

遺伝的情報を利用した稲品種「北陸 193 号」の脱粒性及び種子休眠性の改良

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)

本研究では、稲品種北陸 193 号の脱粒性及び種子休眠性に関する遺伝的背景を調査し、それを利用して NIL を作成し実際にそれら形質の改良を行った。北陸 193 号 × コシヒカリ F₃ 集団を用いた解析において、インド型稲の脱粒性を強く支配する *qSHI* 座の遺伝子型と脱粒性の有無はほぼ一致したことから、北陸 193 号の脱粒性には *qSHI* 座が強く影響しているものと考えられた。一方、[ms-bo] 熱研 2 号 × 北陸 193 号 F₂ 集団を用いて 12 月と 3 月に発芽率の QTL 解析を行った結果、第 1、第 3、第 6 染色体上の QTL (*qSDo1*, *qSDo3*, *qSDo6*) が共通して検出されたことから、これらの QTL は北陸 193 号の種子休眠性

に深く関わっているものと考えられた。特に *qSDo1* と *qSDo6* は北陸 193 号型で休眠が深くなる QTL であったため、積極的に改良すべき領域であると考えられた。*qSHI* 座と *qSDo1* 領域についてのみ熱研 2 号型に置換された北陸 193 号の NIL「SSDo_NIL」は、脱粒性は無く、発芽率は北陸 193 号と比べて有意に高かったことから、これらの領域について日本型に置換することで、脱粒性と種子休眠性を大きく改善できることが実証された。また、収量性等に影響しないことも確認された。

Breeding Science 67: 173–180 (2017)

イネ種子幼苗期における冠根伸長角度分布に関する遺伝的変異

富田朝美¹⁾・佐藤雅志²⁾・宇賀優作³⁾・小原実広⁴⁾・福田善通⁵⁾

(¹⁾筑波大学大学院生命環境科学研究科, ²⁾東北大学大学院農学研究科, ³⁾農研機構・次世代作物開発研究センター, ⁴⁾国際農林水産業研究センター, ⁵⁾国際農林水産業研究センター熱帯・島嶼研究拠点)

育苗箱を用いて、イネ (*Oryza sativa* L.) の冠根伸長角度分布の評価法を開発し、幅広い遺伝的変異を明らかにした。本法では、冠根の伸長角度に対して 9 段階 (10° ~ 90°) のスコアを割り当て、詳細な分布の評価を可能にした。また従来のバスケット法とくらべ、短期間 (14 日間) でかつ多数の個体を扱うことができる。この評価法を用いてイネ 97 アクセションの冠根伸長角度分布を評価し、その違いにより A と B の 2 グループに分類した。グループ A のものは地表根形成を含む浅根性を示すもので数は少ない。グループ B は、浅根性から深根性の

ものまで幅広い変異を有した。このグループには、インド型および日本型に分類される品種、水稲および陸稲品種、在来種および改良品種が含まれていた。平均伸長角度と総冠根数との間には、関連性は認められなかった。これらの結果から、イネ冠根伸長角度分布はインド型および日本型の種内分化、適応する生態系および遺伝的改良程度に関わらず、幅広く変異することが明らかとなった。この新たな評価法および品種に関する情報は、将来のイネ根型育種に利用できる。

Breeding Science 67: 181–190 (2017)

稲作北限地で栽培された日本型近縁品種間交雑後代で検出された食味と玄米外観ならびに収量性に関する量的形質遺伝子座の特定

木下乃梨子¹⁾・加藤雅幸¹⁾・小矢崎慧²⁾・川島拓也²⁾・西村 努^{3,4)}・平山裕二³⁾・高牟禮逸朗²⁾・佐藤 毅³⁾・加藤清明¹⁾

(¹⁾帯広畜産大学地域環境学研究部門, ²⁾北海道大学大学院農学研究科, ³⁾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, ⁴⁾岩手大学大学院連合農学研究科 (帯広畜産大学))

