

総説 (招待)

## 野菜や作物の育種システムに重要なヘテローシスの分子機構に関する最新の研究について

藤本 龍<sup>1)</sup>・上園倅輔<sup>1)</sup>・石倉園子<sup>1)</sup>・長部謙二<sup>2)</sup>・W. James Peacock<sup>3)</sup>・Elizabeth S. Dennis<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>神戸大学大学院・農学研究科, (<sup>2)</sup>沖縄科学技術大学院大学, (<sup>3)</sup>オーストラリア連邦科学産業研究機構)

ヘテローシス/雑種強勢とは、雑種第一代が、両親系統よりも優れた形質を示す現象である。この現象は、多くの作物や野菜の一代雑種品種の育成において重要である。しかしながら、ヘテローシスの分子機構は完全には理解されていない。優性説、超優性説、エピスタシス説などの二つのゲノム間の遺伝子相互作用は、バイオマスや収量の増加を説明できると考えられている。また、トウモロコシ、イネ、ナタネを用いた遺伝学的な解析から、ヘテローシスに寄与する量的形質遺伝子座が多数見出

されている。さらに、トランスクリプトーム解析やエピゲノム解析等の新しい研究手法により、ヘテローシスの発生について新たな事実が明らかにされ始めている。これらには、ヘテローシスにおいて重要な雑種第一代における発現変動遺伝子の同定、ヘテローシスにおけるエピジェネティック制御の役割、及び安定的な高収量システムの開発が含まれる。

**Breeding Science** 68: 145–158 (2018)

総説 (一般)

## 間作向けキマメ品種の育種：統合と戦略

Kul Bhushan Saxena<sup>1)</sup>・Arbind K. Choudhary<sup>2)</sup>・Rachit K. Saxena<sup>1)</sup>・Rajeev K. Varshney<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>International Crops Research Institute for the Semi-arid Tropics, India, (<sup>2)</sup>ICAR Research Complex for Eastern Region, India)

キマメ [*Cajanus cajan* (L.) Millsp.] は、高い栄養価を持ち、様々な生物的・非生物的ストレス下で生存できることから熱帯亜熱帯の天水農業における理想的なマメ科作物である。従って、キマメは収穫失敗リスクが非常に高い周辺地域の天水農業において栽培され続けている。収穫失敗リスクに保険をかけ、限られた時間と空間を利用してできるだけ多くの食料を収穫するために、ほとんどの農民はキマメを栽培期間が短い穀物などの作物との間作で栽培する。現在、キマメ栽培地域の70%以上で間

作が行われている。しかし、間作におけるキマメの収量は低い(400–500 kg/ha)。この低収量の主な理由は、間作に適したキマメ改良品種がないことにある。増え続ける人口を支える食料・栄養需要を考えると、このタンパク質含量の高いマメ科作物の生産性向上は必須である。本総説では、著者らは育種家が間作に適した高収量品種を開発する際に直面する技術的問題点を解析し、それらの問題点を克服する戦略を議論する。

**Breeding Science** 68: 159–167 (2018)

原著論文

## アズキにおける熱活性型レトロトランスポゾンの特性

増田ゆかり<sup>1)</sup>・河邊 昭<sup>2)</sup>・野沢紘佑<sup>3)</sup>・内藤 健<sup>4)</sup>・加藤敦之<sup>1)</sup>・伊藤秀臣<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>北海道大学大学院・理学研究院, (<sup>2)</sup>京都産業大学・総合生命科学部, (<sup>3)</sup>北海道大学大学院・生命科学院, (<sup>4)</sup>農業・食品産業技術総合研究機構)

植物には種を超えて様々なトランスポゾンが保存されている。我々は、シロイヌナズナで同定された熱活性型レトロトランスポゾン *ONSEN* のホモログをササゲ属で同定した。この *ONSEN* 様配列 (*VaONS*) はサザンプロット解析の結果、解析にもちいた全ての日本のアズキ品種で検出された。しかしながら、*VaONS* 配列には品種間で多型が見られた。興味深いことに、

