

## フロリゲンの分子機能

辻 寛之

(横浜市立大学・木原生物学研究所)

フロリゲンは移動性の花成促進シグナルであり、花芽分化を開始させる決定的な因子であることから、作物育種における重要な標的の一つであるといえる。フロリゲンの正体は *FLOWERING LOCUS T (FT)* と呼ばれる遺伝子にコードされたタンパク質であり、被子植物に広く保存されていることから、一般的な作物の育種に向けて普遍的な価値を持つと考えられる。植物における近年の分子遺伝学、細胞生物学、構造生物学研究の進展から、フロリゲンの受容体が発見され、フロリゲンの活性本体となる転写複合体が同定され、さらにフロリゲンが

花成を超えた驚くべき多機能性を発揮することも明らかとなってきた。さらにライブセルイメージングや次世代シーケンサーなどの最先端の技術を導入した解析によって、フロリゲンの詳細な分布や、花成初期におけるフロリゲン複合体の標的遺伝子が解明されつつある。これらの理解により、花成を始めとする植物の発生過程の制御を通じて、作物形質のさらなる改良が可能となる。

**Breeding Science 67:** 327-332 (2017)

## 日本型水稲における高温登熟条件下での乳白粒の発生に関する QTL の検出と実証

宮原克典<sup>1)</sup>・和田卓也<sup>1)</sup>・園田純也<sup>2,5)</sup>・塚口直史<sup>3)</sup>・宮崎真行<sup>1,6)</sup>・坪根正雄<sup>1)</sup>・山口 修<sup>1)</sup>・石橋正文<sup>1)</sup>・岩澤紀生<sup>4,7)</sup>・梅本貴之<sup>4)</sup>・近藤始彦<sup>4,8)</sup>

<sup>1)</sup> 福岡県農林業総合試験場, <sup>2)</sup> 鹿児島県農業開発総合センター, <sup>3)</sup> 石川県立大学・生物資源環境学部, <sup>4)</sup> 農研機構・次世代作物開発研究センター, <sup>5)</sup> 現: 鹿児島県農政部, <sup>6)</sup> 現: 福岡県農林水産部, <sup>7)</sup> 現: 茨城県農業総合センター農業研究所, <sup>8)</sup> 現: 名古屋大学大学院・生命農学研究科)

水稲 (*Oryza sativa* L.) 生産において、登熟期の高温により発生する白未熟粒が原因となる玄米品質の低下が深刻な問題となっている。代表的な白未熟粒の一種である乳白粒の発生には、遺伝的要因ばかりでなく環境要因や稲体の栄養状態も寄与することから、乳白粒に関する遺伝解析を安定して実施することは難しい。我々は、乳白粒の発生に関わるイネ染色体領域を明らかにするために、「つくしろまん」(高温登熟条件下での乳白粒‘多’)と「ちくし52号」(同乳白粒‘少’)の交配後代より、組み換え自殖系統(RILs)を養成した。さらに、両親間で多型を示したDNAマーカーを用いて連鎖地図を構築し、乳白粒の発生率に関するQTL解析を行った。その結果、第4染色体短

腕末端のSSRマーカーRM16424近傍に、乳白粒の発生に寄与する領域を2か年通じて検出した。さらに、このQTLの効果を実証するために「つくしろまん」を遺伝的背景とし、第4染色体短腕側の断片を「ちくし52号」型に置換した準同質遺伝子系統(NILs)を養成して、同様に高温処理を実施したところ、NILsにおける乳白粒の発生率は反復親品種「つくしろまん」に比較して有意に低下した。これらの結果から、第4染色体上の「ちくし52号」型アレルが、高温登熟条件下における乳白粒の発生を抑制し、玄米品質を向上させることが示唆された。

**Breeding Science 67:** 333-339 (2017)

## イネの2次枝梗数を制御する量的形質座 *qSBN7* のマッピング

Sheng-Shan Wang<sup>1)</sup>・Rong-Kuen Chen<sup>1)</sup>・Kai-Yi Chen<sup>2)</sup>・Chu-Yin Liu<sup>2)</sup>・Shu-Min Kao<sup>2)</sup>・Chia-Lin Chung<sup>3)</sup>

