

日本における多様な用途向けサツマイモの育種および品種に関する最近の進展

片山健二¹⁾・小林 晃²⁾・境 哲文²⁾・藏之内利和¹⁾・甲斐由美²⁾

(¹⁾農研機構次世代作物開発研究センター, ²⁾農研機構九州沖縄農業研究センター)

サツマイモは世界中の熱帯や温帯で栽培される他殖性の同質6倍体作物である。サツマイモは長い歴史の中で救荒作物として重要な役割を果たしてきたが、近年は健康増進作物として再評価されている。日本のサツマイモは青果用、加工食品用、アルコールやでん粉の原料用のように広い用途で利用されており、農研機構の2つのグループがこれら用途向けの品種育成を担っている。サツマイモの育種家は、サツマイモに特有の問題を克服するため、交配の前に開花誘導のための接ぎ木や不和合群の同定といった育種手法を用いる。青果用では近年高糖度の

新品種が育成され、日本の消費者の間で人気となっている。加工食品用や色素用として高アントシアニン含量や高カロテン含量の新品種が育成されている。原料用では、高いアルコール収量を示す新品種が焼酎用として育成され、さらに高いでん粉収量を示す品種やゲルの低温保存性に優れるでん粉を含む品種がでん粉原料用として育成されている。この総説では、日本における多様な用途向けサツマイモの育種および品種に関する最近の進展について述べる。

Breeding Science 67: 3–14 (2017)

サツマイモにおける遺伝子工学的手法による農業上重要な形質の改良

Qingchang Liu

(Beijing Key Laboratory of Crop Genetic Improvement/Laboratory of Crop Heterosis and Utilization, Ministry of Education, China Agricultural University, China)

サツマイモは世界で7番目に重要な食品作物である。主にヒトの食物、動物飼料、デンプンやアルコールの製造に使用されている。この作物は、高度に異質接合で、通常自家不和合性を示す他殖性の倍数体であり、従来育種においては数多くの課題がある。その生産性と品質は、非生物学的および生物学的ストレスによって制限されることが多い。遺伝子工学は、これらのストレスに対する耐性やサツマイモの栄養品質の改善に大きな可能性を有することが示されている。今日までに、サツマイモの広範囲な遺伝子型において、アグロバクテリウム・ツメファエンシス媒介形質転換系が開発されている。塩害および干ばつ耐

性、病害および害虫耐性、さらに、デンプン、カロテノイドおよびアントシアニン生成に関連するいくつかの遺伝子がサツマイモから単離され、特徴付けられている。遺伝子工学は、この作物の非生物学的および生物学的ストレス耐性並びに品質を改善するために利用されてきた。この総説では、遺伝子工学によるサツマイモの農業上重要な形質の改善における、これまでの主要な研究の進展を要約し、この分野の研究の将来の可能性を示唆する。

Breeding Science 67: 15–26 (2017)

サツマイモの遺伝子組換えによるカロテノイドの代謝工学

Le Kang^{1,2)}・Sung-Chul Park¹⁾・Chang Yoon Ji^{1,2)}・Ho Soo Kim¹⁾・Haeng-Soon Lee^{1,2)}・Sang-Soo Kwak^{1,2)}

(¹⁾Plant Systems Engineering Research Center, Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), Republic of Korea, ²⁾Department of Green Chemistry and Environmental Biotechnology, Korea University of Science and Technology (UST), Republic of Korea)

サツマイモ [*Ipomoea batatas* (L.) Lam] は、貯蔵根にアスコルビン酸塩やカロテノイドなどの抗酸化物質を高濃度に貯蔵し、限界耕作地での栽培に最適な澱粉作物であり、また、健康に最も良い食品の1つである。植物において、カロテノイド色素は光合成のための光捕集に関与し、過剰光に対する光保護に

も必須である。これらの化合物は、ヒトの食事で抗酸化物質として摂取され、老化に伴う疾患を緩和し、健康に貢献する。サツマイモの貯蔵根は、人間の食料において、カロテノイドと炭水化物の両方の良い供給源である。したがって、サツマイモの有用なカロテノイドの含量を増加させるための代謝工学は、重