いくつかの品種で染色体外 DNA が検出されたことから、熱による *VaONS* の活性化能が保存されていることが明らかとなった。さらに、我々はカルス由来の再分化個体において *VaONS* の転移誘導に成功した。我々の発見はアズキの分子育種の新たなツールとなることが期待される。

**Breeding Science** 68: 168–176 (2018)

## ダイズの粒重の制御に関わる QTL の検出と他の収量構成要素に及ぼす効果の詳細な分析

藤井健一朗<sup>1,2)</sup>・佐山貴司<sup>1,2,3)</sup>・高木恭子<sup>2,4)</sup>・小菅一真<sup>5)</sup>・岡野克紀<sup>5)</sup>・加賀秋人<sup>1,2)</sup>・石本政男<sup>1,2)</sup>

(<sup>1)</sup>農研機構・次世代作物開発研究センター, (<sup>2)</sup>農業生物資源研究所, (<sup>3)</sup>現:農研機構・西日本農業研究センター, (<sup>4)</sup>現:農研機構・東北農業研究センター, (<sup>5)</sup>茨城県農業総合センター生物工学研究所)

ダイズの粒重は収量構成要素の一つであり, 他の収量構成要素の制御にも関わっていると考えられる. 本研究では, 粒重が大きく異なる納豆用品種と普通品種を両親とする組換え自殖系統を2カ所の異なる環境で栽培し, 粒重の制御に関わる QTL と, それらが他の収量構成要素に及ぼす効果について検討した. QTL 解析を行ったところ, 異なる環境においても安定した効果を持つ粒重の QTL が4座見出された. このうち2つの QTL 領域は既知の *pSw17-1* と *Ln* に一致していた. 他の2座, *qSw12-1* と *qSw13-1* についてはヘテロ残余系統を用いて効果を

確認した. これら4つの QTL 領域はそれぞれ別の収量構成要素の制御にも関与していた. すなわち, 粒重が重い遺伝子型(大粒遺伝子型)には, 莢数あるいは一莢内胚珠数を減少させる効果が認められた. このことから, ダイズの粒重の遺伝的制御には少なくとも2つの異なるメカニズムが存在することが示唆された. これら QTL の原因遺伝子の単離は, ダイズの育種において粒重の多様性の理解や利用に重要である.

**Breeding Science** 68: 177–187 (2018)

## イネにおける複数の白葉枯病菌 *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* レースに抵抗性を示す遺伝子 *xa42* の高密度連鎖解析と特徴

Constantine Busungu<sup>1)</sup>・田浦 悟<sup>2)</sup>・坂上潤一<sup>1,3)</sup>・穴井豊昭<sup>1,4)</sup>・一谷勝之<sup>1,3)</sup>

(<sup>1)</sup>鹿児島大学大学院・連合農学研究所, (<sup>2)</sup>鹿児島大学・遺伝子実験施設, (<sup>3)</sup>鹿児島大学・農学部, (<sup>4)</sup>佐賀大学・農学部)

イネ白葉枯病 (BB) 抵抗性の改良は世界, 特に BB が蔓延しているアフリカと南アジアのイネ育種における重要な戦略の一つである. 本論文では, イネ品種「IR24」の突然変異体「XM14」のもつ *XA42* 座の BB 抵抗性遺伝子 *xa42* の高密度連鎖解析と特徴について報告する. 高密度連鎖解析の結果, *xa42* 遺伝子の座乗候補領域は解析前の 582 kb から 57 kb に絞り込まれた. XM14 系統には病斑様の褐色の斑点が葉に現れる. また原品種

IR24 と比較して草丈が低い. *XA42* の分離集団で *xa42* ホモ接合体は, 供試した日本産イネ白葉枯病菌 *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* 6 レースに常に抵抗性を示した. また, 褐色の斑点が葉に現れ, 他の遺伝子型と比較して明らかに草丈が低かった. これらの研究結果は *xa42* 遺伝子が多面発現効果をもつことを示している.

