

原著論文

スナップメロン (*Cucumis melo* var. *momordica*) のウリミバエ (*Bactrocera cucurbitae* (Coquillett)) 抵抗性を向上する育種素材の諸形質

Shravan Manbhar Haldhar • Dilip Kumar Samadia • Rakesh Bhargava • Balu Ram Choudhary • Dharendra Singh
(ICAR-Central Institute for Arid Horticulture, India)

ウリミバエ (*Bactrocera cucurbitae*) は、スナップメロン (*Cucumis melo* var. *momordica*) の重要害虫であり、インドの高温乾燥農業地帯で大きな減収を引き起こす。本研究により3つの系統 IC-430190, DKS-AHS 2011/4, DKS-AHS 2011/3 がウリミバエに対する新規のスナップメロン抵抗性育種素材として同定された。遊離アミノ酸および総可溶性固形物 (TSS) とウリミバエの果実侵入率との間には正の相関が認められたが、フェノール、タンニン、総アルカロイドおよびフラボノイドの含有量と果実侵入率との間には負の相関が認められた。果実侵入率は、果実の長さ、果実の幅、果肉の厚さと正の相関が認められ、子房軟毛の長さ、未熟果および成熟果の皮の固さ果肉の厚

さと負の相関が認められた。カイザー基準法に基づいて主成分分析を行ったところ、ウリミバエ侵入抵抗性の 82.80% の累積寄与率を説明できる2つの主成分 (PC1 と PC2) が抽出できた。PC1 は変異の 53.41%, PC2 は 29.39% を説明できた。フラボノイド、総アロカロイド、タンニンおよびフェノールの含有量、子房軟毛の長さ、皮の固さは、ウリミバエに対するスナップメロン抵抗性反応や応答に関わる形質であり、抵抗性育種素材を選抜する育種プログラムにおいてマーカー形質として使用できる。

Breeding Science 68: 499–507 (2018)

茎の特性に影響を与える重要な細胞壁重合体リグニンによるイネの耐倒伏性の遺伝的強化

Sitong Liu • Yuwei Huang • Hai Xu • Minghui Zhao • Quan Xu • Fengcheng Li
(Rice Research Institute, Shenyang Agricultural University, China)

作物の倒伏は、植物の成長と穀物生産に大いに影響を及ぼす。植物の機械的強度を高めるための細胞壁の遺伝的改変は、耐倒伏性向上のための有望なアプローチとして示唆されている。しかしながら、植物細胞壁の複雑さのために、植物の耐倒伏性に対する細胞壁重合体の明確な効果は依然として明らかでない。この課題を明らかにするために、我々は異なる細胞壁成分および倒伏指標を示す合計 56 のイネ (*Oryza sativa* L.) 品種の大規模分析を行った。その結果、リグニンは、イネの倒伏耐性を明確に決定付ける重要な細胞壁重合体であることが判明した。細胞壁組成と植物の形態学的特性との相関分析により、リグニンは茎基部の機械的強度を大幅に高め、草高を低下させること

により、耐倒伏性を高めることが明らかになった。異なるレベルの耐倒伏性を示す4種の代表的なイネ品種 ShenNong9903, YanJian218, KongYu131, および ShenNongK33 のさらなる特性解析により、リグニンレベルの増加に関与する複数の候補遺伝子 (*PAL*, *CoMT*, *4CL3*, *CAD2*, *CAD7* および *CCR20*) が明らかになった。従って、我々の結果から細胞壁の高いリグニンレベルが主に耐倒伏性を向上させること、そして耐倒伏性の高いイネの育種にむけてリグニンの遺伝的改変のためのいくつかの標的遺伝子を示唆することができた。

Breeding Science 68: 508–515 (2018)

栽培イネ *Oryza sativa* と野生イネ *Oryza meridionalis* の種間雑種不稔に関する 5 種類の新規遺伝子座のマッピング

Jing Li • Jiawu Zhou • Peng Xu • Xianneng Deng • Wei Deng • Yu Zhang • Ying Yang • Dayun Tao
(Food Crops Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences (YAAS), P.R. China)