要な農業目標となる。この取り組みは、カロテノイド生合成遺伝子の大部分とカロテノイド蓄積に関するオレンジ遺伝子のクローニングによって促進されてきた。この総説では、サツマイモのカロテノイドの生合成、蓄積および異化の調節に関する最近の見解について説明する。これらの話題の深い理解は、栄

養素であるカロテノイドを高い含量含み、非生物学的ストレスに対して高レベルの耐性を示す新しいサツマイモ品種の開発に寄与するにちがいない。

Breeding Science 67: 27–34 (2017)

サツマイモのゲノム配列解析への挑戦

磯部祥子・白澤健太・平川英樹

(かざさ DNA 研究所)

次世代型シーケンサーの登場により多くの非モデル生物の全ゲノム解析配列の決定が可能となっている。しかしサツマイモ (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) の全ゲノム配列解析はゲノム構造が六倍体であることから未だ困難である。二倍体近縁種 *I. trifida* (H.B.K.) Don. はこれまでの研究結果からサツマイモの祖先種の可能性が最も高いとされている。そのためサツマイモ参照データとして有用であるとされ、*trifida* のゲノムおよび遺伝学的な特性が研究されてきた。一方、いくつかの研究グループはサツマイモゲノムのゲノム配列解析を直接実施し始めている。本報ではサツマイモのゲノム配列解析に関する大規模ゲノムやトラ

ンスクリプト解析の最近の研究結果や動向を以下のセクションに分けて紹介する。すなわち、*I. trifida* のゲノムとトランスクリプト配列解析、*I. nil* (アサガオ) のゲノム配列解析、サツマイモのトランスクリプト配列解析、葉緑体配列解析、転移因子および transferDNA 配列解析である。また、サツマイモの全ゲノム配列に対する最近の国際動向も併せて紹介する。公開された大規模ゲノム配列やトランスクリプト配列情報、そして国際的なゲノム配列解析の流れは今後サツマイモのゲノム配列解析を一層推し進めていくであろう。

Breeding Science 67: 35–40 (2017)

サツマイモにおける DNA マーカーを利用した遺伝・連鎖解析

門田有希・田原 誠

(岡山大学大学院環境生命科学研究所)

サツマイモは世界中で年間 104,000,000 トン以上生産される重要な作物種の一つであり、特に発展途上国では病害抵抗性、収量性、栄養価の高さなど農業上重要な形質をもつ有用な品種の育成が必要とされている。しかし、サツマイモは同質六倍体 ($2n=6x=90$)、高いヘテロ性、巨大なゲノムサイズ、他殖性などの特徴により複雑なゲノム構造をもつため、その遺伝・連鎖解析は困難である。加えて、六倍体の栽培品種についてはゲノム配列情報や遺伝子情報も無いため、同定された QTL 領域

の検証や遺伝子単離はほぼ不可能である。このような技術的な困難さが存在するにもかかわらず、連鎖地図の作成や QTL 解析はいくつか報告されてきた。本総括では、重要ではあるが遺伝的に複雑な作物種であるサツマイモを対象に行われてきた SSR, AFLP, レトロトランスポゾンに基づく分子マーカーを用いた連鎖解析の結果をまとめ、さらに遺伝解析やマーカー選抜育種に関する今後の展望についても記述する。

Breeding Science 67: 41–51 (2017)

サツマイモの機能性成分とその遺伝的改良

田中 勝¹⁾・石黒浩二²⁾・沖 智之³⁾・奥野成倫^{3,4)}

(¹⁾ 農研機構九州沖縄農業研究センター畑作研究領域、²⁾ 農研機構北海道農業研究センター畑作物開発利用研究領域、³⁾ 農研機構九州沖縄農業研究センター作物開発利用研究領域、⁴⁾ 現：農研機構九州沖縄農業研究センター企画部)

サツマイモ (*Ipomoea batatas*) の塊根にはデンプンやビタミン、ミネラルといった重要な栄養成分とともに、健康増進作用を持ついくつかの機能性成分が含まれている。それら機能性成

分の中でも、カロテノイド、アントシアニンおよびカフェオイルキナ酸類の機能性は試験管内および生体内での試験を通じて十分な確証が得られている。日本国内ではこれまでに、塊根に

アントシアニンを高濃度に含む「アヤマラサキ」など、これらの機能性成分を豊富に含むサツマイモ品種が開発されている。また、これらの機能性成分の含量の向上や成分組成の改変のために、生合成に関与する遺伝子の同定やそれを利用した生合成経路の遺伝的な改変も試みられている。この総説では、これら