北海道において良食味品種の先駆けとなった「ゆきひかり」と最近育成された極良食味で玄米外観形質に優れる「上育 462

号」間の近縁品種交雑に由来する組換え自殖系統を用いて、食味と玄米外観ならびに収量に関する諸形質の量的形質遺伝子座

(QTL) を特定した。稲作北限地での4環境下において、組換え自殖系統133系統についてアミロース含量、タンパク含量、玄米長、玄米幅、玄米厚ならびに個体当たり収量と収量関連9形質を178分子マーカーに基づき評価した。その結果、アミロース含量で3個、タンパク質含量で8個、玄米長で2個、玄米幅で4個、玄米厚で7個、個体当たり収量で6個のQTLsを含めて、

計72個のQTLを10本の染色体上に特定した。染色体上の15領域において、異なる形質に寄与する複数のQTLsがクラスターを形成していた。本研究の成果は、稲作北限地における食味と玄米外観品質、ならびに収量性の改良に関わる重要遺伝子の特定と育種利用に活用できる。

Breeding Science 67: 191–206 (2017)

バレンシア種ラッカセイ遺伝資源におけるアルギニン含量と収量構成要素の変異

Chorkaew Aninbon¹⁾ • Sanun Jogloy¹⁾ • Nimitr Vorasoot¹⁾ • Suporn Nuchadomrong²⁾ • C. Corley Holbrook³⁾ • Craig Kvien⁴⁾ • Naveen Puppala⁵⁾ • Aran Patanothai¹⁾

¹⁾Department of Plant Science and Agricultural Resources, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University, Thailand, ²⁾Department of Biochemistry, Faculty of Science, Khon Kaen University, Thailand, ³⁾Research Geneticist: USDA-ARS, USA, ⁴⁾Crop & Soil Sciences, The University of Georgia, USA, ⁵⁾Agricultural Science Center at Clovis, New Mexico State University, USA)

ラッカセイの種子はヒトの健康に対するいくつかの効能を持つアミノ酸の一つ、アルギニンに富んでいる。ラッカセイにおけるアルギニン含量の変異を把握することは、高アルギニン含量を目標の一つとする育種体系に有用である。本研究の目的は、バレンシア種ラッカセイにおけるアルギニン含量、個体当たりの莢数、莢当たりの種子数、種子重、および収量の変異を評価することである。130種のラッカセイ遺伝資源を2年間、圃場条件で栽培した。本研究では、完全乱塊法にて3回の反復を行っ

た。アルギニン含量は分光光度測定により、収穫時のラッカセイ種子を解析した。各遺伝資源について収量と収量構成要素を記録した。供試したバレンシア種ラッカセイ遺伝資源において、アルギニン含量および収量構成要素の有意な差異が見られた。アルギニン含量は種子重当たり8.68–23.35 µg/gの範囲であった。全遺伝資源の中で、「Kremena」が最も高いアルギニン含量、個体当たりの莢数、100粒重、および莢収量を示した。

Breeding Science 67: 207–212 (2017)

Brassica rapa L. における低温耐性の解析と低温耐性遺伝子に連鎖するSSRマーカーの同定

Zhen Huang¹⁾ • Xuexian Zhang¹⁾ • Shouhua Jiang²⁾ • Mengfan Qin¹⁾ • Na Zhao¹⁾ • Lina Lang¹⁾ • Yaping Liu¹⁾ • Zhengshu Tian¹⁾ • Xia Liu¹⁾ • Yang Wang¹⁾ • Binbin Zhang¹⁾ • Aixia Xu¹⁾

¹⁾State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas/College of Agronomy, Northwest A&F University, China, ²⁾Huai an Academy of Agricultural Sciences, China)

現在、低温は世界におけるナタネの生産を脅かす重要な要因の一つである。そのため、低温耐性の遺伝資源を見出し、低温耐性ナタネ品種を栽培することが急務となっている。本研究では、4品種の*Brassica rapa*の低温耐性について解析を行った。「Longyou6」と「Longyou7」の低温耐性は「Tianyou2」と「Tianyou4」よりも強かった。そこで、「Longyou6」と「Tianyou4」のF₂集団を用い、低温耐性と生理学的指標との相関を解析した。その結果、凍害の程度は相対的伝導度およびMDA含量と関係していることが明らかとなった（相関係数はそれぞれ0.558および0.447）。低温耐性と関連するマーカーを同定するため、504組のSSR (simple sequence repeat) プライマーを用い、両親お