野生イネ *Oryza meridionalis* は、戻し交雑を行うことにより、アジア栽培イネ *O. sativa* の品種改良に利用できる可能性がある。しかし、両者の雑種不稔性は *O. meridionalis* から *O. sativa* への有用遺伝子導入を妨げる主な生殖障壁になっている。その仕組みの解明を目指し、3 系統の *O. meridionalis* を花粉親として *O. sativa* subsp. *japonica* の Dianjingyou 1 に交配し、それらの雑種に Dianjingyou 1 を反復親とした戻し交雑を行った。20 系統からなる花粉不稔性の NILs (BC₆F₁) を取得し、12 本の染色体に分布する SSR マーカーを用いてジェノタイプリングを行った。ヘテロ接合型を示したマーカーは不稔性遺伝子のマッピング

グ集団のジェノタイプリングに利用した。その結果、花粉不稔性に関する 5 種類の新規遺伝子座が見出され、S51(t), S52(t), S53(t), S54(t) および S55(t) と命名した。これらの遺伝様式は遺伝子座内の対立遺伝子間の相互作用によるものであった。アジア型栽培イネと野生イネの対立遺伝子間の不調和な相互作用により、ヘテロ接合体では片親の対立遺伝子の雄性配偶子が完全あるいは部分的に不稔になった。これらの結果は種間雑種の不稔性のメカニズムを解明し、イネ育種の強化に *O. meridionalis* の有用遺伝子を利用するための有用な情報になりうる。

Breeding Science 68: 516–523 (2018)

デュラムコムギ (*Triticum turgidum* L. ssp. *durum* (Desf)) における低分子グルテニンサブユニット構成の対立遺伝子変異と遺伝的多様性

Xin Hu^{1,4} • Yanchun Peng¹ • Xifeng Ren¹ • Junhua Peng² • Eviatar Nevo³ • Wujun Ma⁴ • Dongfa Sun^{1,5}
(¹College of Plant Science and Technology, Huazhong Agricultural University, China, ²Science and Technology Center, China National Seed Group Co., Ltd., China, ³Institute of Evolution, University of Haifa, Israel, ⁴Australia-China Joint Centre for Wheat Improvement, State Agriculture Biotechnology Centre, School of Veterinary and Life Sciences, Murdoch University, Australia, ⁵Hubei Collaborative Innovation Center for Grain Industry, China)

低分子グルテニンサブユニット (LMW-GS) は、コムギ生地の製パン特性品質の決定に重要な役割を持つ。本研究では、MALDI-TOF MS (マトリックス支援レーザー脱離イオン化飛行時間型質量分析計) を用いて、世界各地に起源を持つ 149 系統のデュラムコムギの LMW-GS を分析した。グルテニンサブユニットの対立遺伝子変異に基づいて、解析した 149 系統のデュラムコムギの遺伝的多様性を評価した。Glu-A3 遺伝子座に 5 つの対立遺伝子 *Glu-A3e*, *Glu-A3a/c*, *Glu-A3f*, *Glu-A3d* および *Glu-A3b* が同定され、それぞれの対立遺伝子を持つ系統の頻度は 43.0%, 16.1%, 12.8%, 10.1%, 7.4% であった。Glu-B3 遺伝子座には、5 つの対立遺伝子: *Glu-B3d* (60.4%), *Glu-B3b* (6.0%),

Glu-B3c (6.0%), *Glu-B3h* (2.7%) および *Glu-B3f* (0.7%) が検出された。40500 Da と 41260 Da の分子量を持つ異常なサブユニットをコードする二つの新規対立遺伝子が見出された。これらの新規対立遺伝子とこれまでに発見されている新規対立遺伝子との同一性を明らかにするためにはさらに研究を行う必要がある。さらに、多様性解析の結果、デュラムコムギのグルテニンサブユニットをコードする遺伝子座、品種がリリースされた時期、地理的起源地の間には、大きな遺伝的多様性があることを示していた。本結果は、コムギやデュラムコムギの改良にとって有用な遺伝資源に関して重要な情報を提供する。

Breeding Science 68: 524–535 (2018)

