

## 多収イネの育種に可能性をもたらす *DENSE AND ERECT PANICLE 1* (*DEP1*) 遺伝子

Hai Xu · Minghui Zhao · Qun Zhang · Zhengjin Xu · Quan Xu

(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)

直立穂モデルのスーパーライスは、理論的には太陽光エネルギーを有機物質の蓄積（バイオマス）へと変換し、子実収量を増加させることができる。*DENSE AND ERECT PANICLE 1* (*DEP1*) によって制御される直立穂型の表現型は、多収性、強桿による耐倒伏性、ほどよい集団構造や高い窒素利用効率などにより、ほぼ1世紀以上にわたって稲育種に利用されてきた。*DEP1* は G タンパク質シグナル伝達経路を介して直立穂、一穂粒数、窒素吸収、ストレス耐性などの制御に関わる G タンバ

ク質  $\gamma$  サブユニットである。ここでは、直立穂型イネ品種の開発、*DEP1* アリルと制御ネットワーク、生理学的・形態学的機能について振り返る。また、直立穂型スーパーライスの収量ポテンシャルのさらなる向上、および *dep1* 遺伝子を用いたインディカ・ジャポニカ間のハイブリッドライスの分子デザイン育種の将来展望について述べる。

**Breeding Science 66:** 659–667 (2016)

## 秋まきコムギ (*Triticum aestivum* L.) の染色体 1B に座乗する赤かび病抵抗性 QTL のマッピング

西尾善太<sup>1,2)</sup>・尾上ちひろ<sup>3)</sup>・伊藤美環子<sup>2)</sup>・田引 正<sup>2)</sup>・長澤幸一<sup>2)</sup>・三浦秀穂<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>東京農業大学, <sup>2)</sup>農研機構北海道農業研究センター, <sup>3)</sup>帯広畜産大学)

赤かび病はコムギにおいて最も被害の大きい病害の一つであり、最も有効な対策は抵抗性品種の開発である。ゆめちからは、優れた製パン性を持つ国産の硬質赤粒コムギ品種で中程度の赤かび病抵抗性を示す。ゆめちからが持つ赤かび病抵抗性の量的遺伝子座 (QTL) を明らかにするため、ゆめちからと中程度の罹病性を示すきたほなみから得られた倍加半数体系統について、両親間で多型を示す DNA マーカーを解析し、赤かび病抵抗性を5年間の圃場試験によって評価した。その結果、ゆめちからときたほなみから、それぞれ1つずつの赤かび病抵抗性

QTL が検出された。ゆめちから由来の QTL は染色体 1BS 上の低分子グルテニン遺伝子 *Glu-B3* およびふ色遺伝子 *Rg-B1* の近傍にマップされ、36.4% の寄与率を示した。きたほなみ由来の QTL は染色体 3BS 上にマップされ、11.2% の寄与率を示した。低分子グルテニン遺伝子 *Glu-B3* およびふ色遺伝子 *Rg-B1* の近傍に座乗する赤かび病抵抗性 QTL の利用は、ふ色によって品質と赤かび病抵抗性を同時に選抜することができる付加価値をもたらすと考えられる。

**Breeding Science 66:** 668–675 (2016)

## 鉄とリンを種子内に高蓄積するアフガニスタンコムギ在来種の単離と解析

近藤陽一<sup>1,2)</sup>・Alagu Manickavelu<sup>3,7)</sup>・小松憲治<sup>3)</sup>・Mujiburahman Arifi<sup>3,4)</sup>・川島美香<sup>2)</sup>・石井考佳<sup>6,8)</sup>・服部智宏<sup>5)</sup>・岩田洋佳<sup>5)</sup>・辻本 壽<sup>6)</sup>・坂 智広<sup>3)</sup>・松井 南<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>関東学院大学理工学部生命学系, <sup>2)</sup>理化学研究所環境資源科学研究センター, <sup>3)</sup>横浜市立大学木原生物学研究所, <sup>4)</sup>アフガニスタン政府農業灌漑畜産省, <sup>5)</sup>東京大学大学院農学生命科学研究科生産・環境生物学専攻, <sup>6)</sup>鳥取大学乾燥地研究センター, <sup>7)</sup>現:ケララ中央大学, <sup>8)</sup>現:ライプニッツ植物遺伝・穀物研究所)

新規コムギ育種素材開発のために、エネルギー分散型蛍光 X 線分析装置 (EDXRF) を用いて 266 のアフガニスタン在来種と、10 の参照系統のコムギ種子内元素組成を測定した。カリウム (K)、マグネシウム (Mg)、リン (P)、鉄 (Fe) の四つの元素

について測定が行われ、解析データを用いたクラスター分析から Fe とその他の元素 (特に K) の種子内組成が、反対のパターンを示すことが分かった。更に P と Fe が種子内に高蓄積する在来種も単離することに成功した。誘導結合プラズマ発光分光

装置 (ICP-AES) を用いてこれら在来種の種子内元素組成を測定した結果, EDXRF と同様に, 参照系統よりも P と Fe が種子内に高蓄積していた. 本研究では EDXRF を用いた測定のためのサンプリング法を改良することで, 低コスト, 短時間でコム

ギ種子内元素組成を評価する系を構築し, アフガニスタンコムギ在来種から種子内に有用元素を高蓄積した幾つかの育種素材を単離することに成功した.