よびF₂集団をスクリーニングした。相対的伝導度およびMDAについて、それぞれ4個および5個のSSRマーカーが高度に有意な正の相関を示した。さらに、これらSSRマーカーのうち3個は、これら2つの指標の両方に対して、高度に有意な正の相関を示した。さらに、これら3個のSSRマーカーは低温耐性と低温感受性の品種群を識別できることを確認した。本研究の結果は、低温耐性遺伝子のマッピングおよび分子マーカーを用いた低温耐性の選抜のための確固たる基盤を築くであろう。

Breeding Science 67: 213–220 (2017)

世界のダイズ品種における登熟期の遺伝的変異と熟期群の地理的分布

Xueqin Liu¹⁾・Ji-an Wu²⁾・Haixiang Ren³⁾・Yuxin Qi³⁾・Chunyan Li⁴⁾・Jiqu Cao⁴⁾・Xiaoyan Zhang⁴⁾・Zhipeng Zhang¹⁾・Zhaoyan Cai⁵⁾・Junyi Gai¹⁾

¹⁾Soybean Research Institute, Nanjing Agricultural University; MOA National Center for Soybean Improvement; MOA Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Soybean; National Key Laboratory for Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing Agricultural University, China, ²⁾Heihe Academy of Agricultural Sciences, China, ³⁾Mudanjiang Academy of Agricultural Sciences, China, ⁴⁾Shengfeng Experiment Station, China, ⁵⁾Guangxi Academy of Agricultural Sciences, China)

ダイズ (*Glycine max* (L.) Merr) の登熟期は日長に敏感であり、緯度や作期で異なる。現在利用されている登熟期の分類法は、13の熟期群(MG)からなり、品種の生態学的特性や適応可能な地域を特徴付ける主要な方法である。本研究では、世界のダイズ品種のMGの地理的分布を明らかにするため、南京(32.04°N)を主試験地、黒河(50.22°N)、牡丹江(44.60°N)、済寧(35.38°N)および南寧(22.84°N)を副試験地として、各MGから選ばれた48の対照品種を含む計512のダイズ品種の登熟期の変異を調査した。供試品種の熟期は、南京では75日から201日まで大きく変異した。過去70年間のダイズ栽培地域の拡張に伴い、I型からVII型のMGから、北米での0型

から000型のMGへと、一方、南米でのVIII型からX型のMGへと、それぞれ分化した。開花まで日数と開花から登熟までの日数の比で表される生育相の構造に基づき、V型を除くすべてのMGで、開花までの相対期間が長い品種群と開花後登熟までの相対期間が長い品種群の2つに分化していた。全ゲノム領域を網羅するSNPマーカーを用いたクラスター分析の結果から、MG間の分化の方向と各MGにおけるサブグループの分化が検証された。今後のダイズの登熟期の評価には、1つの主要な評価サイト(南京)に加えて、南部(南寧)と北部(黒河)の補助的なサイトでの評価で十分である。

Breeding Science 67: 221–232 (2017)

三倍体作出に向けた高温処理によって誘導された *Populus alba* × *P. glandulosa* の染色体倍加

Yanjie Li^{1,2)}・Mengdi Tian^{1,2)}・Pingdong Zhang^{1,2)}

¹⁾National Engineering Laboratory for Tree Breeding, Beijing Forestry University, P. R. China, ²⁾Key Laboratory of Genetics and Breeding in Forest Trees and Ornamental Plants, Ministry of Education, College of Biological Sciences and Biotechnology, Beijing Forestry University, P. R. China)