の機能性成分に関する研究や育種の現状について解説するとともに、サツマイモの持つ機能性の改良に向けた将来展望について議論する。

Breeding Science 67: 52–61 (2017)

サツマイモ塊根中の炭水化物成分：その多様性と遺伝的改良

北原兼文¹⁾・中村善行²⁾・大谷基泰³⁾・濱田達朗³⁾・中谷内修³⁾・高畑康浩⁴⁾

(¹⁾鹿児島大学・農学部, (²⁾農研機構次世代作物開発研究センター, (³⁾石川県立大学・生物資源工学研究所, (⁴⁾農研機構九州沖縄農業研究センター)

サツマイモ塊根中の炭水化物はその食味や産業利用において重要な成分である。サツマイモのでん粉特性はこれまで変異の幅が狭かったが、近年の通常の育種や遺伝子工学技術によりこれまでとは異なるでん粉特性を持った独特な品種や実験系統が作出されてきている。一方、サツマイモ品種・系統における麦

芽糖含量、遊離糖組成やテクスチャーの多様性も食味や加工の面で重要である。本総説においては、これらの重要な特性について現在の育種と研究の状況をまとめるとともに、この研究分野における将来展望を述べる。

Breeding Science 67: 62–72 (2017)

日本におけるサツマイモ主要病害虫と抵抗性育種

岡田吉弘¹⁾・小林 晃²⁾・田淵宏郎²⁾・蔵之内利和³⁾

(¹⁾農研機構九州沖縄農業研究センター生産環境研究領域, (²⁾農研機構九州沖縄農業研究センター畑作研究領域, (³⁾農研機構次世代作物開発研究センター畑作物研究領域)

サツマイモは、世界中、特に熱帯、亜熱帯および温帯地域における重要な作物であるが、いくつかの病害虫の影響を受ける。日本では世界中でみられるような深刻なサツマイモ病害虫は比較的少ないが、一部の病害、特に土壌伝染性病害、ウイルス病や植物寄生線虫およびゾウムシ類などの害虫は深刻な被害をもたらす。ここでは、日本のサツマイモ病害虫の現状と管理技術

および、これらの病害虫に対するサツマイモ抵抗性育種に関する研究をレビューする。さらに、農研機構 (NARO) におけるサツマイモ育種プログラムで利用されている病害虫特性検定の評価法について述べる。

Breeding Science 67: 73–82 (2017)

デュラムコムギ (*Triticum turgidum* L. *durum* (Desf.)) における幼苗形質の SNP ベース関連解析

Salih A.I. Sabiel^{1,2)}・Sisi Huang¹⁾・Xin Hu¹⁾・Xifeng Ren¹⁾・Chunjie Fu³⁾・Junhua Peng³⁾・Dongfa Sun^{1,4)}

(¹⁾College of Plant Science and Technology, Huazhong Agricultural University, China, (²⁾Plant Breeding Program, Agricultural Research Corporation, Sudan, (³⁾Life Science and Technology Center of China National Seed Group Co., Ltd., and the State Key Laboratory of Crop Breeding Technology Innovation and Integration, China, (⁴⁾Hubei Collaborative Innovation Center for Grain Industry, China)

本研究では、世界中のデュラムコムギ (*Triticum turgidum* spp. *durum*) の遺伝資源のうち 150 のアクセッションについて主要な幼苗形質と生育について調査した。制御された水耕栽培条件下で、発芽後 13, 20, 27, 34 日目に主要な幼苗形質を評価した。バイオマスの形質については発芽後 34 日目に測定した。幼苗形質および、4 年続けて調査した登熟後の 3 つの圃場形質、草丈、粒重、千粒重との間で相関解析を行った。幼苗形質と SNP

マーカーとの関連については線形混合モデル (MLM) に基づき解析した。その結果、幼苗および登熟後の圃場形質において高度に有意な遺伝的変異と強い遺伝率が見出された。すべての形質と 4 段階の生育ステージについて、合計 259 の有意な関連性が検出された。単一の SNP マーカーによって説明される表現型の変異 (R^2) はほとんど (84%) の有意な SNP マーカーについて 10% よりも高かった。46 個の SNP マーカーは多数の形

