

近縁な温帯ジャポニカ品種群における重要農業形質の遺伝解析

堀 清純・山本敏央・矢野昌裕

(農研機構・次世代作物開発研究センター)

これまでにジャポニカ品種とインディカ品種や野生イネ系統間の交配後代集団を利用して、収量性や病害抵抗性、ストレス耐性などの農業上重要な形質を制御する多数の量的形質遺伝子座 (QTL) が同定されている。しかしながら、国内水稲品種を含む遺伝的に近縁な温帯ジャポニカ品種間における QTL 解析の報告例はまだ少ない。近年の次世代シーケンサーや一塩基多型 (SNP) タイピングチップなどのゲノム解析技術の発達により、国内の主食用水稲品種においても全ゲノムを網羅した SNP マーカー作成や QTL 検出などの詳細な遺伝解析が可能

になってきた。温帯ジャポニカ品種の「コシヒカリ」は、1979 年以降の約 40 年間にわたり国内の作付面積第 1 位を維持している品種である。そのため、「コシヒカリ」の主要農業特性を制御する QTL を明らかにすることで、今後の水稲品種育成に重要な知見を提供できると期待される。この総説では、「コシヒカリ」を中心とした温帯ジャポニカ品種間の遺伝解析に関する最近の進展について俯瞰する。

Breeding Science 67: 427–434 (2017)

熱帯ダイズの開花および成熟期に関するゲノムワイド連関解析：育種法への示唆

Rodrigo Iván Contreras-Soto^{1,5,6}・Freddy Mora²・Fabiane Lazzari³・Marco Antônio Rott de Oliveira⁴・

Carlos Alberto Scapim¹・Ivan Schuster³

(¹)Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá, Brazil, ²Institute of Biological Sciences, University of Talca, Chile, ³Dow Agrosciences, Brazil, ⁴COODETEC, Brazil, ⁵Instituto de Ciencias Agronómicas, Universidad de O'Higgins, Chile, ⁶Centro de Estudios Avanzados en Fruticultura, Chile)

開花および熟期の遺伝様式の知見は熱帯大豆の効率的な育種法を開発する上で必要とされている。本研究では複数の環境下において、開花期 (DTF) と成熟期 (DTM) に関与し、かつ収量構成要素に対する影響は最小限である望ましい対立遺伝子座を選ぶためのハプロタイプの同定を目的とする。そこで DTF および DTM を支配するゲノム領域を同定するため、一塩基多型 (SNP) マーカーで遺伝子型を同定したダイズの連関マッピングパネルを用いてゲノムワイド連関解析 (GWAS) を実施した。さらに育種法への応用を議論するため、収量構成要素を評価した。安定、もしくは特異的な連関を検出するため、141 のダイズ品種をブラジル国内の 8 箇所の熱帯環境下の圃場にお

いて評価した。2 箇所以上の環境下において DTM では 72 の、DTF では 40 の有意な連関がゲノム全域から検出された。ハプロタイプベースの連関解析により 1 箇所もしくは複数の環境下において DTF、DTM と収量構成要素が有意に連関する 3 つのハプロタイプ (Gm12_Hap12; Gm19_Hap42 and Gm20_Hap32) が同定された。これらの結果から、同定されたゲノム領域は DTF、DTM および収量構成要素に対して多発現をする遺伝子が含まれており、それらの遺伝子は強い連鎖不平衡で密接に連鎖していることが示唆された。

Breeding Science 67: 435–449 (2017)

インド型および日本型間の交雑によるイネ戻し交雑近交系における食味および調理品質に対するインド型系譜の効果

Mingyu Fan・Xiaojing Wang・Jian Sun・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)

アミロペクチンはイネ (*Oryza sativa* L.) の穀粒品質の主要な決定因子のひとつであり、日本型とインド型の 2 つの亜種間においてはアミロペクチンの大きな差異が見られる。しかしな