**Breeding Science** 68: 188–199 (2018)

## 陸稲品種がもつ穂発芽耐性の遺伝学的解剖

水野陽介<sup>1,2)</sup>・山内歌子<sup>3)</sup>・星野友紀<sup>3,4)</sup>・野々上慈徳<sup>3)</sup>・永田和史<sup>3)</sup>・福岡修一<sup>3)</sup>・安藤 露<sup>3)</sup>・矢野昌裕<sup>1,3)</sup>・杉本和彦<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>筑波大学, (<sup>2)</sup>現:みかど協和株式会社, (<sup>3)</sup>農研機構・次世代作物開発研究センター, (<sup>4)</sup>現:山形大学)

種子休眠性は, 穂発芽を防ぐことから, イネの品種育成にとって重要な形質である. 日本の陸稲品種である「オワリハタモチ」と水稲品種である「コシヒカリ」から育成した染色体断片置換系統 (CSSLs) を用いて, 穂発芽耐性 QTL の検出に取り組んだ. いくつかの染色体領域が穂発芽耐性と相関があり, 中でも第9染色体に最も効果の大きい QTL が存在することが示唆された. 「コシヒカリ」×「オワリハタモチ」の交配で得られた BC<sub>4</sub>F<sub>2</sub> の後代を用いた QTL 解析により, *qSDR9.1* (*Seed dormancy* 9.1)

と *qSDR9.2* の2つの発芽を抑制する QTL の存在が確認された. さらに遺伝解析により *qSDR9.1* と *qSDR9.2* の領域は, それぞれ, *RM24039* と *RM24260* 間の 4.1-Mb と *Indel\_2* と *RM24540* 間の 2.3-Mb であることが示された. 今回我々は穂発芽耐性の弱い「オワリハタモチ」から2つの穂発芽耐性 QTL を同定した. この様な予想外の結果は CSSLs の有用性を示すものとなったと考えられる.

**Breeding Science** 68: 200–209 (2018)

## 日本水稲品種「コシヒカリ」を遺伝的背景とした酒米品種「山田錦」染色体断片置換系統群の新規育成と粒大 QTL の同定

岡田聡史<sup>1)</sup>・小野木章雄<sup>2)</sup>・飯島 健<sup>3)</sup>・堀 清純<sup>3)</sup>・岩田洋佳<sup>2)</sup>・横山若菜<sup>1)</sup>・末廣美紀<sup>1)</sup>・山崎将紀<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>神戸大学大学院・農学研究科附属食資源教育研究センター, <sup>2)</sup>東京大学大学院・農学生命科学研究科, <sup>3)</sup>農研機構・次世代作物開発研究センター)

酒米品種の重要な特性である粒大の遺伝的要因を解明する目的で、日本水稲食用米品種「コシヒカリ」を遺伝的背景とし、優れた酒米品種の一つである「山田錦」の染色体断片置換系統 (CSSLs, 49 系統で構成) を新たに育成し、粒大に関する QTL を同定した。CSSLs の粒長 (GL), 粒幅 (GWh), 粒厚, 100 粒重 (Gwt), 出穂期 (DTH) を測定して、合計 18 箇所の QTL を同定した。そのうち、7 箇所の QTL (*qGL11*, *qGWh5*, *qGWh10*, *qGwt6-2*, *qGwt10-2*, *qDTH3*, *qDTH6*) は、「コシヒカリ」と「山田錦」との交雑に由来する F<sub>2</sub> 集団ならびに組換え