質と関連性があり、幼苗期における無視できない多面発現性を示している。関連を示した SNP マーカーは幼苗形質の遺伝解析、および強い幼苗生育を示す新たなコムギ品種のマーカーアシ

ト選抜に有用と考えられる。

Breeding Science 67: 83–94 (2017)

ダイズにおけるリョクトウ黄色モザイクインドウイルス (MYMIV) 耐性遺伝子の連鎖解析

Anita Rani¹⁾・Vineet Kumar¹⁾・B S Gill²⁾・Pushendra Rathi³⁾・Shruti Shukla¹⁾・R K Singh⁴⁾・S M Husain¹⁾

(¹⁾ICAR-Indian Institute of Soybean Research, India, (²⁾Department of Plant Breeding, Punjab Agricultural University, India, (³⁾Department of Plant Breeding, G.B. Pant University of Agriculture & Technology, India, (⁴⁾ICAR Headquarters, India)

リョクトウ黄色モザイクインドウイルス (MYMIV) は、インドにおけるダイズ生産を制限する最も流行している病原体の1つである。この研究では、インドの主導品種であるが MYMIV 感受性品種である JS335 と、インドでリリースされた大部分の MYMIV 耐性品種において、MYMIV 耐性遺伝子のドナーとなっている PI171443 に由来する RILs、およびインド北部用にリリースされた耐性品種である SL525 と、感受性品種である NRC101 に由来する F2 集団を用いて MYMIV 耐性の遺伝子について研究を行い、MYMIV 耐性の原因遺伝子をマッピングした。F1s は完全に感受性であることが判明した。F_{2,3} および RIL 集団は 1:2:1 および 1:1 の比に適合して分離し、単一劣

性遺伝子が MYMIV に対する抵抗性を制御していることを示した。バルク分離分析 (BSA) は、多型を示す 144 の SSR マーカーを用いて行われた。MYMIV 耐性遺伝子は、第 6 染色体 (LG C2) 上の 2 つの SSR マーカー GMAC7L および Satt322 の間 3.5-cM のゲノム領域内にマップされ、そのサイズは 77.115 kb (12,259,594–12,336,709 bp の位置) と推定された。これは、ダイズにおける MYMIV 耐性遺伝子のリンケージマッピングについての最初の報告である。マーカー利用選択を用いることは、インドのダイズに広範な被害を引き起こす MYMIV に対するダイズ耐性品種の育種に役立つであろう。

Breeding Science 67: 95–100 (2017)

SSR マーカーと QTL-seq 解析の併用による短日条件下出穂遅延に関与する新規 QTL, qDTH4.5 および qDTH6.3 の検出

小木曾映里^{1,7)}・田中 剛^{1,7)}・田中啓介³⁾・野々上慈徳^{1,7)}・佐々木卓治³⁾・伏見栄利奈^{2,5)}・小出陽平^{4,6)}・奥本 裕²⁾・矢野昌裕^{1,7)}・齊藤大樹²⁾

(¹⁾農業生物資源研究所, (²⁾京都大学大学院農学研究科, (³⁾東京農業大学生物資源ゲノム解析センター, (⁴⁾京都大学白眉センター, (⁵⁾現:農研機構農業環境研究変動センター, (⁶⁾現:北海道大学大学院農学研究院, (⁷⁾現:農研機構次世代作物開発研究センター)

イネの出穂期は、最も重要な農業形質の一つであり、多数の遺伝子によって支配されている。一般的に、「日本晴」を含めほとんどの *japonica* 品種は短日条件下では早生となるが、*indica* 品種の「Kasalath」は晩生となる。本研究では、日本晴の遺伝的背景をもち、既知の出穂期遺伝子座に Kasalath 型アレルをもつ同質遺伝子系統 (NILs)、Kasalath 染色体断片置換系統 (CSSLs) および戻し交配系統 (BILs) を用いて、短日条件下における到穂日数を調査した。その結果、NIL および CSSLs では晩生となる系統は存在しなかったが、BIL では 2 系統 (BIL-55 および 78) が「Kasalath」と同程度に晩生となった。この晩生化の遺伝的要因を明らかにするため、BIL-55 と「日本