RNA-seq に基づく 4 種のツツジ属植物におけるマイクロサテライト、SNP、および InDel マーカーの比較解析

Shuzhen Wang • Zhiliang Li • Xudong Guo • Yuanping Fang • Jun Xiang • Weibin Jin
(Hubei Key Laboratory of Economic Forest Germplasm Improvement and Resources Comprehensive Utilization; Hubei Collaborative Innovation Center for the Characteristic Resources Exploitation of Dabie Mountains; College of Life Science, Huanggang Normal University, P.R. China)

ツツジ (*Rhododendron*) 属は、貴重な園芸的効能や薬効を有している。しかし、遺伝子マーカーが無いため、遺伝学的

研究が遅れている。RNA-seq に基づいて、大別山脈 (中国中部) の 4 種のツツジ属固有種を用い、大規模分子マーカー

を開発した: *R. fortunei* (5.25Gb; SSR, 12,756, 1/2.37kb, 147 反復型; SNP, 38,313; InDel, 3,174), *R. simsii* (5.80Gb; SSR, 13,294, 1/2.58kb, 167 反復型; SNP, 136,590; InDel, 6,258), *R. mariesii* (6.53Gb; SSR, 15,724, 1/2.51kb, 170 反復型; SNP, 44,942; InDel, 4,126), *R. molle* (4.35Gb; SSR, 10,214, 1/2.49kb, 110 types; SNP, 77,829; InDels, 3,416). 二塩基反復が主な反復型であり (59.126%–64.314%), AG/CT 反復 (55.18%–61.22%) が最も多かった. 特に, 89 の種特異的な反復型が見つかった. さらに, C : G→T : A 突然変異が主要 SNP

型 (30.475%–34.99%) であった. しかし, C : G→G : C 突然変異は *R. fortunei* では最も少なく, T : A→G : C 突然変異は他の 3 種で最も少なかった. *R. fortunei* では 3 塩基の長さの InDel が最も多かったが, 他の 3 種では 1 塩基の InDel が主な型であった. *R. simsii* から開発された 12 個のマイクロサテライトマーカーは, 4 つの集団において高い遺伝的多様性を示し, ヘテロ接合体過剰が観察された. この研究は, ツツジ属の遺伝学的研究, 分子マーカーを用いた選抜, および育種研究に有益である. **Breeding Science** 68: 536–544 (2018)

SNP マーカーを利用したコスタリカ由来のカカオ “ユナイテッド フルーツ クローン” の隠れた親系統と遺伝的純潔度の評価

Allan Mata-Quirós¹⁾ • Adriana Arciniegas-Leal¹⁾ • Wilbert Phillips-Mora¹⁾ • Lyndel W. Meinhardt²⁾ • Lambert Motilal³⁾ • Sue Mischke²⁾ • Dapeng Zhang²⁾

¹⁾Programa de Mejoramiento Genético de Cacao, Costa Rica, ²⁾USDA-ARS BARC, SPCL, USA, ³⁾Cocoa Research Center, University of the West Indies, Trinidad & Tobago)

コスタリカの CATIE 研究所が保有する国際カカオコレクションは, 種の遺伝的多様性中心からの系統を中心に約 1,200 系統から構成される. この中で “ユナイテッド フルーツ クローン (UF クローン)” はコスタリカのユナイテッド フルーツ カンパニーによって構築され, 世界で最も早く改良された系統グループである. これら UF クローンのいくつかの系統は, アメリカ大陸における霜白鞘病や黒鞘病の抵抗性育種の主要な素材として使われてきた. それらの系統を育種において効率的に使用するためには, その独自性や遺伝背景に関する正確な情報が重要である. 我々は, 一塩基多型 (SNP) マーカーを用いて, 44 系統の UF クローンと 229 系統の基本系統からなる 273 系統のカカオ遺伝資源の遺伝子型を調査した. 我々は, CATIE カカ

オコレクションにおける UF クローンの実態を明らかにし, 最尤法を用いてそれらの集団メンバーシップを解析した. その結果 UF クローンの約 30% の系統から構成される 3 つのデュプリケートグループが同定された. 距離およびモデルベースのクラスタリング法により, UF クローンは主として “Trintario”, “ancient Nacional” および “ancient Nacional と Amelonado との雑種群” という 3 群から構成されることが示された. この結果は UF クローンに関するこれまでの情報のギャップを埋め結果をもたらし, 従って UF クローンのカカオ育種における利用を促進するだろう.