自殖系統群 (RILs) でも検出されており、「山田錦」の粒大や出穂性に重要と考えられた。一方、出穂性を考慮した QTL 解析を 100 粒重に対して改めて行ったところ、*qGwt10-2* は早生の RILs で、*qGwt5* は晩生の RILs でそれぞれ検出されたため、環境によって 2 つの QTL の遺伝的効果は異なると示唆された。「山田錦」の粒大は複雑な遺伝的機構に支配されていることが明らかになったが、本研究の見解は食用米や酒米の育種に新たな可能性を秘めている。

**Breeding Science** 68: 200–218 (2018)

## トウガラシの種間交雑 (*Capsicum annuum* L. × *Capsicum galapagoense* Hunz.) における果実長関連 QTL のマッピング

Konana Arjun<sup>1)</sup>・Major S Dhaliwal<sup>2)</sup>・Salesh K Jindal<sup>1)</sup>・Bashasab Fakrudin<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>Department of Vegetable Science, Punjab Agricultural University, India, <sup>2)</sup>Directorate of Research, Punjab Agricultural University, India, <sup>3)</sup>Department of Biotechnology & Crop Improvement, University of Horticultural Sciences, India)

トウガラシの果実長は量的遺伝形質であり、表現型に基づく選抜は冗漫で時間を要する。*Capsicum* 亜種の果実長を決定する量的遺伝子座 (QTL) を検出するため、*C. annuum* L. の品種「FL 201」と *C. galapagoense* Hunz. のアクセッション「TC 07245」との種間の F<sub>2</sub> マッピング集団を作成した。この交配における果実長は、ヒストグラムにおいて対称な分布を描く量的遺伝を示した。果実長に関する QTL を検出するため、400 個の SSR マーカーについて両親間での多型を調査したが、わずか 28 個だけでしか多型が観察されず、2 つの *Capsicum* 種間における遺伝的多様性がほとんどないことが示された。多型を示したマ

ーカーを用いて 210 個体からなる F<sub>2</sub> 集団を解析したところ、これらマーカーのうち 24 個は 3 つの連鎖群 (LG); LG1, LG2, LG3 にマップされた。果実長を決定する 2 つの QTL, *pauf12.1* と *pauf12.2* が同定され、どちらの QTL も LG2 にマップされた。これら 2 つの QTL を合わせると、表現型変異の 21.78 パーセントが説明された。これら 2 つの QTL とは別に、小果実型の親「TC 07245」において、トウガラシ育種プログラムにおいて潜在的に有用かも知れないポジティブなアレルが検出された。

**Breeding Science** 68: 219–226 (2018)

## キャッサバにおけるジメチルスルフォオキシド (DMSO) によるアポミキシスの誘導とその由来個体の遺伝的同定

Xia Chen<sup>1)</sup>・Hang-Gui Lai<sup>1)</sup>・Qi Sun<sup>1)</sup>・Jin-Ping Liu<sup>1)</sup>・Song-Bi Chen<sup>2)</sup>・Wen-Li Zhu<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>Hainan Key Laboratory for Sustainable Utilization of Tropical Bioresources, Institute of Tropical Agriculture and Forestry, Hainan University, China, <sup>2)</sup>Tropical Crops Genetic Resources Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences (CATAS), China)

アポミキシス、すなわち無性生殖による種子形成は、育種及び種子生産に大きな価値があり、現代農業への利用に資する。しかし、キャッサバにおけるアポミキシスは、自然条件では非常に低い頻度で見られず。本研究では、キャッサバの雌

花へ 1%, 1.5% 及び 2% (V/V) の異なる濃度のジメチルスルフォオキシド (DMSO) 処理を行った。キャッサバ品種 SC 5 において、果実形成とアポミキシス由来種子の形成について、1.5% 濃度の DMSO 処理で一番効果が見られた。実生由来の苗は、2

倍体の親系統に極似しており、倍数体キャッサバの形態特性は認められなかった。これら実生個体は、フローサイトメトリー及び根端細胞の染色体観察で、2倍体であることが確認された。品種 SC 5 について、DMSO 処理により得られた実生由来の 34