**Breeding Science 66:** 676–682 (2016)

## 核および細胞質マーカーによるウンシュウミカン (*Citrus unshiu* Marc.) の親子鑑定

藤井 浩<sup>1)</sup>・太田 智<sup>1)</sup>・野中圭介<sup>1)</sup>・片寄裕一<sup>2)</sup>・松本敏美<sup>2)</sup>・遠藤朋子<sup>1)</sup>・吉岡照高<sup>1)</sup>・大村三男<sup>3)</sup>・島田武彦<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>農研機構果樹研究所 (現: 農研機構果樹茶業研究部門), <sup>2)</sup>農業生物資源研究所農業生物先端ゲノム研究センター (現: 農研機構次世代作物開発研究センター), <sup>3)</sup>静岡大学大学院)

ウンシュウミカン (*Citrus unshiu* Marc.) は, わが国の主要なカンキツ栽培品種である. その起源の解明はカンキツの分類やマンダリンの育種にとって重要であるが, 情報は限られている. われわれは, カンキツの 384SNP アレイによるゲノムワイドなジェノタイプングを行い, コンピュータソフトウェア MARCO を用いて, ウンシュウミカンの両親を推察した. 有効性が検証された 206 個の SNP マーカーについて, 67 のカンキツ品種・系統の遺伝子型データを取得した. 206 個の SNP の遺伝子型に基づく MARCO による解析により, 新たに 5 組合せの親子関係が発見され, キシュウミカンタイプのマンダリン (*Citrus kinokuni hort. ex Tanaka*, ‘キシュウミカン’ と ‘南豊

蜜桔’) とクネンボタイプのマンダリン (*Citrus nobilis* Lour. var. *kunip Tanaka*, ‘クネンボ’ と ‘本地広桔’) が, ウンシュウミカンの両親である可能性が示唆された. さらに, CAPS 分析により, キシュウミカンタイプのマンダリンの葉緑体 DNA における 4 つの領域の遺伝子型が, ウンシュウミカンの遺伝子型と一致することが示された. 歴史的背景を考慮すると, ウンシュウミカンは, キシュウミカンタイプ (派生品種または異名同種して ‘南豊蜜桔’ を含む) のマンダリンを種子親とし, クネンボタイプのマンダリン (派生品種または異名同種として ‘本地広桔’ を含む) を花粉親とする偶発実生である可能性が示唆された.

**Breeding Science 66:** 683–691 (2016)

## 半乾燥地条件での CIMMYT 春播き改良コムギ系統におけるムギネコブセンチュウおよびネグサレセンチュウ抵抗性のアソシエーション解析

Abdelfattah A. Dababat<sup>1)</sup>・Gomez-Becerra Hugo Ferney<sup>2,8)</sup>・Gul Erginbas-Orakci<sup>1)</sup>・Susanne Dreisigacker<sup>2)</sup>・Mustafa Imren<sup>3)</sup>・Halil Toktay<sup>4)</sup>・Halil I. Elekcioğlu<sup>7)</sup>・Tefamariam Mekete<sup>5)</sup>・Julie M. Nicol<sup>1)</sup>・Omid Ansari<sup>6)</sup>・Francis Ogbonnaya<sup>6)</sup>

(<sup>1)</sup>International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), Turkey, <sup>2)</sup>International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), Mexico, <sup>3)</sup>Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture and Natural Sciences, University of Abant İzzet Baysal, Turkey, <sup>4)</sup>Department of Plant Production and Technologies, Faculty of Agricultural Sciences and Technologies, University of Nigde, Turkey, <sup>5)</sup>Department of Entomology and Nematology, University of Florida, USA, <sup>6)</sup>Grains Research & Development Corporation (GRDC), Australia, <sup>7)</sup>Cukurova University, Turkey, <sup>8)</sup>現: Bayer Crop Science, USA)

センチュウ抵抗性遺伝子に連鎖する遺伝子座を同定するために, 半乾燥地条件に適応する合計 126 の CIMMYT の春播き改良品種を用い, そのうち 107 品種を 1,310 の DArT マーカーでジェノタイプし, *Heterodera avenae*, *Pratylenchus neglectus* と *P. thornei* の抵抗性をスクリーニングした. センチュウの反応と DArT マーカーの連関については, 一般線形モデルを用いて解析した. その結果, 11 マーカーが *H. avenae*, 25 マーカーが *P. neglectus*, 9 マーカーが *P. thornei* 抵抗性と有意に関連した. この研究で, 最近報告されている 4A 染色体 90 ~ 105cM に *P. thornei* に対する抵抗性遺伝子が存在することを確認した. また,

これまで両センチュウ属の抵抗性が報告されていない他の染色体領域にも有意なマーカー見出すことができた. これら新しい QTL は *H. avenae* については, 5A, 6A および 7A 染色体に, *P. neglectus* に対しては 1A, 1B, 3A, 3B, 6B, 7AS, および 7D 染色体に, そして, *P. thornei* については, 1D, 2A, および 5B 染色体にあり, これら新奇遺伝資源は, センチュウが問題となっている地域に適応する改良品種を開発するときの親として有用であろう.