三倍体作出に向けた交配後の効果的な処理時間を決定するため、高温処理による染色体倍加について明らかにした。少なくとも3つの花序を採取し、80の胚珠が胚のう形成プロセス決定のために利用された。花序(交配後2~74時間経過)は、染色体倍加を誘導するために処理された。細胞学的観察により、胚のう形成は連続する非同期なプロセスであることが明らかとなった。受精は、交配後50時間後に生じた。実生後代において、167の三倍体が検出され、最も高い三倍体作出は87.0%であった。誘導された全ての三倍体間において、最も効

果的な処理は交配後26~50時間後であり、全体の72.46%に相当する121の三倍体が得られた。一般化線形単変量解析では、交配後の時間によって有意な相違が認められた($F=4.516$, $p=0.045$)。しかしながら、処理期間には有意な差は認められなかった($F=0.077$, $p=0.791$)。各胚のう発達ステージ頻度と三倍体作出率間の相関分析は、有糸分裂中期が2n雌性配偶体誘導における最も効果的なステージであることを示唆した。

Breeding Science 67: 233–238 (2017)

日本のジーンバンクが保有するセイヨウアブラナ遺伝資源の遺伝的多様性解析及びコアコレクションの作成

陳 蕤坤¹⁾・原 尚資²⁾・大澤 良²⁾・吉岡洋輔²⁾

¹⁾筑波大学大学院生命環境科学研究科, ²⁾筑波大学生命環境系)

日本のジーンバンクに保存されているセイヨウアブラナ遺伝資源の多様性解析は育種において有用な情報を提供できる。本研究では、農業生物資源ジーンバンクに保存されているセイヨ

ウアブラナ遺伝資源582系統について、当該作物の19の連鎖群に座乗する30個のSSRマーカーを用いて遺伝子型を解析した。その結果、全マーカーで合計311個、1マーカーあたり3

から 39 個, 平均 10.37 個の対立遺伝子が検出された。国内由来の遺伝資源の多様性は国外に由来するものよりも低かった。しかし, 両者の間には有意な遺伝的分化が認められた。また, 国内の地域間にも小さいながら有意な差異が検出され, 地理的距離が離れるほど, 遺伝的分化程度も大きくなる傾向が認められた。STRUCTURE 解析の結果, 全集団の中に 2 の主要な遺伝的クラスターが存在することが示唆された。メンバーシップ確率に基づいて各系統をサブグループに割り振ると, 主に国外由来の 227 系統がサブグループ 1 に, 主に国内由来の 276 系統が

サブグループ 2 に割り当てられた。残りの 79 系統はいずれにも割り当てられなかった。構築したコアコレクションは由来が大きく異なる 96 系統から構成された。本コアコレクションは, 全コレクションの遺伝的変異を十分に保持していることから, 遺伝解析や育種事業等において有効に活用できると考えられる。本研究で得られた遺伝的情報や構築されたコアコレクションは, わが国におけるセイヨウアブラナ遺伝資源の管理, 評価及び利用の効率化に寄与するものと期待される。

Breeding Science 67: 239–247 (2017)

多重合成コムギ派生系統：高温ストレス耐性適応形質のための新しい遺伝資源

Awad Ahmed Elawad Elbashir^{1,3}・Yasir Serag Alnor Gorafi^{2,3}・Izzat Sidahmed Ali Tahir³・金 俊植^{2,4}・辻本 壽²

(¹鳥取大学大学院連合農学研究科, ²鳥取大学乾燥地研究センター, ³スーダン農業研究機構, ⁴理化学研究所環境資源科学研究センター)

高温ストレスはコムギ (*Triticum aestivum* L.) 生産に有害である。本研究は多重合成コムギ派生 (MSD) 集団より高温耐性植物を選抜し, その農業および生理学的特性を評価することを目的として行った。私達は「小麦農林 61 号」(N61) を遺伝的背景を持つ集団から 6 種類の耐性植物を選抜し, 6 種類の MNH (N61 の MSD 集団から高温耐性として選抜した) 系統を立てた。私達はこれらの系統を N61 とともに圃場およびグロースチャンパーにおいて栽培した。圃場においては高温の暴露を確実にするため適期播種および遅延播種を行った。グロースチャンパーにおいては, N61 に加え高温耐性品種であ