<sup>1)</sup>Tainan District Agricultural Research and Extension Station, Taiwan, <sup>2)</sup>Department of Agronomy, National Taiwan University, Taiwan, <sup>3)</sup>Department of Plant Pathology and Microbiology, National Taiwan University, Taiwan)

イネの2次枝梗数は穂の小穂数と収量に影響を与える重要な形質である。IR65598-112-2(供与親)にTainan13を戻し交雑したBC<sub>2</sub>F<sub>4</sub>集団は2次枝梗数と小穂数について不連続的な

多様性を示した。92個体のBC<sub>2</sub>F<sub>4</sub>を用いた遺伝解析の結果、2次枝梗数と小穂数は1つの劣性遺伝子座によって制御されることが示された。RAD-seqを用いて遺伝解析を行った結果、

2,522 の信頼できる SNP を得ることができ、小穂数を制御する *qSBN7* を第 7 染色体の長腕の末端領域にマッピングした。その後、166 個の解析個体と新規マーカーを用いて、*qSBN7* 領域を SNP2788 と SNP2849 に挟まれる 601.4-kb に特定した。BC<sub>2</sub>F<sub>3</sub> の戻し交雑集団を用いた表現型解析の結果 *qSBN7* は穂におい

て小穂数を 83.2% 上昇させ、2 次枝梗数を 61% 上昇させることが明らかになった。以上の結果より IR65598-112-2 が保持する *qSBN7* はイネの生殖成長のシンクキャパシティーを改良するのに役立つことが期待される。

**Breeding Science 67:** 340–347 (2017)

## 日本におけるコモディティ利用の遺伝子組換えダイズ (*Glycine max* (L.) Merr.) のツルマメ (*Glycine soja* Seib. et Zucc.) に対する曝露評価

後藤秀俊<sup>1)</sup>・Marc A. McPherson<sup>2)</sup>・Bradley A. Comstock<sup>2)</sup>・Duška Stojšin<sup>2)</sup>・大澤 良<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>日本モンサント株式会社, (<sup>2)</sup>Monsanto Company, USA, (<sup>3)</sup>筑波大学・生命環境系)

遺伝子組換え作物を日本で使用する際には、生物多様性影響評価を行うことが求められている。また、栽培を含まない食品・飼料・加工用としての利用、すなわちコモディティ利用に限り承認されている遺伝子組換えダイズ (*Glycine max* (L.) Merr.) については、評価時点においてダイズのこぼれ落ち、生育程度やツルマメ (*Glycine soja* Seib. et Zucc.) への遺伝子浸透に関する情報が不足していたことを理由として、港から加工工場までの輸送経路においてこぼれ落ちに起因するダイズ生育個体の有無を年 1 回調査することが求められている。そこで、本研究では遺伝子組換えダイズの曝露に関する量的情報を得るためにダイズの輸入港から加工工場までの輸送経路におけるダイズ粒、ダ

イズ個体およびツルマメ集団の有無を調査した。調査の結果、輸入ダイズのこぼれ落ちに起因する生育個体とツルマメが隣接して生育する可能性は低く、両者が交雑する可能性も低いことが示された。また、調査の結果および文献情報から、遺伝子組換えダイズをコモディティ利用した場合の曝露量は低いことが示された。さらに、本研究で行った曝露評価は特定の遺伝子組換えダイズ系統だけでなく、付与される形質が雑草性や侵略性を高めることがない遺伝子組換えダイズ系統についても適用可能であると考えられた。

**Breeding Science 67:** 348–356 (2017)

## *Brassica rapa* (ハクサイおよびミズナ) におけるミトコンドリアゲノムの全塩基配列ならびに *B. rapa* と *Brassica juncea* における細胞質の種内分化

鳩野紗希<sup>1)</sup>・西村香里<sup>2)</sup>・村上陽子<sup>2)</sup>・辻村真衣<sup>3)</sup>・山岸 博<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>京都産業大学大学院・生命科学研究科, (<sup>2)</sup>京都産業大学・総合生命科学部, (<sup>3)</sup>京都産業大学・植物ゲノム科学研究センター)