**Breeding Science 66:** 692–702 (2016)

## 環境ストレス耐性 AtDREB1A 遺伝子組換えバレイショのほ場評価に向けた塩ストレス環境下における生産性評価

島崎高嘉<sup>1)</sup>・遠藤 司<sup>1)</sup>・春日美江<sup>2)</sup>・篠崎一山口和子<sup>3)</sup>・渡邊和男<sup>1)</sup>・菊池 彰<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>筑波大学生命環境系, 遺伝子実験センター, <sup>2)</sup>国際農林水産業研究センター, <sup>3)</sup>東京大学農学生命科学研究科)

バレイショは乾燥, 塩, 霜のストレスに弱い作物である. 環境ストレスの影響を軽減する方法の一つとして遺伝子組換え技術の利用が挙げられる. 環境耐性を付与した遺伝子組換えバレイショの実用性は, ストレス環境下での生産性により評価される必要がある. 実用性を持つと期待されるシロイヌナズナの DREB1A 遺伝子を導入した組換えバレイショ系統を確立するため, 我々はまず, 栽培室内で, 導入遺伝子の発現レベルではなく, 非ストレス環境下における成長性により, 候補系統を選抜した. 有望な組換え系統 (D163 と D164) を同定した後, 特定網室に

において, これらの系統の生産性の評価試験を実施した. 非ストレス条件下における選抜 2 系統の生産性は, 非組換え体に比べて減少したが, これらの系統は EC 値が 10 mS/cm 以上の高塩ストレス環境下でも収量を維持することが可能であった. この試験では試験条件を単純化するため, 培養土に含まれる肥料以外の施肥を行わなかった. 将来の研究では, 隔離ほ場において, これらの組換え系統の生物多様性影響評価試験を行った後, 慣行農法による生産性の評価試験を行う必要がある.

**Breeding Science 66:** 703–710 (2016)

## 核, 葉緑体およびミトコンドリアゲノム中の一塩基多型を用いた比較解析によるメロン (*Cucumis melo* L.) 7 品種の系統関係の検出

Qianglong Zhu<sup>1,2)</sup>・Peng Gao<sup>1,2)</sup>・Shi Liu<sup>1,2)</sup>・Sikandar Amanullah<sup>1,2)</sup>・Feishi Luan<sup>1,2)</sup>

(<sup>1)</sup>Horticulture College, Northeast Agricultural University, China, <sup>2)</sup>Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Horticulture Crops (Northeast Region), Ministry of Agriculture, China)

メロンは世界各国で多様な系統が栽培されており, メロン特有の生物学的な性質は分子生物学において魅力的なモデルとなっている. 本研究の目的はメロン (*Cucumis melo* L.) 7 系統のミトコンドリア, 葉緑体および核ゲノム由来の一塩基多型 (SNPs) をイルミナ社 HiSeq2000 とバイオインフォマティクス解析により評価し, メロン品種間の系統関係を明らかにすることである. 参照配列との比較により全 658 (各 207–295) のミトコンドリア SNPs と 0–60 の葉緑体 SNPs が 7 品種間で検出された. ミトコンドリア SNPs により作成された系統樹の 3 つの

トポロジーはメロンの形態形質を区別できなかったが, 葉緑体 SNPs による最節約法/近隣結合法による系統樹は種子の長さ, 幅, 厚さ, 100 粒重やタイプといったメロンの形態形質を区別できた. 核ゲノム由来の SNPs はミトコンドリアや核ゲノム由来の SNPs に比べてメロンの形態形質の区別により適していた. 本研究の結果はミトコンドリア, 葉緑体および核ゲノム由来の SNPs はメロン 7 品種間の系統関係の検出に有用であることを示した.

**Breeding Science 66:** 711–719 (2016)

## オリザ・ロンギスタミナータの染色体断片を有する pLIA-1 と農林 18 号との交雑由来 RIL における収量関連形質の QTL 同定

Emily Gichuhi<sup>1,2)</sup>・氷見英子<sup>2)</sup>・高橋秀和<sup>3)</sup>・Sinhao Zhu<sup>4)</sup>・土井一行<sup>4)</sup>・梅根一夫<sup>5)</sup>・前川雅彦<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>岡山大学大学院・環境生命科学研究科, <sup>2)</sup>岡山大学・資源植物科学研究所, <sup>3)</sup>秋田県立大学大学院・生物資源科学研究科, <sup>4)</sup>名古屋大学大学院・生命農学研究科, <sup>5)</sup>基礎生物学研究所)

イネの収量を向上させるためには, 広範な遺伝的プールが必要であり, そのために近縁野生種を探索することは重要である. オリザ・ロンギスタミナータは A ゲノムを有する野生種であるが, 農業形質を改良するためのその潜在性についてはあまりよく研究されていない.

オリザ・ロンギスタミナータの染色体断片を有する pLIA-1

は無肥料条件下で高い収量関連形質を示した. そこで, オリザ・ロンギスタミナータが保持する収量関連形質の潜在性を明らかにするために, pLIA-1 と農林 18 号との交雑から育成した RIL について RAD-Seq 法を用いて QTL 解析を行った. 合計で 36 個の収量関連形質 QTL が検出され, それらは第 1, 第 2, 第 3, 第 5, 第 6, 第 7, 第 8, 第 10 染色体に座乗していた. 強く相

関する形質の QTL 群が第 1, 第 3, 第 6, 第 8 染色体にあることも判明した. 第 1 と第 8 染色体の QTL 群に係る組換え個体の表現型データから第 1 染色体の pLIA-1 遺伝子型が穂形質により重要であることがわかり, また第 1 染色体と第 8 染色体の pLIA-1 遺伝子型の組み合わせが無肥料条件下で良好な表現型

を示すことが明らかとなった. これらの結果から, オリザ・ロンギスタミナータはイネの収量関連形質の改善に役立つ重要な遺伝子を有していることが示唆された.