がら、イネの穀粒品質、インド型/日本型の遺伝的背景、およびアミロペクチン間の関係は明確には解明されていない。本研究では、日本型品種「ササニシキ」とインド型品種「ハバタキ」

の交雑に由来する一連の戻し交雑近交系を用い、食味および調理品質 (ECQ), ラピッド・ビスコ・アナライザー (RVA) プロファイル, およびアミロペクチンの鎖長分布を調査した。インド型系譜の頻度 (F_i) を計算し、穀粒品質およびアミロペクチンに対する効果を解析した。その結果、「ササニシキ」では DP6-15 および DP34-45 の鎖長が「ハバタキ」よりも顕著に多かった。DP34-45 は RVA 特性, 調理品質, およびプロラミン含量と強く相関していた。 F_i もまた, RVA 特性および ECQ と有意に相

関していたが, DP34-45 とだけ有意に負の相関が見られた。アミロペクチンに関する 7 つの量的遺伝子座 (QTL) をマップしたところ, うち 3 個は過去の知見と一致していた。本研究の結果は, 亜種間交雑の後代におけるアミロペクチンについて有益な情報を提供するもので, 新規 QTL はデンプン合成に関与するマイナーな遺伝子の同定に新たな知見を提供するかも知れない。

Breeding Science 67: 450–458 (2017)

ジャガイモ Y ウイルスに対するタバコの抵抗性と耐性—中央ヨーロッパのウイルス分離株を用いた有効性の比較

Grazyna Korbecka-Glinka • Anna Czubacka • Marcin Przybys • Teresa Doroszewska

(Department of Plant Breeding and Biotechnology, Institute of Soil Science and Plant Cultivation – State Research Institute, Poland)

ジャガイモ Y ウイルス (PVY) から作物を護るためには, 抵抗性品種を育成することが最良の方法である。タバコにおいては, 集団選抜, X 線照射による変異原処理, *Nicotiana* 野生種からの遺伝子移入などによって得られた PVY 抵抗性/耐性の遺伝資源がいくつか存在する。本研究では, 中央ヨーロッパ (ポーランドとドイツ) で収集した, 病原性を異にする 10 種類の PVY 分離株を用いた接種試験を行い, PVY 抵抗性/耐性の主要な遺伝資源を比較した。収集した分離株の多様性は, DAS-ELISA テストおよび, PVY ゲノムにおける最も一般的な組換え部位を標的とした PCR アッセイによって確認した。これらの分離株を用い, 抵抗性の 5 品種 (「V.SCR」, 「PBD6」,

「TN86」, 「VAM」, 「Wislica」), 耐性の育種系統「BPA」, および感受性の 4 品種 (「BP-210」, 「K326」, 「NC95」, 「Samsun H」) に対する接種試験を行った。10 種類の分離株の全てに対してまんべんなく抵抗性を示す品種/育種系統はなかった。しかし, 「VAM」と「Wislica」は 10 種類の供試 PVY 分離株のうち 4 種類に対して病徴を示さず, また, DAS-ELISA テストにも陰性を示したため, 最も有効な遺伝資源と考えられた。一方, 育種系統「BPA」は接種試験において完全な病徴の発達を示さず, その耐性は全供試分離株に対して有効であった。

Breeding Science 67: 459–465 (2017)

普通系コムギの遺伝子を導入したデュラムコムギにおける穂発芽耐性の改良

加藤啓太・船附稚子・谷中美貴子・伴 雄介・高田兼則

(農研機構・西日本農業研究センター)