個体を、EST-SSR 及び SRAP により解析し、1.5% の DMSO 処理個体群より、3 個体がアポミキシス由来であることが特定された。

**Breeding Science** 68: 227–232 (2018)

## SLAF-seq 法を利用したトウガラシ (*Capsicum annuum* L.) の高密度連鎖地図の構築とキュウリモザイクウイルス抵抗性 QTL の同定

Ning Li • Yanxu Yin • Fei Wang • Minghua Yao

(Cash Crops Research Institute, Hubei Academy of Agricultural Sciences, China)

トウガラシは野菜や香辛料として利用される重要作物の一つである。アブラムシによって媒介されるキュウリモザイクウイルス (CMV) は、世界中のトウガラシ栽培に甚大な被害をもたらしている。トウガラシの CMV 抵抗性の遺伝様式は複雑であり、そのメカニズムには不明な点が多い。本研究では、トウガラシの高密度連鎖地図を構築するために SLAF-seq 法を利用した。12 本の連鎖群に分布する 12,727 個の DNA マーカーからなる全長が 1,785.46 cM、平均マーカー間距離が 0.16 cM であ

る連鎖地図を構築し、区間マッピング法と multiple-QTL マッピング法を利用して CMV 抵抗性に関するゲノム領域の検出を行った。3 つの QTL, *qcmv11.1*, *qcmv11.2*, *qcmv12.1* が検出され、それぞれの寄与率は 10.2%, 19.2%, 7.3% であった。本研究の結果は、トウガラシの CMV 抵抗性を向上させるための抵抗性 QTL 連鎖マーカーの開発に役立つだろう。

**Breeding Science** 68: 233–241 (2018)

## *Oryza sativa* と *Oryza glumaepatula* の種間雑種不稔の原因遺伝子 *S56(t)* のマッピング

Yu Zhang • Jiawu Zhou • Jing Li • Ying Yang • Peng Xu • Dayun Tao

(Food Crops Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, P. R. China)

*Oryza glumaepatula* は南米を起源とする種で、非生物学的ストレスや多収、良食味性等の多くの有用形質を有している。しかしながら、*O. glumaepatula* との強い種間雑種不稔がその有用遺伝子の利用を妨げている。*O. sativa* と *O. glumaepatula* の種間の雑種不稔をさらに知るために日本型品種 Dianjingyou 1 を戻し交雑の親として用いて同質遺伝子系統 (NIL) を育成した。花粉の雑種不稔の新規遺伝子 *S56(t)* を第 7 染色体の短腕の

RM20797 と RM1093 の間にマップした。両マーカー間の距離は 469 kb であった。*S56(t)* は、一遺伝子座の対立遺伝子モデルで説明でき、花粉が *O. sativa* の対立遺伝子をヘテロ接合で持つとき完全不稔となった。この結果は *S56(t)* 遺伝子のクローニングと種間雑種不稔に対する *S56(t)* 遺伝子の機能解明に有用となる。

**Breeding Science** 68: 242–247 (2018)

## 他殖を用いた育種システムに向けた優性の雄性不稔イネの作出と解析

阿部清美<sup>1)</sup>・大嶋雅夫<sup>1)</sup>・赤坂舞子<sup>2,3)</sup>・小長谷賢一<sup>1,4)</sup>・七里吉彦<sup>1,4)</sup>・奥崎文子<sup>1,5)</sup>・谷口洋二郎<sup>1)</sup>・田中淳一<sup>2,6)</sup>・田部井豊<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup> 農研機構・生物機能利用研究部門, <sup>2)</sup> 農研機構・次世代作物開発研究センター, <sup>3)</sup> 現: 農研機構・東北農業研究センター, <sup>4)</sup> 現: 森林研究・整備機構森林総合研究所森林バイオ研究センター, <sup>5)</sup> 現: 玉川大学・農学部, <sup>6)</sup> 筑波大学・生命環境科学研究科)