**Breeding Science 66:** 720–733 (2016)

## パパイヤ (*Carica papaya*) とマウンテンパパイヤ (*Vasconcellea cundinamarcensis*) の属間交雑によるパパイヤ奇形葉モザイクウイルス抵抗性植物の作出

太郎良和彦<sup>1,2)</sup>・首藤亜耶乃<sup>1)</sup>・河野伸二<sup>3)</sup>・安田慶次<sup>4)</sup>・上野広樹<sup>2,5)</sup>・松村英生<sup>6)</sup>・浦崎直也<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup> 沖縄県農業研究センター, (<sup>2)</sup> 信州大学大学院・総合工学系研究科, (<sup>3)</sup> 沖縄県八重山農林水産振興センター, (<sup>4)</sup> 沖縄県森林資源研究センター, (<sup>5)</sup> 農研機構・野菜花き研究部門, (<sup>6)</sup> 信州大学・遺伝子実験センター)

本研究では, マウンテンパパイヤがパパイヤ奇形葉モザイクウイルス (PLDMV) に抵抗性であることを確認し, パパイヤとの属間雑種を作出した. パパイヤとマウンテンパパイヤの交雑を行った結果, 胚を有する 147 個の種子が得られた. パパイヤの種子は単胚性であるが, 147 個の種子は全て多胚性であった. これらを胚救出培養したところ, 28 個の種子を由来とする 218 個体の再生植物体を得られた. 全ての再生植物体の葉柄と茎に, マウンテンパパイヤの特徴である微毛が観察された. フローサイトメトリー解析と PCR により, 28 の再生植物体が

属間雑種であることを確認した. PLDMV 抵抗性を評価するため, PLDMV の人工接種を行った結果, 属間雑種 134 個体中 41 個体は, 無病徴で抵抗性を示した. 残りの 93 個体では, 接種葉より上位の若葉に壞疽斑が観察された. 壞疽斑が観察された 93 個体の多くで, 壞疽斑内へのウイルスの封じ込めとそれによるウイルスの移行阻害が確認された. 以上の結果から, 作出した属間雑種は, PLDMV 抵抗性パパイヤ育成のための有用な材料であることが示された.

**Breeding Science 66:** 734–741 (2016)

## 日本のイネ品種間の挿入・欠失と一塩基多型を検出するゲノムワイドな PCR ベースの DNA マーカーの作出ならびに炊飯米のつやと白米の白さに関する QTL の特定

木下乃梨子<sup>1)</sup>・高野 翔<sup>1)</sup>・下田直美<sup>1)</sup>・高牟禮逸朗<sup>2)</sup>・佐藤 毅<sup>3)</sup>・加藤清明<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup> 帯広畜産大学地域環境学研究部門, (<sup>2)</sup> 北海道大学大学院農学研究院, (<sup>3)</sup> 地方独立行政法人北海道立総合研究機構上川農業試験場)

米の外観品質は, 消費者の品種選択に影響を及ぼす重要な農業形質の一つで, 炊飯米のつやと白米の白さなどの多数の要因が含まれる複合形質である. 本研究では, 北海道のイネ品種「ゆきひかり」とその後代から育成された炊飯米のつやと白米の白さに優れる「上育 462 号」間の交雑に由来する組換え自殖系統 (RILs) 133 系統を供試した. ゲノムワイドな 165 種の挿入・欠失マーカー, 5 種の Cleaved Amplified Polymorphic Sequence (CAPS) マーカーおよび 8 種の derived CAPS (dCAPS) マーカーを開発して, QTL 解析に用いた. これら RILs を北海道内の比布町と札幌市の水田で栽培し, 炊飯米のつや面積 (glossiness area; GLA) とつや強度 (glossiness strength; GLS) ならびに白

米の白さ (whiteness of polished rice; WPR) を分析した. QTL 解析の結果, 4 種の QTLs が特定できた. 炊飯米のつやについては, *qGLA10* (第 10 染色体) と *qGLS9* (第 9 染色体) が 2 栽培地で検出された. 白米の白さについては, 比布町で *qWPR1* (第 1 染色体), 札幌市で *qWPR4* (第 4 染色体) がそれぞれで検出された. 4 種の全 QTL について, 「上育 462 号」型対立遺伝子が各形質値を増加させた. 本研究で見いだされた 4 種の QTL に連鎖する PCR ベースの DNA マーカーは, 将来, 炊飯米のつやと白米の白さの育種に利用できるものと期待できる.