デュラムコムギ (*Triticum turgidum* ssp. *durum* (Desf.) Husn.) の穂発芽耐性は, 収穫期に降雨が多い日本では重要な形質である。穂発芽耐性を持つデュラムコムギの遺伝資源はほとんど報告がないため, 本研究では普通系コムギ (*T. aestivum* L.) 品種「ゼンコウジコムギ」に由来し穂発芽耐性に関係する, *R*-gene による赤粒形質, *MFT* 遺伝子および *QPhs-5AL* をデュラムコムギに連続戻し交雑法によって導入した。開発した準同質遺伝子系統 (NILs) の中で *R*-gene を持つ赤粒の NILs は, 反復親と比較して発芽率 (PG) や発芽指数 (GI) が低く, 種皮色は穂発芽耐性への効果が最も大きかった。赤粒, *MFT* 遺伝子および *QPhs-*

5AL を集積した NIL は最も低い PG と GI を示し, その GI は普通系コムギ品種「シロガネコムギ」と同等であった。白粒の NILs の中で *MFT* と *QPhs-5AL* を集積した NIL は最も低い PG と GI を示した。本研究結果は普通系コムギ由来の赤粒形質, *MFT* 遺伝子および *QPhs-5AL* の集積がデュラムコムギにおいても穂発芽耐性の向上に寄与することを示しており, 普通系コムギ由来の穂発芽耐性に関わる遺伝資源はデュラムコムギの育種に非常に有効であることを示唆する。

Breeding Science 67: 466–471 (2017)

6つの環境のもとで栽培された染色体部分置換系統を用いて野生イネにおける粒大と粒重に關与する QTL を特定する

Lan Qi^{1,2)} • Yan Sun²⁾ • Jing Li²⁾ • Long Su²⁾ • Xiaoming Zheng²⁾ • Xiaoning Wang³⁾ • Kaimian Li¹⁾ • Qingwen Yang²⁾ • Weihua Qiao²⁾

¹⁾Institute of Tropical Agriculture and Forestry, Hainan University, China, ²⁾Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, China,

³⁾Key Laboratory of Crop Genetic Breeding, Hainan Academy of Agricultural Science, China)

粒大と粒重はイネの収量を決定する重要な因子である。栽培イネにおいて失われたり、あるいはその効果が減衰してしまった野生イネに由来する有用な遺伝子を特定することは、近年の育種戦略においてはますます重要になってきている。本研究において、我々はインド型栽培品種(9311)を遺伝的背景として野生イネ(*Oryza rufipogon*)の様々な染色体断片を有する染色体部分置換系統を作出し、粒長、粒幅、粒長と粒幅の比、千粒の4つの穀粒に關連する形質に対して6つの環境下で測定して解析を行った。これらの環境下で合計37個のQTLが検出され、12本の染色体に位置づけられた。このうち16個のQTLは少なくとも2つの環境下で検出され、4番染色体と8番染色体に

QTLのクラスターを構成していた。これまでの研究で特定されたQTLとの比較により、本研究で作出された野生イネと栽培品種(9311)の染色体部分置換系統は高い遺伝的多様性を有していた。安定して検出された16個のQTLのうち、7個のQTLはこれまでの研究で報告されておらず、野生イネ由来の新規アレルの可能性を示している。これらの染色体部分置換系統はイネの重要遺伝子の機能研究とクローニングのための強力なツールであり、さらにイネの品種改良のための有用な遺伝資源を見つけることに役立つ。

Breeding Science 67: 472–482 (2017)

多重合成コムギ派生集団における高温耐性關連形質の遺伝的変異

Awad A. E. Elbashir^{1,3)} • Yasir S. A. Gorafi^{2,3)} • Izzat S.A. Tahir³⁾ • Ashraf. M.A. Elhashimi³⁾ • Modather G.A. Abdalla³⁾ • 辻本 壽²⁾

¹⁾鳥取大学・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)

登熟中の高温(≥30°C)は、コムギ(*Triticum aestivum* L.)の穀物収量に大幅な減少を及ぼす。私達は、高温ストレスへの適応に關連した形質の遺伝的変異を調べ、コムギの育種に利用できる新たな高温耐性遺伝資源を見出すため、400の多重合成コムギ派生(MSD)系統を研究した。実験はスーダンの4環境において、拡張完全乱塊法で行った。その結果、すべての環境における大部分の形質に大きい遺伝的変異が見られた。また、調査したすべての形質について、これらの親系統である「農林61号」やスーダンの環境に適応している2品種より、優れた

