

原著論文

NGS データを用いたサゴヤシの SSR の検出とマーカー開発

Devit Purwoko¹⁾・Imam Civi Cartealy¹⁾・Teuku Tajuddin¹⁾・Diny Dinarti²⁾・Sudarsono Sudarsono²⁾

(¹⁾Laboratory for Biotechnology, Agroindustrial Technology and Biotechnology, Agency for Assessment and Application of Technology, Indonesia, ²⁾Plant Molecular Biology Laboratory, Department of Agronomy and Horticulture, Bogor Agricultural University, Indonesia)

サゴヤシ (*Metroxylon sagu* Rottb.) は最も炭水化物を生産する作物の 1 つである。残念なことにサゴヤシの遺伝解析に関する情報は限られている。本研究ではサゴヤシの NGS ゲノムデータを用いて単位配列繰り返し (SSR) マーカーを開発すること、およびこれらのマーカーを用いてインドネシア由来のサゴヤシの遺伝的変異を評価することを目的とする。サゴヤシのゲノムデータの一部を用いたデノボアセンブリと続く SSR の探索により、31,659 の完全 SSR 座を含む 29,953 のコンティグと 33,576 の不完全 SSR 座を含む 31,578 コンティグを同定した。完全 SSR 座の密度は 132.57/Mb で AG, AAG および AAAT が最も高い頻度で出現したモチーフだった。500 の完全 SSR 座を

ランダムに選び SSR プライマーを設計したところ、93SSR プライマーペアが同定できた。イネゲノム配列を用いたシニエー解析の後、20 プライマーペアを用いて 11 のサゴヤシ系統の評価を行ったところ、7 プライマーが多型アレルを検出した。多型 SSR 座を用いたインドネシア由来の 41 サゴヤシ系統の遺伝的多様性解析の結果、3 つのクラスターが形成された。これらの結果はサゴヤシの NGS データを用いた SSR の同定とマーカー開発が成功したことを示しており、将来のサゴヤシ育種に役立つマーカーとして利用できる。

Breeding Science 69: 1–10 (2019)

ブラジルおよび日本のモモ品種・系統後代の実生集団におけるせん孔細菌病抵抗性の遺伝

末貞佑子^{1,2)}・山田昌彦³⁾・澤村 豊¹⁾・安達栄介^{1,4)}・八重垣英明¹⁾・山口正己^{1,5)}・山本俊哉^{1,2)}

(¹⁾農研機構・果樹茶業研究部門, ²⁾筑波大学大学院・生命環境科学研究科, ³⁾日本大学・生物資源科学部, ⁴⁾現:山形県庁, ⁵⁾現:東京農業大学・農学部)

せん孔細菌病 (*Xanthomonas arboricola* pv. *pruni* によって引き起こされる) は、モモの栽培において制御が難しい重要病害であり、感受性の遺伝様式は明らかになっていない。27 の完全兄弟家系の 514 個体の実生とその交雑親について、圃場における枝への人工付傷接種を行い、病斑長値 (LLV) によってせん孔細菌病に対する感受性を評価した。‘チャリッタ’を含むブラジル品種とそれらに由来する系統は、0.302 ~ 0.490 に分布する LLVs を示し、LLVs が 0.514 ~ 1.295 の範囲である日本の品種・系統と比べて顕著に低い値を示した。ブラジル品種・系統 (低 LLVs) と他の品種・系統 (高 LLVs) を交雑した後代の

家系平均は、かなり低い LLV を示し、ブラジル品種・系統親の値に近かった。これらの結果は、感受性が単一の主要な遺伝子によって制御され、ブラジルおよび日本の品種・系統親はそれぞれ優性および劣性ホモ型であることを示唆した。対照的に、日本品種同士の交雑に由来する実生集団において、家系平均の LLV は、0.746 ~ 1.194 と非常に高い値であった。ブラジル品種・系統と果実品質の高い日本品種・系統との繰り返し戻し交雑が、日本においてせん孔細菌病抵抗性と高果実品質をあわせもつ新品種の効率的な開発方法であると提案された。

Breeding Science 69: 11–18 (2019)