Breeding Science 68: 545–553 (2018)

ダイズにおける節間長の縮小に關与する量的遺伝形質座

大木信彦¹⁾ • 佐山貴司²⁾ • 石本政男³⁾ • 横田侑子³⁾ • 加賀秋人³⁾ • 高橋将一¹⁾ • 高橋 幹³⁾

¹⁾農研機構・九州沖縄農業研究センター, ²⁾農研機構・西日本農業研究センター, ³⁾農研機構・次世代作物開発研究センター)

ダイズの育種において, 植物の生育を増加させつつ倒伏を防いで, 作物の収量性を向上させるためには, 植物の主茎長を遺伝的に制御する必要がある. 日本で収集された大豆の遺伝資源「Y2」は, 最近開発された日本の品種と比べて, 節間長が特に短い特徴を有しており, 耐倒伏性を付与する新たな遺伝資源として活用できると考えられた. 植物の主茎長に關与する形質について, 普及品種「フクユタカ」と「Y2」の交配後代 F₂ 集団を用いて, 量的遺伝形質座 (QTL) 解析を実施した. その結果, 主茎長と平均節間長 (AIL) に關与する QTL が染色体

13 に検出され, *qSII3-1* (QTL for short inter-node on chromosome 13) と命名した. *qSII3-1* の「Y2」由来の対立遺伝子は, 不完全優性であり, 開花期および主茎節数には影響を示さなかった. 「Y2」由来の *qSII3-1* を「フクユタカ」の遺伝背景に導入し, 準同質遺伝子系統を育成した結果, AIL および主茎長が有意に短くなった. また, 子実重および開花期に影響は観察されず, *qSII3-1* は子実重や開花期に悪影響を及ぼすことなく, 主茎長を抑制した品種を開発するために有用であることが示された.

Breeding Science 68: 554–560 (2018)

エクソーム QTL-seq とインターバルマッピングで見出された塩ストレス下で子実の稔実歩合を維持するオオムギの QTL

児玉明日香¹⁾・成田亮平¹⁾・山口真功¹⁾・久野 裕²⁾・安達俊輔¹⁾・高木宏樹³⁾・大川泰一郎¹⁾・佐藤和広²⁾・平沢 正¹⁾

(¹⁾東京農工大学大学院・農学研究院, (²⁾岡山大学・資源植物科学研究所, (³⁾石川県立大学・生物資源環境学部)

世界の食料生産を増加させていくためには、作物の耐塩性を改良していくことが一つの重要な戦略となる。私たちは耐塩性の弱いオオムギ品種 OUC613 と強いオオムギ品種 OUE812 (それぞれ岡山大学登録番号) を長期間にわたって塩ストレス条件に生育させると、子実の稔実歩合は OUC613 で著しく低下するのに対して、OUE812 はほとんど低下せず、稔実歩合の低下が両品種の子実収量の品種間差を引き起こしていることをこれまで明らかにしてきた。本研究は幼植物期から収穫期までの長期間にわたって、150 mM あるいは 200 mM の NaCl 濃度条件で両品種を栽培し、稔実歩合に違いが起こる原因を検討し、稔実歩合を高く維持することに関わる量的形質遺伝子座 (QTL) を見出すことを目的に行った。塩ストレス条件に生育する植物から

採取した花粉を人工授粉すると、稔実歩合は塩ストレスの有無にかかわらず、OUC613 で大きく低下したことから、OUC613 の稔実歩合の低下は主に花粉の稔性の低下によることがわかった。OUE812 と OUC613 由来の組換え自殖系統を用いて、エクソームキャプチャーシーケンセスと組み合わせた QTL-seq および複合インターバルマッピングで解析したところ、染色体 2H に稔実歩合に関わる QTL (*qRP-2Hb*) が検出された。この QTL 領域には、雄性不稔に関わる F-box タンパク質と TIFY タンパク質をコードする遺伝子が含まれていることから、塩ストレス下で稔実歩合を維持することにこの領域が重要であると考えた。

Breeding Science 68: 561–570 (2018)