**Breeding Science 66:** 742–751 (2016)

## *Aegilops kotschy* の K 型細胞質を持つ温度感受性細胞質雄性不稔コムギの細胞学的特徴づけ

Liyang Meng · Zihan Liu · Lingli Zhang · Gan Hu · Xiyue Song

(College of Agronomy, Northwest A&F University, China)

細胞質雄性不稔は作物のヘテロシスを得るひとつの重要な手段である。最近、温度感受性細胞質雄性不稔 (TCMS) 系統が、分げつの再生を基礎とする新しい方法を用いて開発された。今回の研究で我々は、TCMS 系統において、温度感受性雄性不稔を維持するのに必要とされるクリティカルな成長段階を調査し、稔性がタベートと小胞子の異常な発生に関連することを見出した。我々は、様々な発生段階で温度処理を行った植物の稔性を調べ、葯の細胞を顕微鏡で観察した。TCMS 系統 KTM3315A は Zadoks の発生段階 41–49 および 58–59 において温度感受性の雄性不稔を示した。形態学的にその系統は、出穂前 3～9 日と開花前 3～6 日に温度感受性の雄性不稔を示し、

その不稔は 3 ヶ所の栽培地で、春と夏の間部分的に回復した。TCMS 系統 KTM3315A では、小胞子発生における初期の単核期からタベート細胞が完全に分解されるまでに、未熟のタベートがプログラム細胞死 (PCD) を示し、その後、小胞子発生が停止する。花粉形成の不全は、染色可能不全タイプであった。したがって KTM3315A における雄性稔性は温度に感受性であり、花粉形成不全の主要な原因は、未熟なタベートの PCD である。そこでは、ある温度において、K 型 TCMS の稔性の転換に影響が及び、その開始段階が決定される。

**Breeding Science 66:** 752–761 (2016)

## DNA マーカーのゲノム構成に基づくミャンマーイネ遺伝資源の遺伝的多様性

ワンナ<sup>1,2)</sup>・渡辺和男<sup>1)</sup>・大澤 良<sup>1)</sup>・小原光広<sup>3)</sup>・柳原誠司<sup>3)</sup>・パパアウン<sup>2)</sup>・福田善通<sup>4)</sup>

(<sup>1)</sup>筑波大学・生命環境科学研究科, <sup>2)</sup>ミャンマー農業灌漑省農業局植物生物工学センター, <sup>3)</sup>国際農林水産業研究センター, <sup>4)</sup>国際農林水産業研究センター熱帯・島嶼研究拠点)

ミャンマーの 5 地域 (西部:丘陵, 北部:山岳, 南東部:台地, 南部:平地) の陸畑地帯および水田で栽培されている在来品種および改良品種, 合計 175 イネアクセスions の遺伝的多様性を, 65 種の DNA マーカーの多型データとフェノール反応に基づき評価した。DNA マーカーの多型データによる解析から, 地域やイネ栽培生態型ごとに, イネアクセスions において高い多様性が保持されていると確認できた。またクラスター解析により, これらのアクセスions はグループ I と II の 2 つに分

類でき, I はインド型, II は日本型品種に対応することが明らかになった。I のグループは主に陸畑地帯に, II は南部の水田地帯に分布しており, 優占タイプは地域によって異なっていた。ミャンマーのイネ遺伝資源は, 高い遺伝的多様性をイネ栽培生態型や地域ごとに保有している。この情報は, ミャンマーにおける遺伝資源や育種研究に役立てることができるであろう。

**Breeding Science 66:** 762–767 (2016)

## イネの SSSL ライブラリーを用いた CMS 稔性回復系統のデザイン育種のためのプラットフォームの開発

Ziju Dai<sup>1)</sup>・Qing Lu<sup>1)</sup>・Xin Luan<sup>1)</sup>・Lian Ouyang<sup>1)</sup>・Jie Guo<sup>1)</sup>・Jiayan Liang<sup>1)</sup>・Haitao Zhu<sup>1)</sup>・Wenjuan Wang<sup>2)</sup>・

Shaokui Wang<sup>1)</sup>・Ruizhen Zeng<sup>1)</sup>・Ziqiang Liu<sup>1)</sup>・Zemin Zhang<sup>1)</sup>・Xiaoyuan Zhu<sup>2)</sup>・Guiquan Zhang<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>State Key Laboratory for Conservation and Utilization of Subtropical Agro-Bioresources, South China Agricultural University, China, <sup>2)</sup>The Plant Protection Research Institute, Guangdong Academy of Agricultural Sciences, China)

ハイブリッドライスにおけるヘテロシスの利用はイネの収量増進に大きな成功をもたらしてきた。しかし、ハイブリッドライス開発における細胞質雄性不稔 (CMS) の効率的な稔性回復系統としての強い稔性回復能を持つ遺伝子型はほとんど知られていない。本研究において我々は、Huajingxian74 (HJX74) を

遺伝的背景に持つ染色体単一断片置換系統 (SSSLs) のライブラリーを用い, CMS 稔性回復系統のデザイン育種のためのプラットフォームを開発した。強い稔性回復能力と関連する *Rf3*<sup>4</sup> と *Rf4*<sup>4</sup>, 粒の品質に関連する *gs3*, *gw8*, *Wx<sup>a1</sup>*, *Alk* を, デザイン育種の標的遺伝子として HJX74 の SSSL ライブラリーから

選抜した。標的遺伝子のピラミディングにより、稔性回復系統 H121R を開発した。さらに、H121R 系統に *qBLASTII* 遺伝子をピラミディングすることにより、いもち病抵抗性を改良した。こうして、いもち病抵抗性の新たな稔性回復系統 H131R