*Brassica rapa* の 2 品種について、ミトコンドリアゲノムの全塩基配列を決定した。ハクサイの品種‘王将ハクサイ’の全塩基配列を決定した後、ミズナの品種‘中生白茎千筋京水菜’の配列をハクサイの配列に対してマッピングした。2 品種間で差が見られた箇所についてはダイレクトシーケンシングによって正しい配列を決定した。その結果、2 品種のミトコンドリアゲノムは共に 219,775 bp で、1 か所の一塩基多型 (SNP) を除いて、配列は完全に一致した。*B. rapa* は、複 2 倍体作物種である *Brassica juncea* の細胞質親であるため、発見された SNP の *B. rapa* および *B. juncea* における分布を調査した。その結果、

ミズナ型の塩基配列は *B. rapa* においては主にミズナ (japonica グループ) の品種のみに分布したのに対して、*B. juncea* においては広く分布していた。*B. rapa* と *B. juncea* の 2 種作物が、共通して 2 つのタイプの塩基配列を持つことから、野生の *B. rapa* においてミトコンドリアゲノムの塩基置換が生じ、2 つのタイプがいずれも栽培化されたことが、まず示唆される。さらに、*B. rapa* と *B. nigra* の種間交雑も 2 回起こり、その結果生じた 2 つのタイプの *B. juncea* が栽培化されたと考えられる。

**Breeding Science 67:** 357–362 (2017)

## ダイズ誘発突然変異体を用いた *Ln* 遺伝子による葉型と一莢内粒数の多面的制御の証明

佐山貴司<sup>1,2)</sup>・七夕高也<sup>3)</sup>・猿田正恭<sup>2,4)</sup>・山田哲也<sup>1)</sup>・穴井豊昭<sup>5)</sup>・加賀秋人<sup>1)</sup>・石本政男<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup> 農研機構・次世代作物開発研究センター, <sup>2)</sup> 農研機構・西日本農業研究センター, <sup>3)</sup> かずさ DNA 研究所, <sup>4)</sup> 農林水産省技術会議, <sup>5)</sup> 佐賀大学・農学部)

ほとんどのダイズ品種は円葉であるが, *Ln* 遺伝子座の劣性対立遺伝子により長葉になることが知られている。また, この劣性対立遺伝子 (*ln*) は同時に一莢内粒数を増やし, 収量性に寄与するのではないかと考えられてきた。近年, *Gm-JAG1* (*Glyma20g25000*) がシロイヌナズナ *At-jag* 変異体の葉型と果実長を相補したことから, *Ln* の原因遺伝子であると報告された。しかし, *Gm-JAG1* がダイズの葉型と一莢内粒数を支配するかどうかは判然としないままである。本研究では, 独立した2つの *Gm-jag1* 突然変異体に加え, 4つの *ln* 準同質遺伝子系統を用

いて, 葉型および一莢内粒数における *Ln* の多面的効果を調査した。葉型の調査は, 画像解析ソフトウェア SmartGrain を改良した SmartLeaf を用いて行った。両変異体の葉型は, 野生型に比べ細長かった。興味深いことに, 葉の周囲長には変化がないのに対し, 葉面積は減少することが画像解析により明らかになった。さらに, 一つの長葉変異系統において野生遺伝子型 (*Ln*) に比べ一莢内粒数が有意に増加したことから, *Ln* は葉型と一莢内粒数を多面的に制御していることが示された。

**Breeding Science 67:** 363–369 (2017)

## 栽培イチゴ 6 品種の相互交雑に由来するイチゴ MAGIC 集団の育成と特性

和田卓也<sup>1)</sup>・奥幸一郎<sup>1)</sup>・永野聡一郎<sup>2)</sup>・磯部祥子<sup>2)</sup>・鈴木秀幸<sup>2)</sup>・森 美幸<sup>1)</sup>・高田衣子<sup>1)</sup>・平田千春<sup>1)</sup>・下村克己<sup>1)</sup>・坪根正雄<sup>1)</sup>・片山貴雄<sup>1,3)</sup>・平島敬太<sup>1)</sup>・内村要介<sup>1,4)</sup>・池上秀利<sup>1,5)</sup>・末吉孝行<sup>1)</sup>・小賦幸一<sup>1,6)</sup>・林田達也<sup>1)</sup>・柴戸靖志<sup>1,5)</sup>

(<sup>1)</sup> 福岡県農林業総合試験場, <sup>2)</sup> かずさ DNA 研究所先端研究部, <sup>3)</sup> 現: 八女普及指導センター, <sup>4)</sup> 現: 朝倉普及指導センター, <sup>5)</sup> 現: 福岡県農林業総合試験場豊前分場, <sup>6)</sup> 現: 福岡県庁)