成績を示すMSD系統を見出すことができた。高温耐性指数の値から、高度な高温耐性を示す13系統、および中程度の高温耐性と優れた収量ポテンシャルを併せもついくつかの系統を見出した。また、コムギの収量ポテンシャルを増加させるアレルを同定することもできた。これらの研究から、MSD集団の利用は、タルホコムギの遺伝的変異からコムギ育種に利用できる遺伝子を発掘するために効果的な方法であることが明らかとなった。

Breeding Science 67: 483–492 (2017)

バングラデシュにおけるイネ遺伝資源のいもち病抵抗性に関する遺伝変異

モハンマド アシーク イクバル カン¹⁾ • モハンマド アブドゥール ラティフ¹⁾ • モハンマド カレクザマン¹⁾ • 富田朝美²⁾ • モハンマド アンサー アリ¹⁾ • 福田善通³⁾

¹⁾バングラデシュ稲研究所, バングラデシュ, ²⁾筑波大学, ³⁾国際農林水産業研究センター・熱帯・島嶼研究拠点)

バングラデシュの4つのエコタイプ(アウス, アマン, ボロ, ジューム)由来の334のイネアクセッションのいもち病抵抗性に関する遺伝的変異を解明した。それらは、74のSSRマーカーの多型データに基づき二つのクラスターグループ(IとII)

に分類された。クラスターIは日本型、クラスターIIはインド型に対応した。クラスターIIはさらにIIaとIIbのサブグループに分類されたが、全てのエコタイプを高頻度に有した。特にサブグループIIaは、アウスとジュームの頻度が高かった。ク

クラスター I は、アマンの頻度が顕著であった。標準判別いもち病菌系に対する反応パターンに対しても顕著な変異が認められ、アクセッションは4つのグループ (A1, A2, B1, B2) に改めて分類された。最も感受性のグループの A2 は感受性品種の Lijiangxintuanheigu や判別品種、バングラデシュのいくつかの系統を含んでいた。ついで A1 と B2 の順番で抵抗性程度は変異し、B1 が最も抵抗性であり、4つのエコタイプのなかで抵

抗性グループの頻度は変異した。これらの結果から、バングラデシュにおいて、日本型のアクセッションはアマンに多く、インド型のものには全てのエコタイプに認められること、また感受性のものはアウスやアマンのものに限られていることが明らかになった。

Breeding Science 67: 493–499 (2017)

西アフリカのイネ遺伝資源におけるいもち病抵抗性に関する遺伝変異

オジョ テオフィル¹⁾・小出陽平^{2,5)}・シルエドレッサ³⁾・柳原誠司²⁾・神代 隆³⁾・福田善通⁴⁾

(¹⁾アボメイ-カラビ大学・農業科学学部、ベナン、²⁾国際農林水産業研究センター・生物資源・利用領域、³⁾アフリカ稲センター、ベナン、⁴⁾国際農林水産業研究センター・熱帯・島嶼研究拠点、⁵⁾現：北海道大学)

イネ AA ゲノムを有する3種 (アジア稲 [*Oryza sativa* L.], アフリカ稲 [*Oryza graberrima* Steud.], 野生イネ [*Oryza barthii*]) からなるイネ 195 アクセッションについて、標準判別いもち病菌系 (*Pyricularia oryzae* Cavara) に対する反応パターンと SSR マーカーの多型データに基づき、遺伝変異を明らかにした。61 の SSR マーカーの多型データに基づき、3つのクラスター (A: 主に日本型と陸稲品種, B: 主にインド型と水田品種, C: *O. graberrima* と *O. barthii*) に分類した。標準判別いもち病菌系の反応からは、3つのグループ (Ia: 感受性, Ib: 中程度の抵抗性,