コリスミ酸シンターゼをコードする *Cscs* 遺伝子はキュウリの斑入り葉変異の候補遺伝子である

Wen Cao^{1,2)}・Yalin Du^{1,2)}・Chao Wang^{1,2)}・Lilin Xu^{1,2)}・Tao Wu^{1,2)}

(¹⁾Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Horticultural Crops (Northeast Region), Ministry of Agriculture, Northeast Agricultural University, China, (²⁾College of Horticulture and Landscape Architecture, Northeast Agricultural University, China)

斑入り葉は造園で頻繁に見られる遺伝現象である。本研究ではメタンスルホン酸エチルによってキュウリの斑入り葉変異系統 (*Csvl*) を見出した。野生型の植物体の葉は緑であったが、*Csvl* 変異系統は成長周期を通して緑-黄-白の斑入り表現型を示した。*Csvl* 変異系統の光合成色素の量と光合成能力は野生型よりも有意に低かった。細胞学的観察からは、*Csvl* 変異系統の葉肉細胞は損傷を受けた葉緑体を含むこと、遺伝分析からは斑入り葉変異は単一遺伝子に支配され、劣性遺伝することがわかった。MutMap 法とジェノタイピングの結果からは、コリスミ酸シンターゼをコードする *Csa6G405290* (*Cscs*) 遺伝子が

キュウリの斑入り葉変異の候補遺伝子と考えられた。また、斑入り葉変異系統の *Cscs* 遺伝子の遺伝子発現は野生型と類似していた。*Csvl* 変異系統のトランスクリプトーム解析による発現プロファイリングからは、熱ショックタンパク質やジンクフィンガーを持つタンパク質などをコードする 183 の候補遺伝子が斑入り葉の発生に関与し、*Cscs* 遺伝子はこれらの遺伝子と互いに影響しあい、キュウリの斑入り葉の表現型を制御している可能性が考えられる。

Breeding Science 68: 571–581 (2018)

国内プリント種トウモロコシ (*Zea mays* L.) の穂軸の紫着色に寄与するペルー品種「JC072A」の *Pl1* アリルの同定

米丸淳一^{1,2)}・三木一嘉^{3,4)}・崔 善熹²⁾・清沢敦志³⁾・後藤和美^{3,5)}

(¹⁾農研機構・次世代作物開発研究センター, (²⁾農業生物資源研究所, (³⁾長野県畜産試験場, (⁴⁾長野県農業試験場, (⁵⁾長野県野菜花き試験場)

紫トウモロコシはアントシアニンを多量に含むトウモロコシ (*Zea mays* L.) の 1 品種である。紫トウモロコシに含まれるア

ントシアニンにより乳牛の生乳生産量を低下させる酸化ストレスが軽減することが示唆されている。そこで、本研究では紫ト

ウモロコシのペルー品種「JC072A」と国内フリント種の「Ki68」（黄トウモロコシ）の交雑後代より作出されたF₂集団を用いて各植物器官のアントシアニン着色に関するQTL解析を行い、その遺伝様式を明らかにしようとした。その結果、第1～3、6および10染色体にアントシアニン着色に関与する合計17個の有意なQTLを検出した。そのうち、雌穂生重量の大半を占める穂軸のアントシアニン着色に関与する第6染色体に検出されたQTLについてさらに解析を行い、葯、小穂、葉鞘、苞葉のアントシアニン着色にも寄与する当該QTLの効果を異なる

2種のF₃集団によって検証した。当該QTLの候補遺伝子として *PI1* (*purple plant 1*) が予想されたが、「JC072A」の *PI1* のアミノ酸配列がアントシアニン着色の機能を持つアンデス品種型アリの *Pl-bol3* に類似していることはその予想を支持している。*PI1* アリルを識別するDNAマーカーの利用により、アントシアニン着色を示す穂軸を持つF₁品種育成の効率化が期待される。

Breeding Science 68: 582–586 (2018)

パンコムギ × スペルトコムギの交雑に由来する組換え自殖系統において同定された農業形質のQTLs

坂井祐希¹⁾・曹 良子^{1,2,3)}・舟田亮佑¹⁾・白石隆任¹⁾・吉川光貴¹⁾・前野耕平¹⁾・三浦秀穂¹⁾・大西一光¹⁾
(¹⁾帯広畜産大学, ²⁾岩手大学大学院・連合農学研究科, ³⁾中国黒竜江省農業科学院)