栽培イチゴ (*Fragaria×ananassa*) 6 品種の相互交雑により 338 個体からなるイチゴ Multi-parent Advanced Generation Intercrosses (MAGIC) 集団を育成し, Expressed Sequence Tag-derived Simple Short Repeat (EST-SSR) マーカーを用いてそのゲノム構造の評価を実施した。EST-SSR マーカーのアリル型を説明変数としたクラスター分析および主成分分析により, MAGIC 集団は元親のゲノムをほぼ均等に保有するモザイク集団であることが明らかとなった。果実関連形質 (到花日数, 果実重, 果実硬度, 果実色, 可溶性固形物含量, 滴定酸度) 評価を, 2年にわたって実施した。到花日数を除いて, MAGIC 集団の果実関連形質は元親品種の形質値を超越した正規分布を示

した。果実色は2カ年の相関係数が最も大きく, また同一年次における他の果実関連形質 (到花日数, 果実重, 果実硬度, 糖度, 滴定酸度) の違いに関わらず, 正規分布を示した。果実関連形質を説明変数とした主成分分析も上記の結果を支持しており, 果実色には他の果実関連形質の変動の影響を受けない主要な遺伝的要因があることが示唆された。今回育成したイチゴ MAGIC 集団は, イチゴ育種を効率的に進めるゲノミックセレクションおよびゲノムワイド関連解析のための貴重なリソースであると考えられる。

**Breeding Science 67:** 370–381 (2017)

## フィトエン合成酵素遺伝子アリルの多様性はカンキツ交雑実生集団の果実中の転写量に影響を及ぼす

杉山愛子<sup>1)</sup>・生駒吉識<sup>2)</sup>・藤井 浩<sup>2)</sup>・遠藤朋子<sup>2)</sup>・根角博久<sup>2)</sup>・島田武彦<sup>2)</sup>・大村三男<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup> 岐阜大学大学院・農学研究科, <sup>2)</sup> 農研機構・果樹茶業研究部門, <sup>3)</sup> 静岡大学・農学部)

フィトエン合成酵素はカンキツ果実中のカロテノイドの合成や集積に関わる鍵酵素のひとつである。フィトエン合成酵素遺伝子 (*PSY*) の転写量の多様性は主に, *PSY* アリル間のプロ

モーター構造の変異に起因している。*PSY* の転写量の多様性を生じる制御機構を解明するため, 果実中のカロテノイド合成に関わる *PSY* アリルの特性を明らかにし, そのプロモーター

配列を比較した。クレメンティンの公開ゲノム配列に見られる *PSY* ホモログの遺伝子構造と発現パターンから、カロテノイド合成に関わる *PSY* アリルは、スキヤフォールド 6 中の単一座に起因することが明らかとなった。育種系統 A255 と G434 を交配親を持つ AG 実生集団に 4 種類の *PSY* アリルが存在し、*PSY-g2* アリルを持つ F<sub>1</sub> 個体では転写量が少ない傾向が見られた。これらのプロモーター配列を比較した結果、MYBPZM か

ら RAVIAAT へのシスモチーフの変化がその転写量に影響を与える主な要因として考えられた。AG 実生集団の祖先家系品種・系統では、*PSY* の転写量と、*PSY* アリルのプロモーター中の MYBPZM と RAVIAAT モチーフの遺伝子型に相関が見られ、MYBPZM をホモに持つ遺伝子型は転写量が高く、MYBPZM と RAVIAAT をヘテロに持つ遺伝子型は低い転写量を示した。

**Breeding Science 67:** 382–392 (2017)

## イネ *SRS5* 遺伝子の過剰発現はブラシノステロイド関連矮性変異体の種子サイズを向上させる

瀬上修平<sup>1,2)</sup>・竹原佳那<sup>1)</sup>・山本竜也<sup>1)</sup>・木戸慎太郎<sup>1)</sup>・近藤沙紀<sup>1)</sup>・岩崎行玄<sup>1)</sup>・三浦孝太郎<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>福井県立大学・生物資源学部, <sup>2)</sup>大阪府立環境農林水産総合研究所)