II: 高い抵抗性) に分類され、グループ Ia には少数の判別品種、感受性の標準品種や日本型品種の日本晴が含まれた。クラスター A と B は、すべての抵抗性グループを含み、広い変異のいもち病抵抗性を示したが、クラスター C は抵抗性グループ Ib のアクセッションだけを有した。これらの結果は、西アフリカにおいて、アジア稲 (*O. sativa*) のアクセッションは高い抵抗性を有する方向に偏っているが、*O. graberrima* や *O. barthii* の抵抗性は比較的強く、変異も限られていることを示している。

Breeding Science 67: 500–508 (2017)

小麦粉品質を高める新規補償コムギ-*Thinopyrum elongatum* ロバートソン型転座系統

田中裕之¹⁾・鍋内千里¹⁾・黒柿美咲¹⁾・Monika Garg²⁾・齋藤美香³⁾・石川吾郎^{3,4)}・中村俊樹³⁾・辻本 壽⁵⁾

(¹⁾鳥取大学・農学部、²⁾National Agri-food Biotechnology Institute, India、³⁾農研機構・東北農業研究センター、⁴⁾農研機構・次世代作物開発研究センター、⁵⁾鳥取大学・乾燥地研究センター)

小麦粉はパン、パスタ、朝食用シリアル、ビスケット等に加工して使用される。これらの加工食品の様々な特性は、コムギ胚乳中に種子貯蔵タンパク質として蓄積されるグルテン含量に起因する。従って、グルテンタンパク質をコードする遺伝子は、小麦粉の様々な特性を改良することを目指している小麦育種家の主要な標的である。ここでは、私たちが動原体の切断と融合を通して開発したコムギ染色体 1A の短腕 (IAS) と *Thinopyrum elongatum* 染色体 1E の長腕 (1EL) を持つ新規補償コムギ-*Th. elongatum* ロバートソン型転座 (TIAS.1EL) 系統について述べる。私たちは TIAS.1EL 系統において、パンコムギ品種「Chinese Spring」および「農林 61 号」と比較して、添加

された 1EL に由来する2つの高分子量グルテニンサブユニット (HMW-GS) を見いだした。私たちは、TIAS.1EL 系統に由来する小麦粉のグルテン強度を評価するために行った SDS 沈降量の結果に基づいて、グルテンの多様性が拡大された TIAS.1EL 系統由来の小麦粉は、「Chinese Spring」および「農林 61 号」由来の小麦粉よりも製パン性に適すると予測する。また、私たちは、121 個のコムギに由来する PCR-based Landmark Unique Gene マーカーのうち、33 個を *Th. elongatum* 染色体 1E に割り当てることができた。これらのマーカーは、TIAS.1EL の *Th. elongatum* 領域における更なる染色体工学に使用できる。

Breeding Science 67: 509–517 (2017)

QTL-seq 法を用いたアワ (*Setaria italica* (L.) P.Beauv.) 出穂期制御に関わる 2 つの遺伝子座の同定

吉津祐貴¹⁾・高草木雅人²⁾・阿部 陽³⁾・高木宏樹^{3,4)}・植村亜衣子⁴⁾・八重樫弘樹⁴⁾・寺内良平⁴⁾・高畑義人¹⁾・畠山勝徳¹⁾・横井修司^{1,5)}

(¹⁾岩手大学・農学部, ²⁾岩手農研・県北研, ³⁾岩手県生物工学研究センター, ⁴⁾石川県立大学, ⁵⁾大阪府立大学・生命環境科学研究科)