スペルトコムギ (*Triticum aestivum* subsp. *spelta*) は普通系コムギの亜種の一つであり、パンコムギ (*T. aestivum* subsp. *aestivum*) 育種のための遺伝資源となる。しかしながら、パンコムギ × スペルトコムギの交雑において農業形質の遺伝解析は十分に行われていない。本研究では、パンコムギ × スペルトコムギ由来の組換え自殖系統を用いてQTL解析を行った。小穂密度に関与する主要な遺伝子座である *Q* 座に加え、パンコムギに比べてスペルトコムギの対立遺伝子で小穂密度を増加させるQTL, *QSpd.obu-4D* が同定された。*QSpd.obu-4D* の効果はパンコムギの *Q* 対立遺伝子の存在下で表れることから、*q* 対立遺伝子を持つスペルトコムギでは潜在変異となることが示唆

された。種子長に安定した効果を持つ二つのQTLsが同定され、そのうちの一つ (*QGl.obu-1A*) はこれまでパンコムギ × スペルトコムギの交雑集団では同定されていなかった。*Vrn-B3* 領域において、晩生化の効果を持つスペルトコムギ対立遺伝子が *QHt.obu-7B* で見出され、出穂期制御のための新たな遺伝子供給源となると考えられた。さらに、スペルトコムギの持つ弱い種子休眠性に関与するQTLとして *QGi.obu-2B* が見出された。今後、有用QTLの探索と同定を進めることで、パンコムギ育種プログラムにおけるスペルトコムギの遺伝資源としての利用が促進されるものと考えられる。

Breeding Science 68: 587–595 (2018)

特定遺伝子座増幅断片シーケンシング (SLAF-seq) を用いたヒマワリ (*Helianthus annuus* L.) のオレイン酸含量と3つの農業形質の高密度遺伝連鎖地図の構築およびQTLマッピング

Fei Zhou^{1,2)}・Yan Liu^{1,2)}・Chunbo Liang²⁾・Wenjun Wang²⁾・Cen Li²⁾・Yongli Guo²⁾・Jun Ma²⁾・Ying Yu²⁾・Lijuan Fan²⁾・Yubo Yao²⁾・Dongsheng Zhao²⁾・Xuemei Liu¹⁾・Xutang Huang²⁾

(¹⁾College of Life Science, Northeast Forestry University, China, ²⁾Institute of Industrial Crops, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, China)

高密度遺伝連鎖地図は、植物における量的形質遺伝子座 (QTL) マッピング、ゲノムアセンブリ、およびマーカー選抜 (MAS) にとって特に重要である。この研究では、*Helianthus annuus* L. '86-1' と 'L-1-OL-1' との交配から得られたF₂集団の特定遺伝子座増幅断片シーケンシング (SLAF-seq) により、ヒマワリ (*Helianthus annuus* L.) の高密度遺伝連鎖地図を構築した。配列の前処理の後、総量 343,197 (そのうち 39,589 が多型であった) の SLAF を含む 530.50 M のリード (105.60 Gb) が得られた。多型性 SLAF のうち 6,136 は、2,221.86 cM にわたる 17 の

連鎖群 (LG) からなる連鎖地図に配置され、SLAF 間の平均遺伝距離は 0.36 cM であった。この高密度遺伝地図に基づいて、オレイン酸含量 (OAC)、植物の高さ (PH)、頭花の直径 (HD)、および茎の直径 (SD) の4つのヒマワリの表現形質に焦点を当てたQTL解析を行った。その結果、これらの4つの形質について、これらの形質に関する遺伝的要因の理解を高め、将来のマーカー選抜 (MAS) によるヒマワリ育種に有用である可能性が高い8つのQTLが検出された。

Breeding Science 68: 596–605 (2018)

アフリカイネ (*Oryza glaberrima* S.) の一穂粒数を制御する主要な量的形質遺伝子座 *qgnp7(t)* のファインマッピング

Zejun Hu^{1,2)} • Liming Cao³⁾ • Xuejun Sun^{1,2)} • Yu Zhu²⁾ • Tianyu Zhang⁴⁾ • Lin Jiang²⁾ • Yahui Liu²⁾ •