イネ (*Oryza sativa* L.) の種子サイズは、収量性に関わる重要な形質の一つである。これまでにイネの種子サイズを制御する多くの遺伝子が見出され、種子サイズ決定の分子メカニズムが明らかになってきている。以前、我々が短粒変異体から単離した *SMALL AND ROUND SEED 5* (*SRS5*) 遺伝子はアルファ・チュプリンをコードし、変異体で種子が短くなるブラシノステロイド (BR) のシグナル伝達経路とは独立して種子の長さを

制御することが示されている。本研究では、*SRS5* の過剰発現が種子を伸長させることを示し、BR 関連変異体の遺伝的背景で *SRS5* を過剰発現させると、BR 関連変異体の半矮性で直立葉という有用形質を維持したまま種子長を回復させることを示した。

**Breeding Science 67:** 393–397 (2017)

## 韓国のコムギ品種における 2-DGE を用いた低分子量グルテニンサブユニットの対立遺伝子の解析

Jong-Yeol Lee<sup>1)</sup>・You-Ran Jang<sup>1)</sup>・Hye-Rang Beom<sup>1)</sup>・Susan B. Altenbach<sup>2)</sup>・Sun-Hyung Lim<sup>1)</sup>・Choung Keun Lee<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>National Institute of Agricultural Science, RDA, Korea, <sup>2)</sup>USDA-ARS, Western Regional Research Center, USA)

SDS-PAGE の相補法として 2 次元ゲル電気泳動 (2-DGE) を用いて 32 の韓国コムギ品種における低分子量グルテニンサブユニット (LMW-GS) の対立遺伝子組成を決定した。各栽培品種からの 2-DGE により生成されたタンパク質パターンを標準コムギ品種からのパターンと比較して各対立遺伝子の判定をした。*Glu-A3* 遺伝子座では、13 個の *c*, 12 個の *d*, 3 個の *e* (ヌル), 2 個の *g* および 2 個の新しい対立遺伝子が同定された。*Glu-B3* 遺伝子座においては、1 個の *b*, 19 個の *d*, 4 個の *h*, 1 個の *i* および 5 個の *ad* 対立遺伝子が同定された。*Glu-D3* 遺伝子座においては、23 個の *a*, 4 個の *b*, 4 個の *c* および 1 個の *l* 対立遺伝子が同定された。これまで SDS-PAGE を用いて得られた結

果と比較すると、32 品種のうち 10 品種 (31%) の対立遺伝子の判定に相違があった。SDS-PAGE は、LMW-GS 構成を評価するための迅速かつ比較的簡便な方法であるが、タンパク質の移動度の類似性が原因で特定の対立遺伝子を判別することは困難である。2-DGE はより複雑な技術であるが、特定の品種における LMW-GS の対立遺伝子情報に関するより正確な補足情報を提供することができる。本研究で 2-DGE より作成された標準マップは、コムギ育種に必須の情報を提供することに加え、各 LMW-GS の小麦粉の品質への寄与を研究することにも有用である。

**Breeding Science 67:** 398–407 (2017)

## *Oryza barthii* ゲノムを有するイネ染色体断片置換系統の作出と収量関連形質の評価

別所 – 上原奏子<sup>1)</sup>・古田智敬<sup>1)</sup>・増田健吾<sup>1)</sup>・山田修土<sup>1)</sup>・ロザリン エンジェルス シム<sup>1,3)</sup>・芦莉基行<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>ステイグリーン株式会社, <sup>3)</sup>テキサス工科大学・植物土壌科学分野)

イネ (*Oryza sativa* L.) は、世界で最も重要な主食の一つであり、ますます増加する食糧需要に対応するためには、イネ収量を増加させる戦略が必要である。イネ近縁野生種の保持している対立遺伝子は、多様で過酷な環境に適応し、栽培イネを改良する可能性があるという点からも有用と言える。*O. barthii* は、アフリカ原産の野生イネであり、アフリカの栽培イネ *O. glaberrima* の祖先種として知られる。*O. barthii* の持つ、遺伝資源となりうる染色体領域を探索するために、優良品種として知られるコシヒカリの染色体背景に *O. barthii* の染色体断片が置換した 40 系統からなる染色体断片置換系統群 (CSSL) を作出した。こ