作物における出穂期は、収量、品質、作型などに影響を与える重要な形質である。イネ科に属し、雑穀と称されるアワは降雨量の少ない地域において貴重な食糧源として栽培されているが、出穂期制御における遺伝的要因は明らかになっていない。そこで、アワにおける出穂期制御に関わる遺伝子座を同定するために、早生品種のゆいこがねと晩生品種のしなのつぶ姫の交雑集団を用いて QTL-seq 法による遺伝解析を行った。圃場において出穂期を調査した結果、F₂ 集団において両親系統よりも極晩生の表現型を示す個体が見られた。そのため QTL-seq 解析を行うために Y-bulk (早生)、S-bulk (晩生)、L-bulk (極

晩生) の 3 つのパルクサンプルを作成し、全ゲノムリシーケンスを行った。その結果、Y-bulk と S-bulk における SNPs の比較をしたところ、2 番染色体に有意なピークが見られ、Y-bulk と L-bulk における SNPs を比較したところ、7 番染色体に有意なピークが見られ、それぞれの QTL を *qDTH2* と *qDTH7* と命名した。*qDTH2* のしなのつぶ姫アレルは晩生化を引き起こし、*qDTH7* のゆいこがねアレルは極晩生化に関わることが明らかとなった。これら 2 つの QTL のアレルの違いがアワにおける出穂期の多様性に関わることが示された。

Breeding Science 67: 518–527 (2017)

北海道のイネ品種育成 100 年における表現型の変化

藤野賢治¹⁾・西村 努²⁾・木内 均²⁾・平山祐治²⁾・佐藤 毅²⁾

(¹⁾農研機構・北海道農業研究センター, ²⁾(地独)道総研上川農業試験場)

地域における植物育種は、地域適応品種が成立する過程において、適応性を望ましくあるいは高度化する遺伝的および表現型の変異を有する。各種の「集団」についての遺伝的集団構造解析は行われているものの、農業形質の表現型変異への関連は明らかにされていない。本研究では、北海道の品種育成による品種について 26 形質の形質評価を行なった。いずれの形質についても広範な連続的変異が認められた。北海道のイネ品種育成における改良効果を明らかにするため、形質値を遺伝的集団

構造で区分し、比較した。これらの形質は有意な差異が生じるタイミングから 4 パターンに区分できた。パターン A は 1 回、パターン B は 2 回の有意な差異が認められた。パターン C は徐々に有意な差異が生じた。パターン D では、選抜方向はなく有意な差異は認められなかった。本研究における北海道のイネ品種における表現型の変化と遺伝的集団構造から、表現型選抜が地域品種群の遺伝的多様性への影響をモデルとして提案した。

Breeding Science 67: 528–534 (2017)

イネにおける日長及び温度感受性雄性不稔核遺伝子 *pms3* (*p/tms12-1*) の機能的共優性 SNP マーカーの開発及び評価

Yongbin Qi・Linyou Wang・Junmei Gui・Lixia Zhang・Qinglong Liu・Jianjun Wang

(State Key Laboratory Breeding Base for Zhejiang Sustainable Pest and Disease Control, Institute of Crops and Nuclear Technology Utilization, Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, China)

イネにおける日長及び温度感受性の核遺伝子型雄性不稔 (P/TGMS) 系統が異なる環境条件下において示す稔性転換は、主に P/TGMS 遺伝子群によって制御されている。*pms3* (*p/tms12-1*) 遺伝子で生じた G>C 塩基置換は「Nongken58S」及び「Nongken58S」に由来する多くの系統の花粉稔性を制御している。本研究において、我々は *pms3* (*p/tms12-1*) の SNP に対する機能的共優性マーカーを開発した。dpms3-54 マーカーを用い

ることで、*pms3* (*p/tms12-1*) 遺伝子型の SNP を、他の TGMS 系統や自殖品種から識別することができる。dpms3-54 マーカーによって、*pms3* (*p/tms12-1*) のホモ接合体では 376 bp、非 *pms3* (*p/tms12-1*) のホモ接合体では 359 bp、ヘテロ接合体では 376 bp と 359 bp の 2 本のバンドが検出される。dpms3-54 マーカーは、二系交雑により作成された F₁ 品種の種子純度の検査や、各 F₁ 個体を苗の段階でホモ型とヘテロ型に分別することなどに利用

できる. このように本研究では, 異なる遺伝資源や集団中に存在する *pms3* (*p/tms12-1*) 遺伝子を検出し, マーカー選抜を用いた二系交雑による P/TGMS 系統の開発や育種に適用することが

できる, 有用な機能的マーカーを開発した.