が開発された。稔性回復遺伝子 *Rf3<sup>4</sup>* と *Rf4<sup>4</sup>* を含むこのプラットフォームは、イネのデザイン育種による継続的な改良に用いられるであろう。

**Breeding Science 66:** 768–775 (2016)

## 世界のイネコアコレクションおよび日本在来イネコアコレクションにおける雑種弱勢原因遺伝子 *Hwc2-1* の分布：品種分化、人為選抜との関連

一谷勝之<sup>1)</sup>・田浦 悟<sup>2)</sup>・佐藤宗治<sup>1)</sup>・久保山勉<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>鹿児島大学・農学部, <sup>2)</sup>鹿児島大学・遺伝子実験施設, <sup>3)</sup>茨城大学・農学部)

イネ *HWC1* 座の *Hwc1-1* 遺伝子, *HWC2* 座の *Hwc2-1* 遺伝子は補足的に作用し、雑種弱勢現象を引き起こす。本報告では、119 系統を含む 2 コアコレクションにおける *HWC2* 座周辺のハプロタイプ分析を行った。また、フェノール反応性、白葉枯病菌 日本産 1 群菌に対する反応も調査した。供試した全系統の遺伝的関係を明らかにするため、イネゲノム全体をカバーする 40 の Indel マーカーのバンドパターンを調査した。Indel マーカーによる分類は 4,357 の SNP を用いた分類とほぼ一致した。*Hwc1-1* 遺伝子をもつ系統との検定交配により 37 系統が *Hwc2-1* 遺伝子をもち、82 系統が *hwc2-2* 遺伝子をもつことが明らかになった。*HWC2* 遺伝子座と *Ph* 遺伝子座の遺伝子の間に

は強い関連性があった。*HWC2* 遺伝子座周辺の 14DNA マーカーおよび *Ph* 遺伝子座の遺伝子型に基づき、119 系統は 50 のハプロタイプに分けられた。*HWC2* 遺伝子座が座乗すると考えられる候補染色体領域を特に調べるため、*HWC2* 遺伝子に密接に連鎖する 6DNA マーカーで特徴付けられる‘ハプロタイプ・グループ’を分析した。*Hwc2-1* 遺伝子をもつ系統は同じハプロタイプグループであった。*hwc2-2* 遺伝子をもつハプロタイプグループの中には白葉枯病菌に対する抵抗性と関連するものがあつた。品種分化と *HWC2* 座周辺のハプロタイプとの関係、その育種上の意味を考察した。

**Breeding Science 66:** 776–789 (2016)

## ニュープラントタイプイネ品種由来の低分げつ遺伝子の同定

モハンマド ナシル ウディン<sup>1)</sup>・富田朝美<sup>1)</sup>・小原実広<sup>2)</sup>・柳原誠司<sup>2)</sup>・福田善通<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>筑波大学生物圏資源科学, <sup>2)</sup>国際農林水産業研究センター生物資源・利用領域, <sup>3)</sup>国際農林水産業研究センター熱帯・島嶼研究拠点)

インド型イネ品種 IR64 の遺伝的背景を持ちニュープラントタイプイネ品種 IR65600-87-2-2-3 の染色断片挿入系統の YTH34 について、陸畑および灌漑水田の異なる環境条件下で特徴付けを行った。YTH34 は、IR64 に比べて、穂数や一穂粒数が灌漑水田条件下で低くなる傾向を示したが、陸畑条件下ではそれらに加えて、稈長、穂長、種子稔性、穂重、全重および収量指数が顕著に減少した。また YTH34 の低分げつは、最高分げつ期以降に生じることを明らかにした。特に、陸畑条件下で低分

げつ化が顕著に生じることから、IR64 と YTH34 の交雑後代 F<sub>3</sub> 系統群を用いた分離分析と SSR マーカーの連鎖分析から、低分げつは単一の劣性遺伝子 *ln2* により制御され、第 7 染色体の挿入染色体上で SSR マーカー、*RM21950* と 2.1 cM の距離をもって座乗することを明らかにした。*ln2* を有する YTH34 や DNA マーカー情報は、インド型イネ品種の草型を改良するために利用できる。

**Breeding Science 66:** 790–796 (2016)

## 代表的なカンキツ系統およびブータンのものを含むマイナーなカンキツ系統の RAD-Seq 解析

Tshering Penjor<sup>1,2)</sup>・三村高史<sup>1)</sup>・古藤田信博<sup>1)</sup>・松本亮司<sup>1)</sup>・永野 惇<sup>3,4,5)</sup>・本庄三恵<sup>3)</sup>・工藤 洋<sup>3)</sup>・

山本雅史<sup>6)</sup>・永野幸生<sup>7)</sup>

(<sup>1)</sup>佐賀大学農学部, <sup>2)</sup>Renewable Natural Resources Research Centre Wengkhari, Bhutan, <sup>3)</sup>京都大学生態学研究センター, <sup>4)</sup>JST さきがけ, <sup>5)</sup>龍谷大学農学部, <sup>6)</sup>鹿児島大学農学部, <sup>7)</sup>佐賀大学総合分析実験センター)