RNA-Seq および RAD-Seq のスキャンによる、スギの雄性不稔遺伝子 (*MSI*) に連鎖した近傍の SNP マーカーの開発

上野真義¹⁾・内山憲太郎¹⁾・森口喜成²⁾・伊原徳子¹⁾・松本麻子¹⁾・魏 甫錦¹⁾・斎藤真己³⁾・樋口有未⁴⁾・二村典宏¹⁾・金森裕之⁵⁾・片寄裕一⁵⁾・津村義彦^{1,6)}

(¹⁾ 国立研究開発法人森林研究・整備機構森林総合研究所, (²⁾ 新潟大学大学院・自然科学研究科, (³⁾ 富山県農林水産総合技術センター森林研究所, (⁴⁾ (元) 新潟県森林研究所, (⁵⁾ 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構, (⁶⁾ 筑波大学・生命環境系)

スギは主要な日本の林業樹種である。スギの雄性不稔は劣性遺伝により引き起こされ、花粉発生に障害を生じ、結果として花粉を飛散しない。スギ花粉は花粉症を引き起こすため花粉が出ないスギの育種が望まれている。本研究では、RNA-Seq と RAD-Seq の解析により雄性不稔遺伝子 (*MSI*) から、それぞれ 1.78 cM および 0.58 cM に位置する一塩基多型 (SNP) マーカーを同定した。*MSI* に密接に連鎖する SNP は、まず MutMap 法に類似する方法で全体を走査した。次に、マーカー配列と *MSI* との間の連鎖の程度を表す指数を計算した。指数をもとに選ば

れた SNP マーカーを連鎖解析したところ、*MSI* 周辺の部分連鎖地図を極めて効率よく作成できることが確かめられた。*MSI* に最も密に連鎖する SNP を対象に、共優性マーカーになるようにアレル特異的 PCR 法のプライマーペアを開発した。PCR 産物をアガロースゲルで可視化することで雄性不稔となるスギを迅速にスクリーニングすることができる。本研究で開発されたアレル特異的プライマーは、雄性不稔スギの選抜方法を確立するのに有用である。

Breeding Science 69: 19–29 (2019)

異なる果実成熟段階において検出されたトウガラシのカプサンチン含量を制御する QTL

小西あや子¹⁾・古谷規行^{1,4)}・南山泰宏²⁾・大山暁男³⁾

(¹⁾ 京都府農林水産技術センター生物資源研究センター, (²⁾ 京都教育大学・環境教育実践センター, (³⁾ 農研機構・野菜花き研究部門, (⁴⁾ 現: 京都府丹後農業改良普及センター)

赤トウガラシ果実の主要なカロテノイドであるカプサンチンは、人間の健康にとって有用な成分である。マーカー選抜により高カプサンチン含量のトウガラシを育成するため、遺伝資源系統「S3586」と品種「京都万願寺2号」の交配に由来する倍加半数体 (DH) 系統群の連鎖地図を作成した。連鎖地図 SM-DH は 15 の連鎖群から成り、全長 1403.8 cM であった。カプサンチン含量に関する QTL は、開花後 90 日目の果実の解析では連鎖群 13 上に検出され (*Cst13.1*)、開花後 45 日目の果実の解析では連鎖群 15 上に検出された (*Cst15.1*)。 *Cst13.1* と

Cst15.1 の寄与率はそれぞれ 17.0% と 16.1% であった。 *Cst13.1* と *Cst15.1* 近傍マーカーの遺伝子型で DH 系統をグループ分けしたところ、 *Cst13.1* と *Cst15.1* の両方で「S3586」型のアレルを持つ DH 系統は、いずれの成熟期においてもその他の DH 系統より高いカプサンチン含量を示した。本研究は、植物におけるカプサンチン含量に関与する QTL 検出の最初の報告であり、得られた結果は、高カプサンチン含量のトウガラシを育成するために有用と考えられる。

Breeding Science 69: 30–39 (2019)

トビイロウンカ抵抗性遺伝子 *Bph3* の分子マーカー開発とマーカー利用選抜による優良イネ品種への導入

Dongjin Qing¹⁾・Gaoxing Dai²⁾・Weiyong Zhou²⁾・Suosheng Huang³⁾・Haifu Liang²⁾・Lijun Gao¹⁾・Ju Gao¹⁾・Juan Huang¹⁾・Meng Zhou²⁾・Rentian Chen²⁾・Weiwei Chen²⁾・Fengkuan Huang³⁾・Guofu Deng⁴⁾