Breeding Science 67: 535–539 (2017)

「コシヒカリ」と「CH45」との交配に由来する戻し交雑自殖系統群におけるイネごま葉枯病抵抗性に関する QTL 解析

松本憲悟^{1,3)}・太田雄也¹⁾・瀬田聡美¹⁾・中山幸則¹⁾・大野鉄平¹⁾・溝淵律子²⁾・佐藤宏之²⁾

(¹⁾三重県農業研究所, ²⁾農研機構・次世代作物開発研究センター, ³⁾現: 三重県庁)

糸状菌 *Bipolaris oryzae* によって引き起こされるイネごま葉枯病は, 我が国の主要なイネ病害の一つである. インド型品種「CH45」等, 一部の在来品種には, 圃場抵抗性が見いだされているが, 商業上有用な抵抗性品種はまだ育成されていない. 本研究では, 「コシヒカリ (罹病性)」と「CH45 (抵抗性)」との交配に由来する戻し交雑自殖系統群において, SSR 多型マーカーを用いたイネごま葉枯病抵抗性の QTL 解析を行った. 2015 年及び 2016 年の圃場での特性検定に基づき, 4 つのごま葉枯病抵抗性 QTL をそれぞれ, 第 2 (*qBSR2-kc*), 第 7 (*qBSR7-kc*), 第 9 (*qBSR9-kc*) 及び第 11 染色体 (*qBSR11-kc*) 上に検出

した. *qBSR2-kc*, *qBSR7-kc* 及び *qBSR11-kc* では「CH45」型のアレルが抵抗性を付与しており, 一方, *qBSR9-kc* では「コシヒカリ」型アレルが抵抗性を付与していた. 主要な QTL である *qBSR11-kc* は, 全表現型分散の 23.0 ~ 25.9% に寄与していた. 2 つの QTL (*qBSR9-kc* 及び *qBSR11-kc*) は 2 カ年検出されたが, 残り 2 つの QTL は, 病害多発年の 2016 年にのみ検出された. これら 4 つの QTL に連鎖する DNA マーカーは, ごま葉枯病抵抗性を今後改良するための重要な選抜ツールであるものと期待される.

Breeding Science 67: 540–543 (2017)

バレイショの効率的な品種判別のための 4 塩基コアモチーフ SSR マーカーセット

岸根雅宏¹⁾・堤 克二²⁾・橘田和美¹⁾

¹⁾農研機構・食品研究部門, ²⁾ヤマザキビスケット株式会社)

Simple sequence repeat (SSR) マーカーは, 個人や品種の鑑定のための一般的分析手法である. 中でも長い (例えば, 4, 5 または 6 塩基) コアモチーフを持つ SSR マーカーは, 隣接する対立遺伝子同士を容易に分離できることから特に好まれる. 本研究では, バレイショ (*Solanum tuberosum*) における 4 塩基モチーフの SSR 8 個からなるマーカーセットを報告する. この 8 個のマーカーを用いることで, 日本及びアメリカから入手し

た 76 品種のうち 72 品種を相互に識別可能であったが, 自然突然変異系統とその親系統に相当する 2 組の品種群は同一の遺伝子型を示した. 8 個の SSR マーカーセットを用いた場合, ランダムに選んだ 2 品種が同一と判定される確率は 1.10×10^{-8} であり, 開発したマーカーセットがバレイショの品種判別に有用であることが確認された.

Breeding Science 67: 544–547 (2017)