晴」との交雑 F₂ 集団を育成し、SSR マーカーを使用して QTL 解析を実施した。その結果、短日条件下での晩生化は既知の 2 つの出穂期遺伝子と第 4 および 6 染色体上に存在する新規 QTL, *qDTH4.5* および *qDTH6.3* が関与していることが明らかになった。さらに、全ゲノム解読による QTL-seq 解析を実施した結果、QTL 座乗候補領域を絞り込み、候補領域内の多型を検出することができた。この 2 つの新規 QTL および QTL 領域内の多型情報は、出穂研究に有益な情報を提供するだけでなく、低緯度地域のイネ育種に活用できると考えられる。

Breeding Science 67: 101–109 (2017)

モモ家系でのモモ灰星病抵抗性の育種価予測における順序尺度に対するベイズアニマルモデルの適用

Jonathan Fresnedo-Ramírez^{1,3)}・Thomas R. Famula²⁾・Thomas M. Gradziel¹⁾

(¹⁾Department of Plant Sciences, University of California, USA, ²⁾Department of Animal Science, University of California, USA, ³⁾現: Department of Horticulture and Crop Science, The Ohio State University/OARDC, USA)

Monilinia spp. によって引き起こされるモモ灰星病は、世界中の核果類果樹で最も重要な糸状菌病害である。モモ灰星病感染を正確に特徴づけて評価するいくつかの形質評価方法が提案されてきたが、それらの研究成果は育種プログラムにおける抵抗性増強に繋がっていない。病気の発生は、病原菌、植物宿主、環境、人間による管理の4つの要素に同時に影響されるので、病害抵抗性育種は、作物改良の最も挑戦的な目標の一つである。本研究では、多分割順序尺度を用いて評価された、モモ育種系

統のモモ灰星病抵抗性を分析するためのベイズ推定に基づく戦略を提供する。モモ由来およびアーモンド由来の2種類の抵抗性を持つ家系、いくつかの経済栽培品種、および2つの分離集団を分析して、モモ灰星病抵抗性に関する狭義の遺伝率や育種価を推定した。得られた結果は、強い環境相互作用に特徴づけられる病害抵抗性や他形質の遺伝的改良を保証するものであった。

Breeding Science 67: 110–122 (2017)

ダイズ種子のサポニン含量に関する環境的に安定な QTL の同定

寺石政義¹⁾・東条由花¹⁾・山田直弘²⁾・奥本 裕¹⁾

(¹⁾京都大学大学院農学研究科, ²⁾長野県野菜花き試験場)

サポニンは植物に広く存在する二次代謝物である。ダイズには、不快味の原因となるソヤサポゲノール A および健康増進効果をもつとされるソヤサポゲノール B の二つの主要なサポニン前駆体が存在する。ダイズの食品としての魅力を高めるために、この二つの主要なサポニングループの割合および含量を制御することは重要である。サポニン糖鎖構造の多様性のため、総サポニン含量の定量は困難であるが、酸加水分解で糖鎖を除去することにより総サポニン含量を測定し、新たな QTL の検

出を行った。双方のサポニングループにおいて、胚軸の主たる QTL は第 5 染色体の SSR マーカー Satt384 近傍に、子葉の主たる QTL は第 6 染色体の Sat_312 近傍に同定され、これは *T* および *E1* 遺伝子座と連鎖していた。胚軸および子葉のサポニン含量はそれぞれ異なる遺伝子により制御されていること、およびグループ B サポニンを増やしてグループ A サポニンを減らすことは難しいことが示唆された。

Breeding Science 67: 123–128 (2017)

Triticum timopheevi に由来するコムギ 5BL 染色体上の赤さび病抵抗性遺伝子 *Lr18* のためのマイクロサテライトマーカー

Ali Aliakbari Sadeghabad¹⁾・Ali Dadkhodaie¹⁾・Bahram Heidari¹⁾・Hooman Razi¹⁾・Reza Mostowfizadeh-Ghalamfarsa²⁾

(¹⁾Department of Crop Production and Plant Breeding, School of Agriculture, Shiraz University, Iran, ²⁾Department of Plant Protection, School of Agriculture, Shiraz University, Iran)