ゲノミックセレクションは作物育種の分野でも注目を集めている。ゲノミックセレクションを効率的に自殖性作物に適用するためには、効率的な他殖法が必要である。自殖性作物で簡便かつ連続的に他殖を行うためには、優性の雄性不稔性は便利ツールである。そこで、我々は、イネ (*Oryza sativa* L.) に

おいてタペート組織特異的に働く *BoA9* プロモーター制御下でバルナーゼ遺伝子を働かせることにより、優性の雄性不稔イネ (*barnase-induced male sterile rice*: BMS) を作出し、その中から雄性不稔性が安定しており、正常に生育する BMS10 を選抜した。BMS10 の出穂日、開花日、一日における開花時刻を調

査したところ、野生型（日本晴）より遅れる傾向にあった。また、BMS10と野生型を隣に並べて自然交配させたところ、全穎花に対する稔実率は1.5%未満だった。さらに、BMS10の開花特性による影響を取り除くため、クリッピング法による交配を行った結果、全穎花に対して最大で86.4%の種子を得ることができた。我々の結果は、種子生産性を向上させるためには開

花の同調性を改善しなければならないが、この様な手法で雌性稔性を維持しながら安定的な優性の雌性不稔性を有するイネを作出できることを示している。本研究で作出された優性の雌性不稔イネはゲノミックセレクションによるイネの育種を促進するであろう。

**Breeding Science** 68: 248–257 (2018)

## 根こぶ病抵抗性系統のスクリーニングと遠縁交雑による抵抗性遺伝子の *Brassica napus* への導入

Yaping Liu<sup>1)</sup> • Aixia Xu<sup>1)</sup> • Fenghao Liang<sup>1)</sup> • Xueqin Yao<sup>2)</sup> • Yang Wang<sup>1)</sup> • Xia Liu<sup>1)</sup> • Yan Zhang<sup>1)</sup> • Jazira Dalelhan<sup>1)</sup> • Bingbing Zhang<sup>1)</sup> • Mengfan Qin<sup>1)</sup> • Zhen Huang<sup>1)</sup> • Lei Shaolin<sup>3)</sup>

<sup>1)</sup>State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas/College of Agronomy, Northwest A&F University, China, <sup>2)</sup>Institute of Horticulture, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, China, <sup>3)</sup>Guizhou Rapeseed Institute, China)

根こぶ病は、世界中でアブラナ科植物に被害をもたらす経済的に重要な病害である。本研究では、アブラナ科植物遺伝資源50系統の抵抗性を、中国の根こぶ病菌 (*Plasmodiophora brassicae*) の pathotype 4 を用いてスクリーニングした。これらの中、ハクサイ3系統、キャベツ2系統、ダイコン1系統、ケール1系統、*Brassica juncea* 1系統が抵抗性を示した。ハクサイ3系統 (1003, 1007, 1008) を親とし、胚培養を用いた遠縁交雑で根こぶ病抵抗性遺伝子を *Brassica napus* に導入した。形態調査、細胞観察、分子マーカー分析を雑種性の確認に用い、それぞれ0, 2, 4個体が雑種でないことを明らかとし、合計297個

体が真の雑種であることを見出した。根こぶ病抵抗性マーカーと人工接種を雑種個体の抵抗性を決定するのに利用した。その結果、根こぶ病抵抗性遺伝子に連鎖した2つのSSRマーカーと2つのイントロン多型マーカーが同定され、1007と1008の抵抗性遺伝子がA03連鎖群にマッピングされた。少なくとも159の抵抗性雑種が得られた。これらの雑種は、*Brassica napus* に根こぶ病抵抗性を導入するための橋渡し植物として利用できる。