る「Gelenson」と「Bacanora」を対照として用いた。その結果, MNH2 と MNH5 が高温耐性を獲得していることを確認した。これらの系統は N61 に比較して, 高温ストレス下でより高い光合成と気孔コンダクタンスを示し, バイオマスおよび穀粒の収量の減少が見られなかった。また, N61 が比較的高温ストレスに適応性を持つことにも気付いた。この結果はタルホコムギの多様性を含む MSD 集団が, この野生種に由来する有用な形質を見出すための有望な資源であることを物語っていた。選抜した系統は高温耐性育種のための有用な系統となる。

Breeding Science 67: 248–256 (2017)

シロタエヒマワリ (*Helianthus argophyllus*), ヒマワリ (*Helianthus annuus*) およびそれらの雑種における乾燥耐性関連形質の同定

Muhammad Mubashar Hussain^{1,2}・Saeed Rauf^{1,2}・Muhammad Asam Riaz³・Jameel Muhammad Al-Khayri⁴・

Philippe Monneveux⁵

(¹Department of Plant Breeding & Genetics, University College of Agriculture, University of Sargodha, Pakistan, ²Plant Tissue Culture Lab, University College of Agriculture, University of Sargodha, Pakistan, ³Department of Agriculture Entomology, University College of Agriculture, University of Sargodha, Pakistan, ⁴Department of Agricultural Biotechnology, College of Agricultural and Food Sciences, King Faisal University, Saudi Arabia, ⁵International Potato Center (CIP), Peru)

乾燥は世界的なヒマワリ (*Helianthus annuus*) の生産における主要な制約要因となっている。乾燥耐性は近縁種であるシロタエヒマワリ (*Helianthus argophyllus*) で同定されている。本研究では同種と栽培ヒマワリの交雑による乾燥耐性遺伝子型の作出を行った。また, これらの交雑集団, シロタエヒマワリの種内ハイブリッド, ヒマワリとシロタエヒマワリとの種間ハイブリッド, および商業ハイブリッド品種である Hysun-33 における 3 つのストレス条件下 [即ち, ABA の外的投与 (葉面散布および根からの吸収), 5% PEG 処理による浸透圧ストレス] における乾燥耐性を解析した。シロタエヒマワリの集団では全ての条件下において有意に葉面積が小さく, 水利用効率が高く,

葉のクチクラワックス含量が高かった。また, 浸透圧ストレス下において純光合成速度と気孔コンダクタンスを高く保っていた。しかし, 同野生種における葉面積が小さい形質とクチクラワックスの高含量は種間ハイブリッドに遺伝せず, F₂ 世代におけるこれら形質の超越分離個体をさらに選抜すべきことが示唆された。そのため, F₂ 集団において超越分離個体を選抜し, ストレス条件下で高果実収量を示したシロタエヒマワリの銀色の草冠を持つ F₃ 後代を確立した。栽培ヒマワリの乾燥耐性向上のためにシロタエヒマワリを利用する観点から, これらの結果を考察する。

Breeding Science 67: 257–267 (2017)

2 step-TILLING による自家不和合植物ハツカダイコン (*Raphanus sativus* L. var. *sativus*) の突然変異体選抜

上妻馨梨^{1,3)}・千葉元子^{1,3)}・永野聡一郎^{1,3)}・穴井豊昭⁴⁾・上田実希¹⁾・小口理一¹⁾・白井一正^{2,3)}・花田耕介^{2,3)}・彦坂幸毅^{1,3)}・藤井伸治^{1,3)}

(¹⁾ 東北大学大学院生命科学研究所, (²⁾ 九州工業大学情報工学部, (³⁾ CREST・科学技術振興機構, (⁴⁾ 佐賀大学農学部)