Puccinia triticina によって引き起こされる赤さび病は世界に共通するコムギの病害である。適切な系統における新規抵抗性遺伝子の活用やピラミディングによって抵抗性品種を開発することは、この病害を制御するために最も有効なアプローチである。しかし、一つの遺伝子型の中に遺伝子を集積させるためには、効果的で信頼性の高いマーカーが必要である。本研究では、抵抗性系統「Thatcher (Tc) *Lr18*」と感受性品種「Boolan」との交配による F₂ 植物およびそれらに対応する F₃ 集団を用い、

6 倍体コムギ 5BL 染色体上の SSR マーカーを利用して赤さび病抵抗性遺伝子 *Lr18* をマッピングした。植物への感染には *P. triticina* の病原型 15 を用いた。供試した 20 組のプライマーのうち、8 組が両親間で多型を示したため、以降、全 F₂ 集団の遺伝子型を決定した。Xgpw7425 と Xwmc75 のマーカーにより、目的遺伝子座をそれぞれ 0.3 cM と 1.2 cM の距離で挟み込んだ。これら 2 つのマーカーで、異なる遺伝的背景を持つ 81 の遺伝子型を解析したところ、*Lr18* の存在の有無をスクリーニング

するために有効であることが確認された。よって、これらのマーカーは今後のコムギ育種プログラムにおいて、同遺伝子の遺伝

子推定およびマーカー選抜 (MAS) に利用することができる。
Breeding Science 67: 129–134 (2017)

交雑によるシイタケのウラシル栄養要求二核菌糸体系系統の確立

Chenli Zhou • Liping Xi • Wenjun Mao • Jianing Wan • Yan Li • Ying Wang • Dapeng Bao

(Laboratory of Edible Fungi Genetic, National Engineering Research Center of Edible Fungi; Key Laboratory of Applied Mycological Resources and Utilization, Ministry of Agriculture; Shanghai Key Laboratory of Agricultural Genetics and Breeding; Institute of Edible Fungi, China)

シイタケウラシル栄養要求性一核菌糸体系系統 423-9 を野生菌株由来である 9 つの一核菌糸体系系統 (cro2-2-9, W66-1, xd2-3-2, QingKe 20A, 241-1-1, 9015-1, L66-2, 241-1-2, and Qing 23A) と交配し、9 つの交雑二核菌糸体系系統が得られた。これら交雑二核菌糸体系系統は子実体を形成し、496 単孢子分離菌糸体系系統が得られた。単孢子分離菌糸体系系統のうち、顕微鏡下で 166 株が一核菌糸体系系統であることが確認された。選択培地でこれら一核菌糸体系系統をスクリーニングし、19 株のウラシル要求性一核菌糸体系系統を得た。ウラシル要求性一核菌糸体系間の交配によって、56 株のウラシル栄養要求性二核菌糸体系系統が選択培地から得られた。二核菌糸体系系統はウラシルが存在しない最少培地上で

成長することができず、野生菌糸系統と比較して PDA 培地上では低成長率を示した。ウラシル栄養要求性二核菌糸体系系統はまた、ウラシルが存在しないおがくず培地よりもウラシルが存在するおがくず培地上で著しい成長を示した。子実体形成試験をしたところ、ウラシル含有木粉培地上で通常の子実体を形成した。この結果は、シイタケのウラシル栄養要求性二核菌糸体系系統が交雑によって作出できたことを示すものである。また得られた菌糸体系系統は、将来の遺伝学的研究や、品種の保護・同定を遂行するうえで貴重な遺伝資源であると考えられた。

Breeding Science 67: 135–139 (2017)

サツマイモの塊根収量、乾物重、デンプンおよび β -カロテン含有量に対する遺伝解析と SSR マーカーの連関

Benard Yada^{1,3)} • Gina Brown-Guedira²⁾ • Agnes Alajo³⁾ • Gorrettie N. Ssemakula³⁾ • Eric Owusu-Mensah⁴⁾ • Edward E. Carey⁴⁾ • Robert O.M. Mwangi⁵⁾ • G. Craig Yencho¹⁾

(¹⁾Department of Horticultural Science, North Carolina State University, USA, ²⁾USDA-ARC, Department of Crop Science, North Carolina State University, USA, ³⁾National Agricultural Research Organization (NARO), National Crops Resources Research Institute (NaCRRI), Uganda, ⁴⁾International Potato Center (CIP), c/o CSIR-CRI, Ghana, ⁵⁾International Potato Center (CIP), Uganda)