(¹⁾Guangxi Crop Genetic Improvement and Biotechnology Laboratory, Guangxi Academy of Agricultural Science, China, (²⁾Rice Research Institute, Guangxi Academy of Agricultural Science, China, (³⁾Plant Protection Research Institute, Guangxi Academy of Agricultural Science, China, (⁴⁾Guangxi Academy of Agricultural Science, China)

トビイロウンカ (brown planthopper: BPH) は、イネの重大な害虫であり、イネの生産に大きな脅威となる。新たな BPH

抵抗性遺伝子の同定およびイネの現代品種への導入は、BPH による被害を軽減するために効果的な育種戦略である。本研

究では、インディカ型イネ品種「BP60」の4番染色体短腕上の2つのInDelマーカー4M03980および4M04041に挟まれた50 kbのゲノム範囲にBPH抵抗性遺伝子をマップしたが、その位置にはLiuら(2015)によって「Rathu Heenati」由来のBPH抵抗性遺伝子がマップされ、「*Bph3*」と命名されている。この領域は、BPH抵抗性の原因であるレクチン受容体キナーゼをコードするとされている2つの遺伝子*Os04g0201900*および*Os04g0202300*を含んでいる。筆者らは、*Bph3*のための分子マーカー「MM28T」を開発して、マーカー利用選抜(marker-assisted

selection: MAS)により*Bph3*を感受性イネ回復系統「Guihui582」および「Gui7571」に導入した。*Bph3*導入系統においてはBPH抵抗性レベルが有意に強化され、抵抗性スコアは「Guihui582」については8.2から3.6に、Gui7571については8.7から3.8になった。したがって、BPH抵抗性遺伝子*Bph3*の分子マーカーを開発し、それらを分子育種に用いることにより、BPH抵抗性イネ品種の作製が容易になり、BPHによる被害を軽減することが可能となる。

Breeding Science 69: 40–46 (2019)

Brassica rapa L. の種皮色を制御する主要な QTL とマイナー QTL の同定と検証

Yinghuan Zhang¹⁾・Yunxia Sun¹⁾・Junpeng Sun²⁾・Hui Feng¹⁾・Yugang Wang¹⁾

(¹)College of Horticulture, Shenyang Agricultural University, China, ²Liaoning Dongya Seed Limited Company, China)

種皮色は*Brassica rapa*の重要な農業形質である。黄色の種皮は、油糧用のアブラナ属作物を育種する上で求められる形質である。*B. rapa*の種皮色を決定する量的形質遺伝子座(QTL)を同定するために、黄色種皮の*B. rapa* L. ssp. *dichotoma*のrapid-cycling (RcBr) 系統09A001と茶褐色種皮の結球ハクサイ自殖系統08A061との交雑に由来する組換え自殖系統群(RILs)を用いて解析した。2つの表現型評価法を用いることで、4つの染色体A03, A06, A08, A09に分布する9つのQTLが検出され、それらの寄与率は3.17%~55.73%であった。これらQTL

の効果を確認するため、08A061に由来する候補QTLをもつ染色体部分置換系統(CSSLs)を選抜し、2つの共存するQTL, *qSC9.1*と*qSCb9.1*および1つのマイナーQTL, *qSC3.1*について検証された。効果の確認された染色体A03上のQTLは、*B. rapa*の種皮色に関わる新たな遺伝子座であると考えられる。これらの結果は、*B. rapa*の種皮色形質の複雑な遺伝的機構の説明の一助となる知見をもたらす。

Breeding Science 69: 47–54 (2019)

2つの灌漑体制の下での CIMMYT WPHYSGP ナーサリー系統と地域コムギ品種の表現型と評価

Yueqiang Zhang^{1,2)}・Zhong Wang²⁾・Zheru Fan²⁾・Jianfeng Li²⁾・Xin Gao²⁾・Hongzhi Zhang²⁾・Qi Zhao²⁾・Zhaoying Wang³⁾・Zhiyong Liu⁴⁾