ハツカダイコン (*Raphanus sativus* L. var. *sativus*) は世界的に主要な園芸作物の1種であり、大きなシンク器官を持つ。そのため、シンクソース能力の改変による光合成機能の増強が期待されている。しかしながら、ハツカダイコンは自家不和合性植物であるため、突然変異体の選抜には改良が必要である。TILLING (Targeting Induced Local Lesions IN Genomes) は逆遺伝学的に突然変異体を選抜する手法の一つである。本研究では、ハツカダイコンの突然変異体を選抜するために2 step-TILLING法を提案する。本TILLING法では、第一選抜において、突然変異を誘発したM₁植物と野生型との交配後代のBC₁M₁系統を同定し、第二選抜で、突然変異を保持するBC₁M₁個体を選抜

する。本研究では、光合成の鍵酵素であり、蓄積量の多いルビスコタンパク質の小サブユニット(RBCS)を標的とした。まず、ハツカダイコンのゲノム情報から、6つのRBCS遺伝子と、1つの疑似遺伝子の存在を明らかにした。そして、これら6個のRBCS遺伝子を標的遺伝子とし、EMS処理により突然変異を誘発した955のBC₁M₁系統から突然変異体を2 step-TILLING法を用いて選抜した。その結果、4つのミスセンス突然変異を含む6つの突然変異系統を得た。そして、選抜した突然変異のホモ接合体での光合成活性を解析した。

Breeding Science 67: 268–276 (2017)

RAD-seq 法とバルク分析法を用いたダイズにおける開花期 QTL の同定

渡邊啓史¹⁾・塚元親晴¹⁾・大下 樹¹⁾・山田哲也²⁾・穴井豊昭¹⁾・加賀秋人³⁾

(¹⁾ 佐賀大学農学部, (²⁾ 北海道大学大学院農学研究院, (³⁾ 農研機構・遺伝資源センター)

ダイズ (*Glycine max*) は古倍数性のゲノムを持ち、ダイズ品種・系統を特徴づけるために次世代シークエンサーを用いたリシークエンス解析が多く行われている。また、ゲノム全体にわたる一塩基多型 (SNPs) 情報の蓄積によって、農業上重要な形質に関与するゲノム領域の同定が加速している。しかしながら次世代シークエンサーを利用した多くのマッピング手法がある中で、遺伝子(座)を同定する実際的で簡易な手法は限られている。本研究では制限酵素認識サイト周辺配列のシークエンス (RAD-seq) とバルク分析法 (BSA) を組み合わせることによって、国産ダイズ品種間の交配に由来する分離集団を用いてダイズの開花期に関与する量的形質遺伝子座 (QTLs) を同定した。両親

間の高い塩基配列の類似性にも関わらず、7000を超えるSNPを同定し、それらをRAD-seq BSAによるQTLの同定に利用することが可能であった。F₃世代の分離集団から早生個体と晩生個体のそれぞれのバルクを作成し、バルク間のSNPにおける遺伝子型頻度を比較した結果、第10番染色体上の既知のE2遺伝子と第4染色体に座乗するE8遺伝子の近傍に開花期QTLを同定した。検出したSNPのうち、2000以上のSNPを一般的なDNAマーカーに変換することが可能であった。本手法によって遺伝子マッピングの効率化が期待される。

Breeding Science 67: 277–285 (2017)

塩ストレス下で生育したイネ幼苗における、シュート内カリウムイオン濃度の主要量的形質遺伝子座 *qSKC-1* のファインマッピング

Wen Jing・Ping Deng・Chengjuan Cao・Wenhua Zhang

(College of Life Sciences, State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing Agricultural University, China)

シュート内カリウムイオン濃度 (SKC) はイネ (*Oryza sativa* L.) の幼苗期における耐塩性を評価する上で重要な生理学的指標である。*qSKC-1* は、塩ストレス下のイネのSKCの主要量的形質遺伝子座 (QTL) の一つで、「日本晴」およびその2つの

塩感受性変異体 (*rss2* および *rss4*) とインド型品種「Zhaiyeqing8 (ZYQ8)」とのF₂集団を用いて、第1染色体上に検出された。本研究では、*qSKC-1* の染色体上の座乗位置をファインマッピングによって正確に決定した。はじめに、改めて作成した「日