分子マーカーはサブサハラ地域における様々な商業上重要な特性に優れたサツマイモ (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) 品種の開発促進に必要である。本研究では「New Kawogo」×「Beauregard」間の交配集団における塊根収量、乾物重、デンプンおよび β -カロテン含有量の遺伝率と形質間の相関の推定を行った。また、これらの形質に連関する simple sequence repeat (SSR) マーカーの同定を行った。全 287 個体の後代と両親の評価をウガンダ国内の 3 カ所で 2 シーズン実施し、250 の SSR マーカーで遺伝子型解析を行った。塊根収量、乾物重、デンプンおよび β -カロテン含有量の広義の遺伝率 (H^2) はそれぞれ 0.24, 0.68,

0.70 および 0.90 だった。塊根の β -カロテン含有量は乾物重 ($r=-0.59, P<0.001$) およびデンプン含有量 ($r=-0.93, P<0.001$) との間に負の相関があった。一方、塊根収量は乾物重 ($r=0.57, P=0.029$) とデンプン含有量 ($r=0.41, P=0.008$) との間に正の相関を示した。ロジスティック回帰により 12, 4, 6 および 8 個の SSR マーカーがそれぞれ塊根収量、乾物重、デンプンおよび β -カロテン含有量と連関していることが明らかとなった。本研究で用いた SSR マーカーは今後の量的形質遺伝子座 (QTL) 解析とこれらの形質の選抜に有用である。

Breeding Science 67: 140–150 (2017)

VmPPD 遺伝子の機能欠損によって生じるケツルアズキ (*Vigna mungo*) の多器官大型化突然変異

内藤 健¹⁾・高橋 有¹⁾・Bubpa Chaitieng²⁾・平野久美³⁾・加賀秋人¹⁾・高木恭子⁴⁾・小木曾映里⁵⁾・

Charaspon Thavarasook⁶⁾・石本政男⁵⁾・友岡憲彦¹⁾

(¹⁾ 農研機構遺伝資源センター, ²⁾ ウボン・ラチャタニ大学, タイ, ³⁾ 東京農業大学, ⁴⁾ 農研機構東北農業研究センター, ⁵⁾ 農研機構次世代作物開発研究センター, ⁶⁾ チャイナート畑作物研究センター, タイ)

種子の大きさはマメ科作物において重要な形質である。我々はケツルアズキ (*Vigna mungo*) から植物体や種子が巨大化した突然変異体を得ており、この変異体では葉身が2倍に、植物体の乾物重が1.5倍に、種子の大きさは1.7倍になっていることを明らかにした。我々はこの変異体を多器官巨大化変異体 (*multiple-organ-gigantism* (*mog*) 変異体) と命名し、*mog* 表現型の原因が細胞サイズの増加ではなく、細胞数の増加によることを見出した。また、*mog* 変異体の葉身には皺が入る (*rippled leaf* (*rl*)) ことを見出したが、これは *mog* 変異の多面的効果であると考えられた。我々は *mog* 表現型の原因遺伝子をマップベースクローニングによって単離し、*mog* 変異体で

は、シロイヌナズナの分裂組織の細胞分裂を制御する機能をもつ *PEAPOD* (*AtPPD*) 遺伝子の同祖遺伝子、*VmPPD* 遺伝子の第6エキソンに8塩基の欠失を生じていることを明らかにした。この変異以外には、野生型ケツルアズキと *mog* 変異体の間には、変異は見出されなかった。ダイズにおいて *PPD* 遺伝子の発現を抑制すると、*mog* 表現型と *rl* 表現型の両方が再現された。したがって *VmPPD* 遺伝子の機能欠損が *mog* 表現型の原因遺伝子であると結論づけた。種子の大粒化は商品価値の向上に直接寄与するため、この遺伝子は育種において非常に重要であると考えられる。

Breeding Science 67: 151–158 (2017)

稲品種「北陸 193 号」のいもち病抵抗性に関する QTL 解析

長岡一朗¹⁾・笹原英樹¹⁾・田淵宏朗²⁾・重宗明子³⁾・松下 景¹⁾・前田英郎¹⁾・後藤明俊⁴⁾・福岡修一⁴⁾・

安藤 露⁴⁾・三浦清之⁵⁾

(¹⁾ 農研機構中央農業研究センター, ²⁾ 農研機構九州沖縄農業研究センター, ³⁾ 農研機構西日本農業研究センター, ⁴⁾ 農研機構次世代作物開発研究センター, ⁵⁾ 故人)