(¹)College of Agronomy & Biotechnology, China Agricultural University, China, ²Institute of Nuclear and Biological Technologies, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Crop Ecophysiology and Farming System in Desert Oasis Region, Ministry of Agriculture, China, ³Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, China, ⁴State Key Laboratory of Plant Cell and Chromosome Engineering, Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, China)

形態学的および生理学的形質の正確な評価は、異なる生育条件にわたって安定で高い収量を示すコムギ(*Triticum aestivum* L.)品種の選抜にとって重要である。コムギの高収量、高穀粒品質および乾燥耐性に基づく選択指数を使用するために、145個のCIMMYTコムギ生理学的遺伝資源(WPHYSGP)スクリーニングナーサリー系統および7つの春コムギ在来品種の表現型と生理学的および収量形質についての評価を2011年と2012年に中国の新疆で実施した。その結果、乾燥ストレスは樹冠温度(キャノピー温度)を有意に上昇させ、穀粒収量、穂当たり穀粒重量、開花および穀粒充実段階での正規化植生指数、穀粒充実段階でのクロロフィル含量、穀粒のふくよかさ、穂当たりの粒数、1000粒重、および草丈を低下させた。穂当たりの穀粒重、

草丈および穀粒のふくよかさは、無ストレス条件下での穀粒収量の総表現型の変動の61.8%を説明し、そこではそれらは穀粒収量に最も密接に関連する主要な要因であった。乾燥ストレス条件下では、穀粒充実段階でのキャノピー温度、草丈および穀粒のふくよかさは穀物収量に影響を与える3つの主要な要因であり、穀物収量の総表現型分散の44.8%に寄与していた。最後に、2年間の試験で無ストレスおよび干ばつストレス条件下で適切な草丈と安定した高い収量を持つ3つの地域品種‘Xinchun 11’、‘Xinchun 23’および‘Xinchun 29’を含む10の遺伝子型が、中国の新疆における春コムギ乾燥耐性育種のための中心的な親品種として同定されそして推薦され得るものである。

Breeding Science 69: 55–67 (2019)

イネにおける 10 個のいもち病抵抗性遺伝子座を対象とする迅速な DNA ジェノタイプピングシステム

北澤則之¹⁾・正村純彦¹⁾・水林達実¹⁾・安藤 露¹⁾・永田和史^{1,3)}・林 長生²⁾・高橋 章²⁾・山内歌子¹⁾・福岡修一¹⁾

(¹⁾農研機構・次世代作物開発研究センター, ²⁾農研機構・生物機能利用研究部門, ³⁾現:弘前大学大学院・医学研究科アクティブライフプロモーション学研究講座)

病原菌 *Pyricularia oryzae* は、イネ (*Oryza sativa* L.) の深刻な病害いもち病を引き起こす。したがって、いもち病抵抗性の改良はイネの育種において重要である。抵抗性の個体の選抜には接種検定が使われるが、DNA マーカーを用いた選抜が新たな指標となってきた。抵抗性遺伝子座のなかには複対立遺伝子を含むものがあり、日本のイネ育種におけるレース特異的な抵抗性のための包括的な DNA マーカーシステムはない。そこで、我々は Fluidigm SNP ジェノタイプピングを基盤として利用して 10 個のレース特異的ないもち病抵抗性遺伝子座のための 96 セットの一塩基多型 (SNP) マーカーを特定した。次に、369 品種における 24 種類の抵抗性対立遺伝子の有無を評価するためにこれらのマーカーを利用したところ、日本型イネ品種

では 93.5% が接種検定に基づく遺伝子型と一致した。この評価システムはインド型イネの遺伝背景を持つ多収稲品種にもうまく適用できた。この評価システムは密接に連鎖する *Pita* および *Pita-2* 座の抵抗性対立遺伝子を識別でき、*Pita-2* 座で抵抗性対立遺伝子を持つ供試品種の全てが *Pita* 座でも抵抗性対立遺伝子を持つことを確認した。我々は 10 個のいもち病抵抗性遺伝子座を対象とする Indel (挿入/欠失) マーカーも開発した。SNP と Indel マーカーを組み合わせることは、イネ育種においてレース特異的ないもち病抵抗性の正確かつ効率的な選抜戦略となる。

Breeding Science 69: 68–83 (2019)

