵抗性に関わる遺伝子を *XA42* (*XM14* のもつ劣性の抵抗性遺伝子は *xa42*) と命名した。

Breeding Science 66: 636–645 (2016)

MALDI-TOF-MS によって検出された、長江地域の中国コムギ在来品種がもつ LMW-GS 構成の対立遺伝子の変異

Yanchun Peng^{1,2,3)}・Zitong Yu^{2,3)}・Shahidul Islam^{2,3)}・Yujuan Zhang^{2,3)}・Xiaolong Wang^{2,3)}・Zhensheng Lei⁴⁾・Kan Yu¹⁾・Dongfa Sun^{1,5)}・Wujun Ma^{2,3)}

¹⁾College of Plant Science and Technology, Huazhong Agricultural University, China, ²⁾State Agriculture Biotechnology Centre, Murdoch University, Australia, ³⁾Australian Export Grain Innovation Centre, Australia, ⁴⁾Wheat Research Institute, Henan Academy of Agricultural Sciences, China, ⁵⁾Hubei Collaborative Innovation Center for Grain Industry, China)

低分子量サブユニットはコムギの貯蔵タンパク質の重要な構成因子であり、これはパンコムギの最終利用品質の決定に重要な役割を果たす。新しく開発されたマトリックス支援レーザー脱離/イオン化飛行時間型質量分析 (MALDI-TOF-MS) の手法を用いて中国の長江地域から採集された 478 のパンコムギ在来品種を調査した。その結果、*Glu-A3*、*Glu-B3* および *Glu-D3* の 3 遺伝子座に 17 の対立遺伝子を見出すことができ、これらは 87 の異なる対立遺伝子の組み合わせで存在した。全ての *Glu-3* 遺伝子座のこの 17 の対立遺伝子の内、5 つは *Glu-A3* 座、7 つは *Glu-B3* 座、そして 5 つは *Glu-D3* 座に検出された。MALDI-TOF-MS によって、*Glu-A3a/c* が 72.8%、*Glu-A3b* が 8.4%、*Glu-A3d* が 8.4%、*Glu-A3f* が 5.2%、そして *Glu-A3e* が 3.6% の

系統に存在することが分かった。*Glu-B3* 座の 7 種類の対立遺伝子には、*Glu-B3d/i* が 25.5%、*Glu-B3b* が 21.3%、*Glu-B3c* が 16.9%、*Glu-B3h* が 13.8%、*Glu-B3f* が 8.4%、*Glu-B3a* が 8.2%、そして *Glu-B3g* が 5.2% で存在した。*Glu-D3* 座の 5 種類の対立遺伝子は、*Glu-D3a* が 58.4%、*Glu-D3c* が 22.6%、*Glu-D3d* が 15.5%、*Glu-D3b* が 3.3%、そして *Glu-D3f* が 0.2% で見られた。異常な MALDI-TOF スペクトラムパターンを示す 4 対立遺伝子が、*Glu-A3* および *Glu-B3* 座において見られた。これら対立遺伝子の特徴を知るためおよびコムギ改良の利用可能性について知るためには更なる研究が必要である。

Breeding Science 66: 646–652 (2016)

野生ダイズ (*Glycine soja*) 遺伝資源における種子 α -トコフェロール比の自然変異

Maria Stefanie Dwiyantri¹⁾・丸山昇平²⁾・広野茉莉²⁾・佐藤雅子²⁾・Euiho Park³⁾・Sei Hyung Yoon⁴⁾・山田哲也²⁾・阿部 純²⁾

¹⁾Genotyping Services Laboratory, Plant Breeding Division, International Rice Research Institute, The Philippines, ²⁾北海道大学大学院農学研究院, ³⁾Department of Biotechnology, College of Applied Life Science, Yeungnam University, South Korea, ⁴⁾Grassland and Forages Division, National Institute of Animal Science, South Korea)

α -トコフェロールは、トコフェロールを構成する 4 種の同族体の一つで、ヒトにおいて最も高いビタミン E 活性をもつ。ほとんどのダイズ品種では、 γ 型が種子中のトコフェロールの優先型であり、総トコフェロールに対する α -トコフェロールの含量比 (α -トコフェロール比) は 10% 以下である。東欧の 3 品種が 20% 以上の α -トコフェロール比を示すが、この高い α -トコフェロール含量は γ -トコフェロールメチルトランスフェラーゼ 3 (γ -TMT3) 遺伝子のプロモーター領域の塩基置換に原因する。我々は、528 系統からなる野生ダイズコレクションのトコフェロール組成を解析し、異なる生育条件下でも安定的に

20% 以上の α -トコフェロール比を示す 16 系統を見出した。これらの系統では、冷涼条件下で登熟させた種子の α -トコフェロール比は著しく低下したが、高温条件下で登熟させた種子では様々な度合いで α -トコフェロール比が増加した。11 系統の γ -TMT3 プロモーターの DNA 配列解析から、高含有ダイズ品種と同一の配列を含む 4 種の異なる配列が見出された。これらの野生系統は、 α -トコフェロール高含有品種の育種や、 α -トコフェロール生合成の遺伝的制御機構の理解のための新規の遺伝資源として利用できる。

Breeding Science 66: 653–658 (2016)