本晴] × 「ZYQ8」の F₂ 集団の QTL 解析によって、*qSKC-1* の存在を確認した。さらに、*qSKC-1* 近傍で組換えが起きた F₂ 個体を「日本晴」×「ZYQ8」および *rss4* × 「ZYQ8」の F₂ 集団から同定し、後代検定によってそれらの表現型値を確認した。その結果、これら組換え個体の解析により、*qSKC-1* 座は RM578

および IM8854 の 2 つのマーカー間の 445 kb の領域に正確にマップされた。これらの結果により、*qSKC-1* のマップベースクローニングが加速されるであろう。

Breeding Science 67: 286–295 (2017)

高密度 ddRAD 連鎖地図と収量関連 QTL マッピングは、ナタネ (*Brassica napus* L.) の油分含量をつかさどる染色体領域を定める

Jun Chen • Bo Wang • Yueli Zhang • Xiaopeng Yue • Zhaohong Li • Kede Liu

(Huazhong Agricultural University, National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement and National Center of Plant Gene Research, China)

ナタネ (*Brassica napus* L.) は、世界中で最も重要な油糧作物の一つである。油分含量 (OC)、長角果長 (SL)、長角果あたりの種子数 (SS)、種子重 (SW) などの種子関連形質は、油分収率の向上のための主要な対象となる。これらの形質の遺伝的基盤を明らかにするため、油分含量と長角果長が異なる 2 つの親から得られた 192 の組換え近交系 (RIL) が作成された。1,329 の double-digestion restriction site associated DNA (ddRAD) マーカーと 107 の挿入/欠失 (INDEL)、および 90 の全域に分布した単純反復配列 (SSR) マーカーを用いて、全長 1610.4 cM の高密度連鎖地図を構築した。合計 37 のコンセンサス量的形質

遺伝子座 (QTL) が 4 つの形質について検出され、個々の QTL は表現型変異の 3.1 ~ 12.8% を説明した。興味深いことに、染色体 A10 上の 1 つの OC コンセンサス QTL (cqOCA10b) は、3 環境すべてにおいて一貫して検出され、OC 変異の 9.8% ~ 12.8% を説明した。この遺伝子座はさらに約 614 kb のゲノム領域に位置づけられた。その隣接マーカーは、ナタネ OC の改善のためのマーカー利用選抜、および、マップベースクローニングと遺伝子操作を目的とした候補遺伝子において、今後、評価がなされるであろう。

Breeding Science 67: 296–306 (2017)

イネの実生旺盛性の遺伝解析と実生のシュート長の主要 QTL (*qSSL1b*) のファインマッピング

Anpeng Zhang • Chaolei Liu • Guang Chen • Kai Hong • Yang Gao • Peng Tian • Youlin Peng • Bin Zhang •

Banpu Ruan • Hongzhen Jiang • Longbiao Guo • Qian Qian • Zhenyu Gao

(State Key Laboratory of Rice Biology, China National Rice Research Institute, China)

実生の旺盛性は、直播技術が広く適用されるにつれて、重要な農業形質となっている。イネの実生旺盛性の遺伝的メカニズムを調べるために、Lingshui (陵水) と Hangzhou (杭州) の 2 箇所で収穫した 93-11 と PA64s との交配に由来する組換え自殖系統群 (RIL) 132 個体の種子を水耕液で栽培し、それぞれ実生のシュート長 (SSL)、実生の根長 (SRL)、実生の生重量 (SWW)、実生の乾燥重量 (SDW) の 4 つの指標を測定した。これらの指標間、および千粒重 (TSW) と SWW または SDW との間に強い相関が見られた。また RIL の塩基配列解析から作成した高精度連鎖地図を用いて、全染色体にわたり 65 個の量

的形質遺伝子座 (QTL) を検出し、その平均間隔は 1.93 Mb であった。実生旺盛性に関する 57 の QTL のうち、28 個は 2 つの場所で収穫された種子で見いだされた共通の QTL であり、33 個は初めて検出されたものである。93-11 由来の BC₃F₂ と 93-11 背景に PA64s の染色体断片を保持した CSSL の解析から、SSL に関わる 1 つの主要 QTL (*qSSL1b*) を 2 つの InDel マーカー間の 80.5 kb にマッピングした。これらの研究は同 QTL の同定、およびイネの初期幼苗の実生旺盛性の分子基盤を解き明かすためのプラットフォームとなるであろう。