Siqing Dong²⁾ • Dayun Sun²⁾ • Jingshui Yang²⁾ • Haohua He¹⁾ • Xiaojin Luo²⁾

¹⁾Group of Crop Genetics and Breeding, Jiangxi Agricultural University, China, ²⁾State Key Laboratory of Genetic Engineering, Institute of Genetics, School of Life Sciences, Fudan University, China, ³⁾Institute of Crop Breeding and Cultivation, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, China, ⁴⁾Deng Jia Bu Rice Foundation Seed Farm of Jiangxi Province, China)

多数の量的形質遺伝子座 (QTL) によって制御される収量構成要素のなかで、一穂粒数は主要な要素の一つである。そのため、一穂粒数を制御する遺伝子の同定は、高収量のイネ育種では重要になる。アフリカイネ *Oryza glaberrima* の染色体断片置換系統 9IL188 系統の穂の大きさは、戻し交雑反復親の 9311 系統よりも有意に小さい。9IL188 系統と 9311 系統との交配による F₂ 集団の QTL 解析から、F₂ 集団の表現型変異は第 7 染色体の短腕に座乗する主要な QTL の *qgnp7(t)* に起因することがわかった。*qgnp7(t)* のファインマッピングはヘテロ接合型 F₂ 植物に由来する 2250 個体からなる大規模 F₃ 集団を用いて行った。また、F₄ 組換え系統の複数家系を用いて、稈長、穂長、一穂粒数の形質評価も行った。2 段階の置換マッピングにより、

qgnp7(t) は遺伝子データベースによりアノテーションされた 8 個の遺伝子が含まれる 41 kb の領域に位置付けられた。準同質遺伝子系統の NIL-*qgnp7* および NIL-*qGNP7* の表現型評価では、*qgnp7(t)* は植物の形と穂構造に多面的な効果を持つことが明らかになった。さらに、準同質遺伝子系統の収量予測から、9311 系統由来の *qGNP7(t)* は有益な対立遺伝子であることが示唆された。我々の結果は *qgnp7(t)* の遺伝子単離のための土台を提供するとともに、この QTL を挟む分子マーカーは、アフリカイネの育種計画で重要な対立遺伝子をマーカー選抜するための有益なツールになるであろう。

Breeding Science 68: 606–613 (2018)

タイ国において設置された野生イネ (*Oryza rufipogon* Griff.) の自生地保全区における高度な遺伝的母系多様性

Reunreudee Kaewcheenchai¹⁾ • Udompan Promnart²⁾ • Kasem Soontrajarn³⁾ • Somsong Chotechuen⁴⁾ •

Songkran Chitrakon⁴⁾ • 結城穂奈美⁵⁾ • 斎藤聖也⁵⁾ • 佐藤洋一郎⁶⁾ • 石川隆二⁵⁾

¹⁾Suphan Buri Rice Research Center, Bureau of Rice Research and Development, Rice Department, Thailand, ²⁾Prachin Buri Rice Research Center, Bureau of Rice Research and Development, Rice Department, Thailand, ³⁾Pathum Thani Rice Research Center, Bureau of Rice Research and Development, Rice Department, Thailand, ⁴⁾Bureau of Rice Research and Development, Rice Department, Thailand, ⁵⁾弘前大学, ⁶⁾京都府立大学)

野生イネは栽培イネの品種改良にとって重要な遺伝資源であるが、集団サイズとともに集団数も減少している。タイ国では野生イネの研究が盛んに行われており、多年生の野生イネが優占する生息域に 2 つの自生地保全区が設定されている。そこで同自生地保全区における野生イネ集団の葉緑体および核ゲノムの集団遺伝構造を調査した。葉緑体の INDEL マーカーを作出するために、保全区の 1 系統のリシークエンスを行い、日本晴の葉緑体ゲノムと比較した。作出した INDEL マーカーは、他の野生イネ系統に比べると自生地保全区の集団では特徴的な母