代表的なカンキツ系統およびブータンのものを含むマイナー

なカンキツ系統、計 44 系統について、double-digest restriction

site-associated DNA sequencing (ddRAD-Seq) により縮小ゲノム配列を解析した。代表的な系統の分析結果は「シトロン、パペダ、ブンタン、マンダリンが祖先種であり、大部分のカンキツ系統はこれら4祖先種の変種又は交雑種である」というこれまでの知見と一致した。カンキツの品種はしばしば無性的に生育するために、品種内でヘテロ接合性が高度に保存される。ddRAD-Seqによりヘテロ接合性の保存が容易に検出できたので、ウンシュウミカンのようなカンキツの品種を近縁種と区別することができた。つまり、この方法により、カンキツ品種の意図しな

い移動や、生産者への誤った苗木の提供が、効果的に防止できる。ヒマラヤンライムと名付けたプータンのある系統は、形態的にメキシカンライムと似ていた。ddRAD-Seqによりメキシカンライムがパペダとシトロンとの交雑種であるという従来の知見が確認できたにもかかわらず、ddRAD-Seqによりヒマラヤンライムはマンダリンとシトロンとの交雑種であることが示唆された。ヒマラヤンライムに加えて、これまで未記載の組合せの交雑種の存在が示唆された。

**Breeding Science 66:** 797–807 (2016)

## 天水地域向けコムギ育種における根系研究と木原アフガンコムギ在来系統選抜のための育種素材化技術の開発

エムダジュール ハク<sup>1)</sup>・アジス アフマッド オスマニ<sup>1,2)</sup>・サイド ハシブラ アフマディ<sup>1,2)</sup>・坂 智広<sup>1)</sup>  
(<sup>1)</sup>横浜市立大学木原生物学研究所, <sup>2)</sup>アフガニスタン農業灌漑牧畜省)

アフガニスタン天水地域コムギの根系特性の改良を増強するために、パイプ栽培による効果的な擬似干ばつ耐性評価システムを開発した。底面吸水による灌水圃場の地下水位を想定した1 m長パイプを対照区に対して、2 m長パイプで地下水位が1 m低下した擬似干ばつ区を設定し、生育途中に間断的に上部より補助灌水を与えて(T1)木原アフガン在来コムギ(KAWLR)360系統の乾燥ストレス耐性を評価した。そこから乾燥ストレス下で根長の特性の異なる>200 cm (LR), 100–150 cm (MR), 20–100 cm (SR)の3群から30系統を選抜して、乾燥ストレス(T1)と補助灌水を減らした干ばつストレス(T2)での生育特

性を解析した。乾燥ストレス下で長い根を伸ばす品種群(LR)は干ばつストレス(T2)条件で土壌深部の根系の生体量を調整し、MRやSRよりも高い生存率を示した。これらのLR品種群はアフガニスタンの乾燥地域から採集されたもので、その農業特性は干ばつストレス時の土壌深部の根の生体量と高い相関性を示した。最長の根をもつLR-871(KU7604)を含む3系統をアフガンの天水地域向けコムギの新規育種素材として選抜した。

**Breeding Science 66:** 808–822 (2016)

## 塩ストレス条件下でのトマト商業品種のSSRマーカー利用スクリーニング

Charfeddine Gharsallah<sup>1)</sup>・Ahmed Ben Abdelkrim<sup>1)</sup>・Hatem Fakhfakh<sup>1,2)</sup>・Amel Salhi-Hannachi<sup>1)</sup>・Faten Gorsane<sup>1,2)</sup>

(<sup>1)</sup>Laboratory of Molecular Genetics, Immunology and Biotechnology, Faculty of Sciences of Tunis, University of Tunis El Manar, Tunisia, <sup>2)</sup>Faculty of Sciences of Bizerte, University of Carthage Tunisia)

本研究では、トマト商業品種の表現形質に対する塩ストレスの影響について調査した。供試品種のうち、3つは耐塩性品種(San Miguel, Romelia, Llanero)、2つは中程度の耐塩性品種(Perfect peel HF1, Heinz 1350)、残りは感受性品種である。試験した25のSSRマーカーのうち、19のSSRマーカーで多型を示し、合計で70アレル、1遺伝子座あたり平均で3.68アレルが確認できた。その時のPIC値は0.22から0.82の範囲であった。主成分分析の結果、耐性と感受性に区分される2つの対照的な集団と様々な遺伝子型をもつ集団に分かれた。STRUCTURE解析の結果、耐塩性応答により品種を3つの品

種群にクラスター化できた。トマトの耐塩性育種プログラムの成功は、様々なストレス条件に適応した商業品種の分子的特徴づけによっている。その目的で、本研究では耐塩性の素材を探索するために表現型とSSRマーカーによる遺伝子型を統合し、多層ネットワークとして表現した。この情報により、塩ストレスに対する表現型と遺伝子型を体系的にリンクすることが可能になり、対象品種に対して戦略的に耐塩性形質の導入が可能になる。

**Breeding Science 66:** 823–830 (2016)

## *Brassica juncea* の低エルシン酸化に寄与する *FAE* 遺伝子の CAPS マーカーの開発と検証およびマーカー選抜への利用

Navinder Saini<sup>1)</sup>・Naveen Singh<sup>1)</sup>・Anil Kumar<sup>1)</sup>・Nitika Vihan<sup>1)</sup>・Sangita Yadav<sup>2)</sup>・Sujata Vasudev<sup>1)</sup>・D. K. Yadava<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Division of Genetics, ICAR- Indian Agricultural Research Institute, India, <sup>2)</sup>Division of Seed Science and Technology, ICAR-IARI, India)