**Breeding Science** 68: 258–267 (2018)

## 低リンストレス反応下におけるトウモロコシの根形質および収量に関する生理学的遺伝学的解析

Zhigang Liu<sup>1)</sup> • Xiangsheng Liu<sup>1)</sup> • Eric J. Craft<sup>2)</sup> • Lixing Yuan<sup>1)</sup> • Lingyun Cheng<sup>1)</sup> • Guohua Mi<sup>1)</sup> • Fanjun Chen<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>Key Lab of Plant-Soil Interaction, MOE, Center for Resources, Environment and Food Security, College Resources and Environmental Sciences, China Agricultural University, China, <sup>2)</sup>USDA-ARS, Robert Holley Center for Agriculture and Health, USA)

無機養分の獲得において、根系構造 (RSA) は重要な役割を果たす。それにも拘わらず、RSAは従来の育種計画において重要な農業形質として選択されることは稀であった。親である純系とそれらのF<sub>1</sub>との間で、リン (P) の供給状態に対するRSAとリン利用効率 (RUE) の反応については殆ど知られていない。本研究では、RSAとRUEの遺伝的関係を解析するために、トウモロコシ純系6系統と総当たり交雑によって得られたそれらの15F<sub>1</sub>を用いた。PUE関連形質に関するヘテロシスは、高P条件下で相対的に高く、低P条件下で有意に減少した。根形質

に関する中間親相対的ヘテロシスは、低P条件下でより強く発現した。Pの供給が低いと、RSAおよびRUE関連形質のヘテロシス、GCAおよびSCAは有意な影響を受けた。PUEが最大であったF<sub>1</sub>雑種、C3 (純系間交雑7922 × 8703-2に由来) は、高P条件下でも低P条件下でもPの吸収量が低く平均的収量を示した。本結果から、地上部のP要求量および子実のP濃度が低く相対的に多収なものを育種することが、P施肥量の減少およびP利用効率の改良にとって十分であると示唆された。

**Breeding Science** 68: 268–277 (2018)

## ノート

## デンプン合成酵素 Branching Enzyme IIb 変異系統に由来する水稻新品種「ちくし粉 85 号」の育成と特性

和田卓也<sup>1)</sup>・山口 修<sup>1)</sup>・宮崎真行<sup>1,2)</sup>・宮原克典<sup>1)</sup>・石橋正文<sup>1)</sup>・相原猛志<sup>3)</sup>・渋谷隆伸<sup>3)</sup>・井上 敬<sup>1,4)</sup>・坪根正雄<sup>1,2)</sup>・豊澤佳子<sup>5)</sup>・佐藤 光<sup>5)</sup>・赤石隆一郎<sup>6)</sup>・吉井洋一<sup>6)</sup>・大坪研一<sup>7,8)</sup>

(<sup>1)</sup>福岡県農林業総合試験場, (<sup>2)</sup>現:福岡県庁, (<sup>3)</sup>鳥後製粉株式会社研究開発部, (<sup>4)</sup>現:北九州普及指導センター, (<sup>5)</sup>九州大学・農学研究院遺伝子資源開発研究センター植物遺伝子資源学分野, (<sup>6)</sup>新潟県農業総合研究所食品研究センター, (<sup>7)</sup>新潟大学・農学部, (<sup>8)</sup>現:新潟薬科大学・応用生命科学部)

超硬質米新品種「ちくし粉 85 号」を、「フ系 2032」×「EM129」の組合せより集団育種法により育成した。「ちくし粉 85 号」は、一般うるち品種「ニシホマレ」と比較して高いレジスタントスターチ含量を示し、さらに初の超硬質米品種「EM10」に比較して多収であった。「ちくし粉 85 号」と親系統「EM129」のアミロペクチン鎖長は、「ニシホマレ」に比較して長く、「EM10」と同程度であった。このことは、「ちくし粉 85 号」のデンプン特性が「EM10」と同様の Branching enzyme IIb 変異系統である