Breeding Science 67: 307–315 (2017)

自然光下で生育させた植物葉における病徴の非破壊的定量解析

松永朋子¹⁾・小川大輔²⁾・田口文緒²⁾・石本政男²⁾・松永幸大³⁾・土生芳樹⁴⁾

(¹⁾東京理科大学研究推進機構総合研究院, ²⁾農研機構・次世代作物開発研究センター, ³⁾東京理科大学理工学部応用生物科学科, ⁴⁾農研機構・生物機能利用研究部門)

作物の葉色は生長や生物的/非生物的ストレス応答を評価する際の重要な指標である。デジタルカメラによる撮像は画像解析やデータの長期保存に有用である。しかしながら、光強度が変化し、他の要因(影、反射、背景など)が不均一な野外においては、安定的かつ再現性の高い葉色の測定と定量化に利用できる画像の取得は困難である。一方でデジタルスキャナは常に一定の条件で画像データを得ることができ、安定で信頼できるサンプル間の比較を可能とするが、撮像のためには植物体を切り取る必要があり、植物材料の変形(カールした葉や退色など)

をしばしば引き起こす。そこで本研究では、モバイルコンピュータに接続した軽量デジタルスキャナを利用して、自然光条件の温室で生育させた作物葉を切り取ることなく撮像した。我々は、葉焼け病菌(*Xanthomonas campestris* pv. *glycines*)を感染させたダイズ葉を撮像し、フリーの画像解析ソフトウェアにより2種類の病徴(褐色病斑と黄色ハロー)を明確に区別して数値化した。この画像データは、定量的および統計的分析に適しており、病害抵抗性の正確で客観的な評価を可能にする。

Breeding Science 67: 316–319 (2017)

高カロテノイドで良食味の病虫害に強いバレイショ新品種「ながさき黄金」の育成

坂本 悠¹⁾・森 一幸²⁾・松尾祐輝¹⁾・向島信洋³⁾・渡邊 亘⁴⁾・草原典夫¹⁾・田宮誠司⁵⁾・中尾 敬⁶⁾・林 一也⁷⁾・綿貫仁美⁷⁾・奈良一寛⁸⁾・山崎 薫⁷⁾・茶谷正孝¹⁾

(¹⁾長崎県農林技術開発センター, ²⁾長崎県農林部, ³⁾長崎県県央振興局, ⁴⁾長崎県五島振興局, ⁵⁾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, ⁶⁾農研機構・北海道農業研究センター・大規模畑作研究領域, ⁷⁾東京家政学院大学, ⁸⁾実践女子大学)

バレイショ「ながさき黄金」は、「西海35号」を母、「西海33号」を父として交配し、育成した新品種である。交配親の「西海35号」は、高カロテノイドで青枯病に強く、ジャガイモストセンチウ(PCN)およびジャガイモYウイルス(PVY)に対する抵抗性遺伝子HIおよびRyhcを持ち、「西海33号」は、大玉・多収で、青枯病およびPCN抵抗性の系統である。「ながさき黄金」のカロテノイド含量は、一般的な二期作向け品種「デジマ」より多い。「ながさき黄金」の蒸しいもの食味は、カロテノイド高含量品種「インカのめざめ」と同等で、もう1つの

一般的な二期作向け品種「ニシユタカ」より優れる。また、「ながさき黄金」は高でん粉であり、フレンチフライに適する。二期作栽培地域において、「ながさき黄金」の上いも重は、「ニシユタカ」より少ないが、春作では「インカのめざめ」より多い。「ながさき黄金」の上いも平均重は、春作では「インカのめざめ」より重い。さらに、「ながさき黄金」は、PCNおよびPVY抵抗性で、青枯病に対しても高い抵抗性を示す。

Breeding Science 67: 320–326 (2017)