気温と日長に基づくツルマメ (*Glycine soja*) 5 系統の開花モデリングとその緯度的勾配

大東健太郎¹⁾・水口亜樹²⁾・中谷敬子³⁾・吉村泰幸¹⁾・松尾和人⁴⁾

(¹⁾農研機構・農業環境変動研究センター, ²⁾福井県立大学, ³⁾農研機構・西日本農業研究センター・⁴⁾石川県立翠星高等学校)

遺伝子組換えダイズ (*Glycine max* (L)) からツルマメ (*Glycine soja* Sieb. et Zucc.) への遺伝子流動は、ツルマメの遺伝的多様性への脅威となりうる。開花の同調性は異種間交雑が起こる上での重要な条件であるが、ツルマメの開花フェノロジーはダイズに比べ、あまり研究が進んでいない。本研究では、日本列島の緯度の異なる 5 地域 (北緯 31.4–42.6 度) から採取したツルマメ系統を日長と温度を制御した温室で栽培し、観察された開花開始日のデータに基づいて、ツルマメの開花開始日を予測するためのモデルを開発した。本研究で示したモデルは、自然環

境下でのツルマメの開花開始日を、5 地域の平均で -1.8 日 (-8 日から +5 日) の誤差で予測することが可能であった。供試したツルマメ系統の日長反応性には、長日条件下で特に顕著な緯度的勾配が見られた。また日本列島の南部から採取した系統の開花には、短日条件下であってもより高い気温が必要であり、北部から採取した系統の日長反応性は弱かった。本研究で示された結果は、今回は検証していないツルマメ系統に関しても、緯度に応じた開花予測ができる可能性を示している。

Breeding Science 69: 84–93 (2019)

陸稲 New Rice for Africa (NERICA) における根の発達に関連した遺伝変異と QTL

小原実広¹⁾・福田善通²⁾・柳原誠司¹⁾

(¹⁾国際農林水産業研究センター・生物資源・利用領域, ²⁾国際農林水産業研究センター・熱帯・島嶼研究拠点)

陸稲 New Rice for Africa (NERICA) 18 品種の根の発達に関連した形質 (総根長, 最長な根の長さ, 根数) の遺伝変異を明らかにするために、2 種類の窒素形態 (アンモニア態窒素と硝酸態窒素) を 2 種類の濃度 (欠乏な状態と豊富な状態) に

調整された水耕液を用いて幼植物が栽培された。NERICA の親であるアフリカ稲 CG14 (*Oryza glaberrima* Steud.) は、同じく NERICA の親であるアジア稲 3 品種 (*Oryza sativa* L.) よりも総根長と最長な根の長さが長かった。18 品種の NERICA において、

総根長、最長な根の長さ並びに根数は広い変異を示した。2種類の窒素形態を2種類の濃度で水耕栽培した、幼植物の根の発達に関連した形質に基いて、18品種のNERICAと親は、3つのクラスターに分類された。クラスターIaは、CG14のみが含まれた。NERICA7を含むクラスターIbは根の伸長が活発な特徴を示し、アジア稲WAB56-104を含むクラスターIIは根の原基の発達が活発な特徴を示した。WAB56-104とNERICA7に由来するF₂個体を用いたQTL解析から、根の伸長に関するQTL

が第1染色体に2個検出された。このうち、*qRL1.4-NERICA7*と名付けた主要なQTLはアンモニア態窒素に応答する特徴があるとともに、F₇系統を用いた後代検定から0.7 Mbpの領域に位置付けられた。*qRL1.4-NERICA7*はNERICAの根の伸長に関する遺伝的支配の解明に有効であるとともに、イネ育種における根の伸長の改良に有効であると考えられた。

Breeding Science 69: 94–103 (2019)

ゲノムワイドなQTLマッピングによるナタネ (*Brassica napus* L.) の収穫指数および関連形質の遺伝的解剖

Hongbo Chao^{1,4)}・Nadia Raboanatahiry¹⁾・Xiaodong Wang^{1,5)}・Weiguo Zhao^{1,3)}・Li Chen¹⁾・Liangxing Guo¹⁾・Baojun Li³⁾・Dalin Hou¹⁾・Shi Pu¹⁾・Lina Zhang¹⁾・Hao Wang³⁾・Baoshan Wang²⁾・Maoteng Li^{1,4)}