稲品種「北陸 193 号」のいもち病抵抗性に関して遺伝的背景を調査するため、いもち菌を人工接種した [ms-bo] 熱研 2 号 × 北陸 193 号 F₃ 系統を用いて QTL 解析を行った。その結果、第 1、第 4、第 6、第 12 染色体上に北陸 193 号型で抵抗性の高まる QTL が検出された。特に、第 12 染色体上の QTL は作用力が強く、いもち病抵抗性遺伝子 *Pi20(t)* の座する領域と一致したことから、北陸 193 号のいもち病抵抗性は *Pi20(t)* に強く支配されていると考えられた。また、*Pi20(t)* を有しないと考えられる系統のみに対して QTL 解析を行ったところ、第 4 染色

体上に 2 か所 (*qBR4-1*, *qBR4-2*)、第 6 染色体上に 1 か所 (*qBR6*) の QTL が検出され、このうち *qBR4-2* と *qBR6* は北陸 193 号型で抵抗性が高まる QTL であった。BR_NIL (*Pi20(t)* を排除した北陸 193 号の NIL) を用いた検定から、*Pi20(t)* を排除することによって北陸 193 号のいもち病に対する罹病性が大きく高まることが示唆された。また、BR_NIL の罹病性は軽微であり、これは *qBR4-2* 或いは *qBR6* の作用によるものかもしれない。

Breeding Science 67: 159–164 (2017)

DNA マーカー選抜を用いたビールの香味安定性を向上させるリポキシゲナーゼ-1 欠失ビール用二条大麦新品種「ニューサチホゴールド」の育成

大関美香^{1,2)}・五月女敏範^{1,5)}・春山直人^{1,5)}・山口昌宏¹⁾・渡邊浩久^{1,5)}・沖山 毅^{1,5)}・加藤常夫¹⁾・高山敏之^{1,6)}・大山 亮¹⁾・長嶺 敬^{1,7)}・鈴木康夫^{1,5)}・豊島貴子^{1,5)}・関和孝博¹⁾・大野かおり^{1,8)}・斉藤哲哉¹⁾・薄井雅夫^{1,5)}・新井 申^{1,5)}・桑川晃伸¹⁾・鈴木恵美子¹⁾・白間香里^{1,5)}・木原 誠³⁾・保木健宏³⁾・松原秀樹⁴⁾・大澤 良²⁾
(¹⁾ 栃木県農業試験場, ²⁾ 筑波大学生命環境科学研究科, ³⁾ サッポロビール株式会社, ⁴⁾ アサヒビール株式会社, ⁵⁾ 現: 栃木県農政部, ⁶⁾ 現: 農研機構次世代作物開発研究センター, ⁷⁾ 現: 農研機構中央農研北陸研究センター, ⁸⁾ 現: 栃木県東京事務所)

原麦リポキシゲナーゼ (LOX-1) を欠失したビール用二条大麦新品種「ニューサチホゴールド」を2015年に栃木県農業試験場において育成した。「ニューサチホゴールド」は、LOX-1 欠失突然変異系統「大系 LM1」を一回親、主力品種の「サチホゴールド」を反復親として、連続戻し交配により育成した。育成にあたっては、LOX-1 活性簡易評価法と DNA マーカー選抜を活用した。「ニューサチホゴールド」は、オオムギ縞萎縮病抵抗性 (オオムギ縞萎縮ウイルス系統 I ~ III 型抵抗性) を有する国内初の LOX-1 欠失ビール大麦品種である。「ニュー

サチホゴールド」は、原麦の LOX 活性が検出されず、製麦中の LOX 活性が「サチホゴールド」に比べて明らかに低いことを除けば、農業特性および麦芽品質特性は「サチホゴールド」と同程度である。「ニューサチホゴールド」の麦汁およびビール中のトランス-2-ノネナール (T2N) 前駆体の濃度は、保存の前後いずれにおいても「サチホゴールド」に比べて明らかに低かった。

Breeding Science 67: 165–171 (2017)