系の家系構造を示した。野生イネの多様な遺伝変異はゲノムに散在するように配置した SSR マーカーによっても検出された。3 つの野生集団は相互に異なり、かつ 1 集団内でも多様性が認められた。一つの自生地保全区集団内の分集団は複雑な集団構造を示し、それは集団サイズが比較的大きく維持されていた時に複数の母系と比較的多数のハプロタイプが存在したことによると考えられる。このような高いヘテロ接合性の集団はイネ育種にとって特徴的な遺伝子源になるであろう。

Breeding Science 68: 614–621 (2018)

トウモロコシにおける収穫期の穀粒含水量に関するゲノムワイド関連解析

Guangfei Zhou¹⁾・Derong Hao¹⁾・Lin Xue^{1,2)}・Guoqing Chen^{1,2)}・Huhua Lu¹⁾・Zhenliang Zhang¹⁾・Mingliang Shi¹⁾・XiaoLan Huang¹⁾・Yuxiang Mao¹⁾

(¹⁾Jiangsu Yanjiang Institute of Agricultural Sciences, China, (²⁾Jiangsu Collaborative Innovation Center for Modern Crop Production, China)

収穫期の穀粒含水量 (kernel moisture content at harvest stage: KMC) は、特に機械による収穫の場合、トウモロコシ生産に影響を及ぼす主要因子である。筆者らは、2カ所の野外試験地で表現型が評価された144のトウモロコシ近交系から成る関連解析集団を用いて、KMCの遺伝的基礎情報を調査した。KMCと他の農業形質との間に有意な正または負の相関が確認され、KMCがそれらの形質と関連していることが示された。表現型値とトウモロコシ SNP3K ビーズチップ (Maize SNP3K Beadchip) を組み合わせたゲノムワイド関連解析により、混合線形モデル (PCA+K) にて $P \leq 0.001$ の水準で KMC に関連する8つの一塩基多型 (single nucleotide polymorphisms: SNPs) が

明らかにされた。これらの有意な SNPs は、第1、第5、第8および第9染色体に分布する5つの量的形質遺伝子座 (quantitative trait loci: QTLs) に変換することができた。これらの QTLs のうち3つは、以前に報告されたゲノム領域と同様の場所に検出された。有意な SNPs に対応する対立遺伝子の表現型値に基づいて、望ましい対立遺伝子を抽出した。低 KMC かつ望ましい対立遺伝子を持つ8つのトウモロコシ近交系が同定された。これらの QTLs および低 KMC の優良トウモロコシ近交系は、トウモロコシの育種に有用である。

Breeding Science 68: 622–628 (2018)

ノート

細胞培養によるそうか病抵抗性を強化したバレイショ変異体の作出は、日本で育成した品種に適用可能であるが、植物毒素サクストミン A を用いる効果は限定的である

富田謙一^{1,2)}・藤田涼平^{1,3)}

(¹⁾北海道立総合研究機構農業研究本部北見農業試験場作物育種グループ、(²⁾北海道立総合研究機構農業研究本部十勝農業試験場小豆菜豆グループ、(³⁾北海道立総合研究機構農業研究本部上川農業試験場地域技術グループ)

元品種の持つ望ましい農業形質を保持したまま、そうか病抵抗性を強化したバレイショ変異体を作成するため、そうか病徴を引き起こす主要な植物毒素であるサクストミン A を用いる細胞培養技術を用いた。日本で育成したバレイショ品種「さやあかね」から24個の変異体を作成し、それらをプランターに入れたそうか病菌接種土壌およびそうか病汚染圃場で栽培することにより、そうか病抵抗性の強化された2個体を選抜した。また、温室内の検定で発病度もしくは発病率の低かった変異体からマイクロチューバーを作成し、それらの毒素耐性を調べたところ、元品種との間に有意な差が認められなかった。そこで、

サクストミン A を用いることの効果を明らかにするため、プランターに入れたそうか病菌接種土壌で栽培した変異体の発病度を比較することで、そうか病抵抗性が強化された可能性のある個体の作出効率を調べた。その結果、毒素を含む培地と含まない培地で作出した変異体の間に、有意な差が認められなかった。これらの結果から、選抜圧として毒素を用いることの効果は限定的で、主たる抵抗性強化の変異は細胞培養過程自体で生じることが示唆された。

Breeding Science 68: 629–638 (2018)