低エルシン酸化は、*Brassica juncea* の食用油を改良する上で、主要な育種目標である。育種の効率化を目標に、*Fatty acid elongase 1* 遺伝子 (*FAE1.1* と *FAE1.2*) の一塩基多型 (SNP) が見いだされている。本研究では低エルシン酸系統 ‘Pusa Mustard 30’ に由来する *FAE* 遺伝子パラログの塩基配列を決定し、NCBI データベースに登録されている *FAE* 遺伝子の塩基配列との比較から SNP を同定した。*FAE1.1* の 591 番目の塩基と 1265 番目の塩基に見いだされた 2 つの SNP, *FAE1.2* の 237 番目の塩基に見いだされた 1 つの SNP が、低エルシン酸と高エルシン酸の系統間で多型を示した。これらには制限酵素切断部位が生じる SNP や制限酵素切断部位を変える SNP が含まれていた。

*FAE1.1* の 591 番目の塩基と 1265 番目の塩基、および *FAE1.2* の 237 番目の塩基の変換によって、それぞれ *Hpy99I*, *BglII* および *MnII* の制限酵素切断部位に変化が生じた。そこで、低エルシン酸と高エルシン酸系統を区別するための *FAE1.1* に対する 2 つの CAPS マーカー、*FAE1.2* に対する 1 つの CAPS マーカーを開発した。*B. juncea* と *B. nigra* 系統による検証試験や戻し交雑後代での利用において、開発した CAPS マーカーの精度は 100% であった。これらの CAPS マーカーは、*B. juncea* の食用油の改良のためのマーカー選抜を容易にする。

**Breeding Science 66:** 831–837 (2016)

## ジャトロファの種間雑種と後代の細胞学的解析から明らかになった片親性染色体の優先的な伝達と種間転座

福原修斗<sup>1)</sup>・Narathid Muakrong<sup>1,2)</sup>・菊池真司<sup>1)</sup>・Patcharin Tanya<sup>3)</sup>・佐々英徳<sup>1)</sup>・木庭卓人<sup>1)</sup>・Peerasak Srinives<sup>3)</sup>

<sup>1)</sup>千葉大学大学院・園芸学研究科, <sup>2)</sup>プリンセスナラドヒワス大学・農学部, タイ, <sup>3)</sup>カセサート大学・カンベンセン農学部, タイ)

バイオディーゼル産植物であるジャトロファ・クルカス (*Jatropha curcas*) の遺伝的変異は限定的であり、その遺伝的な改良には種間交雑が必要である。クルカスとジャトロファ・インテジェリマ (*Jatropha integerrima*) の種間交雑は、農業形質の改良と油の含有量や収量を増大させるために利用できる。一方、それらの雑種特性は細胞遺伝学的に解析されていない。本研究では、ゲノミック *in situ* ハイブリダイゼーション (GISH) や蛍光 *in situ* ハイブリダイゼーション (FISH) により、減数分裂における染色体の挙動や種間雑種に由来する自殖後代の染色体構成を解析することを目的とした。種間雑種では種間対合に

よる二価染色体が高頻度で観察されたことから、それらの 2 種が同祖染色体を有することが示唆された。半数の小胞子は半減した染色体を持ち、GISH 解析は 2 種の染色体が小胞子にランダムに伝達されることを明らかにした。花粉稔性は 48.4% だった。ところが、自殖後代の GISH 解析ではクルカスの染色体が優先的に伝達されていることが明らかになった。また、GISH と FISH によって 2 種の染色体間の部分交換 (種間転座) が見つかった。インテジェリマからクルカスへの遺伝子移入は大規模栽培に向けたジャトロファ品種改良に資すると期待される。

**Breeding Science 66:** 838–844 (2016)

## コシヒカリ背景に *Oryza nivara* 染色体断片を保持する染色体断片置換系統群の作出と収量形質評価

古田智敬<sup>1)</sup>・上原奏子<sup>1)</sup>・ロザリン エンジェルズ = シム<sup>1)</sup>・ジュンヤン シム<sup>1)</sup>・永井啓祐<sup>1)</sup>・芦荻基行<sup>1)</sup>・高師知紀<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup>名古屋大学生物機能開発利用研究センター, <sup>2)</sup>株式会社ステイグリーン)

染色体断片置換系統群 (CSSLs) は、農業的に利用価値のある新奇遺伝子の発見や直接育種利用可能な有用な遺伝資源である。

今日までに、近縁野生種が保持する対立遺伝子を育種利用するために、栽培種と近縁野生種の交雑に由来する数々の CSSLs

がイネにおいて作出されてきた。 *Oryza nivara* は、インディカ種の祖先種と考えられている栽培イネの近縁野生種である。本研究では、26系統からなる、*O. nivara* ゲノム断片を *O. sativa* (コシヒカリ) 染色体背景に持つ CSSLs を作出した。この CSSLs について、種々の農業形質について表現型調査を行った結果、

収量および収量関連形質に関わる QTL が存在すると思われる染色体断片を複数同定した。本結果により、*O. nivara* が持つ対立遺伝子によって、既存のジャポニカ品種の収量性をさらに改善することができる可能性が示された。

**Breeding Science 66:** 845–850 (2016)