の CSSL を用いて、止葉形態、収量およびその他の農業形質を含む 10 種類の農業形質に関わる QTL を同定した。この CSSL においては、供与親である *O. barthii* の全ゲノムの 90% 以上が、連続または重複する形で表されていた。さらに、いくつかの農業上重要な形質を向上させる CSSL の評価により、収量および収量関連形質に関連する QTL を有する候補の染色体断片を同定した。これらの結果は、*O. barthii* の対立遺伝子が *O. sativa* における収量関連形質を改良するための新規遺伝資源として使用され得ることを示唆している。

**Breeding Science 67:** 408–415 (2017)

## 耐性遺伝子を有するジャガイモクロンの早期選択：複合耐性と農業特性の関係

Dorota Milczarek・Jarosław Plich・Beata Tatarowska・Bogdan Flis

(Plant Breeding and Acclimatization Institute – National Research Institute, Młochów Research Centre, Poland)

ジャガイモの抵抗性品種の栽培は、ジャガイモの収穫物に悪影響を与える害虫や病気を防ぐために最も有効で、かつ、環境に対して安全な方法である。したがって、ジャガイモの育種は、栽培サイクル中の農薬の使用を減らすために、耐性品種の開発に焦点を合せている。疫病、ウイルスおよび線虫に対する耐性は、農業にとって最も重要な要件である。分子マーカーを使用することで、育種の初期段階における耐性遺伝子型の効果的な選抜が可能になる。しかし、耐性に対する早期選抜が、最終的に選抜されるクロンの農業的価値に対して与える影響は、育種家の懸念の原因の一つとなっている。本研究では、線虫、ジャガイモウイルス Y および疫病にそれぞれ耐性を示す遺伝子 *HI*、

*Ry-f<sub>sto</sub>* および *Rpi-phul* が複合して存在する場合に、特定の農業形質に与える影響について調べた。同定された耐性遺伝子の有無にかかわらず、ほぼすべてのクロンの農業的能力は、塊茎収量、塊茎サイズ、塊茎形状の均質性、目の深さ、および塊茎欠損の強度において類似していた。*Ry-f<sub>sto</sub>* を含めたいくつかの組み合わせは、収量が高くなるという利点があったが、より多くの塊茎欠損を生じた。耐性遺伝子 *HI+Ry-f<sub>sto</sub>+Rpi-phul* を組み合わせることと、ジャガイモ品質との間には、負の関係は観察されなかった。

**Breeding Science 67:** 416–420 (2017)

## 稲品種「笑みの絆」の玄米外観品質に関する QTL 解析

長岡一朗<sup>1)</sup>・笹原英樹<sup>1)</sup>・松下 景<sup>1)</sup>・前田英郎<sup>1)</sup>・福岡修一<sup>2)</sup>・山口誠之<sup>2)</sup>・重宗明子<sup>3)</sup>・三浦清之<sup>4)</sup>

(<sup>1)</sup>農研機構・中央農業研究センター, <sup>2)</sup>農研機構・次世代作物開発研究センター, <sup>3)</sup>農研機構・西日本農業研究センター, <sup>4)</sup>故人)

登熟期間が高温であっても白未熟粒の発生が少なく玄米外観品質が安定して優れる稲品種「笑みの絆」について、その玄米外観品質に関して遺伝的背景を調査するため、笑みの絆 × ともほなみ F<sub>3</sub> 系統を用いて 2013 年と 2015 年に QTL 解析を行った。2013 年の方が夏季の気温が高く、玄米外観品質の差が顕著であった。QTL 解析の結果、両年とも寄与率の高い QTL (*qGA8*) が第 8 染色体短腕末端に検出された。*qGA8* は笑みの絆型で白未熟粒が減少し整粒歩が増加する QTL であり、笑

みの絆の玄米外観品質を支配する重要な QTL であると考えられた。また、*qGA8* は出穂期に関わる QTL と連鎖していた。一方、2013 年には笑みの絆型で整粒歩が高まる QTL (*qGA7*) が第 7 染色体上に検出された。*qGA8* が笑みの絆型で玄米千粒重が減少するようなネガティブな関係性は認められなかったことから、*qGA8* を導入した品種を玄米千粒重の減少を伴わずに育成することは可能であると考えられた。

**Breeding Science 67:** 421–426 (2017)