「EM129」に由来することを示している。「ちくし粉 85 号」と「ニシホマレ」を交配した遺伝分析の結果、そのデンプン特性は 1 遺伝子により支配されていることが判明した。また「ちくし粉 85 号」の米粉から製造したクッキーの摂取は血糖値の調節に顕著な効果があった。これらの結果は、「ちくし粉 85 号」が、カロリー摂取を低減、加えて健康に寄与する新たな米粉加工製品を開発できる新規育種素材であることを示している。

**Breeding Science** 68: 278–283 (2018)

## 地域特産品として育成されたバレイショ新品種「はりまる」

富士松雅樹<sup>1)</sup>・橋爪浩和<sup>1)</sup>・不断哲男<sup>1)</sup>・小間康史<sup>1)</sup>・實友玲奈<sup>1,2)</sup>・小野聖二郎<sup>1,3)</sup>・保坂和良<sup>1,2)</sup>

<sup>1)</sup>神戸大学大学院・農学研究科附属食資源教育研究センター, <sup>2)</sup>現:帯広畜産大学・バレイショ遺伝資源開発学講座, <sup>3)</sup>現:国立遺伝学研究所

「西海 35 号」を母とし、「Pike」を父として新品種「はりまる」を育成した。1,647 の実生個体から疫病抵抗性遺伝子 (*RI*), ジャガイモ Y ウイルス抵抗性遺伝子 (*Ry<sub>chc</sub>*), ジャガイモ X ウイルス抵抗性遺伝子 (*RxI*) およびジャガイモシストセンチュウ抵抗性遺伝子 (*HI*) を併せ持つ個体をマーカーにより選抜した。選抜した 194 個体について圃場での評価を行い、最も優れたも

のを「はりまる」と名づけて公表した。収量は育成地における標準品種「マークイン」に比べやや低いが、食味は良好でデンプン含量が高いにもかかわらず煮崩れしにくい。「はりまる」はウイルスに対する複合抵抗性を持つことから自家種イモによる栽培が可能で、地域特産品となり得るだろう。

**Breeding Science** 68: 284–288 (2018)

中国の蒸しパンの品質に正の影響を及ぼすコムギの *Aegilops searsii* 染色体置換系統の開発

Xuye Du<sup>1)</sup>・Xin Ma<sup>2)</sup>・Jingzhi Min<sup>1)</sup>・Xiaocun Zhang<sup>3)</sup>・Zhenzhen Jia<sup>4)</sup>

(<sup>1)</sup>School of Life Sciences, Guizhou Normal University, China P. R., (<sup>2)</sup>College of Agronomy, Shandong Agricultural University, China P. R., (<sup>3)</sup>College of Food Science and Engineering, Shandong Agricultural University, China P. R., (<sup>4)</sup>Management Office of Scientific Research, Guizhou Normal University, China P. R.)

*Aegilops searsii* の 1S<sup>\*</sup> 染色体よりコムギの 1B 染色体を置換したコムギ-*Aegilops searsii* 置換系統 GL1402 を開発し、SDS-PAGE および GISH を用いて置換系統を確認した。SDS-PAGE 分析により、Chinese Spring の *Glu-B1* 遺伝子座によってコードされる HMW-GS が *Ae. searsii* の *Glu-1S<sup>\*</sup>* 遺伝子座によってコードされる HMW-GS により置換されたことが明らかになった。グルテニン巨大重合体 (GMP) の調査によると、GL1402 は Chinese Spring よりも非常に高い GMP 含量を示した。GL1402

と Chinese Spring の生地品質を比べた結果、GL1402 はタンパク質含量とミドルピークタイム (Middle peak time, MPT) 値が有意に高く、右ピーク勾配 (Right peak slope, RPS) が有意に低かった。また、中国の蒸しパン (CSB) の品質試験の結果、GL1402 は良好な蒸しパンの品質を示した。これらのことから、本置換系統はコムギの加工品質を向上させる貴重な育種材料であることが示唆された。

**Breeding Science** 68: 289–293 (2018)