¹⁾Department of Biotechnology, College of Life Science and Technology, Huazhong University of Science and Technology, China, ²⁾College of Life Science, Shandong Normal University, China, ³⁾Hybrid Rapeseed Research Center of Shaanxi Province, Shaanxi Rapeseed Branch of National Centre for Oil Crops Genetic Improvement, China, ⁴⁾Hubei Key Laboratory of Economic Forest Germplasm Improvement and Resources Comprehensive Utilization, Hubei Collaborative Innovation Center for the Characteristic Resources Exploitation of Dabie Mountains, Huanggang Normal University, China, ⁵⁾Key Laboratory of Cotton and Rapeseed, Ministry of Agriculture, Institute of Industrial Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, China)

収穫指数 (HI) は全バイオマスに対する種子収量の比率であり、作物の収穫可能部の収量を表す。ナタネのHIは他の経済的に重要な作物と比べて低く、この問題に対する関連研究は限られていた。本研究では、11の関連形質の表現型解析によって、HIの複雑性と高いHIを持った望ましい品種の栽培の可能性を示した。高密度遺伝地図に基づいたQTLマッピングによって、160のQTL、163のHIに関するエピスタシス座の組み合わせ、緊密な関連を持つ3つの形質である種子収量 (SY)、バイオマス収量 (BY) および草丈 (PH) がHI、SY、PHに関する2か所、5か所および3か所の主要なQTLをそれぞれ含むこと、

を示した。これらQTLおよびエピスタシス座に存在するコード領域に変異を持つ関連候補遺伝子が同定および解析され、この中には、側生の枝分かれに関する負の調節因子として機能する*OsTb1*と相同な*BnaA02g14010D*、穀粒幅と粒重を制御する*OsGW2*と相同な*BnaA02g18890D*が含まれた。HIと関連形質の複雑な相関、多数のQTLとエピスタシス座、および本研究で同定された候補遺伝子は、HIの遺伝的構造に新しい洞察を与えるものであり、ナタネの収量改善のための効率的育種戦略をさらに高めるかもしれない。

Breeding Science 69: 104–116 (2019)

ペチュニアおよびカリブラコア花卉のカロテノイドに関する比較

岸本早苗¹⁾・小田 (山溝) 千尋^{1,2)}・大宮あけみ¹⁾

¹⁾農研機構・野菜花き研究部門, ²⁾日本学術振興会特別研究員)

ペチュニア (*Petunia hybrida*) は幅広い花色を持つ重要な園芸植物の一つである。少量のカロテノイドを花卉に含む淡黄花品種は流通しているが、濃い黄色の品種は存在しない。なぜペチュニア花卉には濃黄色花色を示すのに充分な量のカロテノイドが蓄積しないのかを明らかにするために、私たちはペチュニアの淡黄花とペチュニアの近縁植物であるカリブラコア (*Calibrachoa hybrida*) の濃黄花のカロテノイド分析およびカロテノイド代謝系酵素遺伝子の発現解析を行い、これらを比較した。ペチュニアとカリブラコア花卉のカロテノイド組成はほぼ同様であったが、ペチュニア花卉におけるカロテノイド量および総キサントフィルに対するエステル体キサントフィルの割合はカリブラコアに比べ非常に低かった。ペチュニアにおいては

シス体キサントフィルよりもトランス体キサントフィルのほうがエステル化率が低かったことから、ペチュニアのキサントフィルエステル化酵素 (XES) は、ペチュニア花卉にシス体キサントフィルよりも多く含まれているトランス体キサントフィルに対する基質特異性が低いことが推測された。ペチュニアはカリブラコアに比べ、カロテノイド生合成の鍵酵素をコードする遺伝子の発現は低く、分解関連酵素遺伝子の発現は高かった。また、ペチュニアでのXES遺伝子の発現は著しく低かった。以上のことから、低い生合成活性、高い分解活性、および低いエステル化活性がペチュニア花卉におけるカロテノイド低蓄積量の原因となっていると推測された。

Breeding Science 69: 117–126 (2019)

長日条件下における *Ghd7* および *OsPRR37* による出穂遺伝子 *Hd1* の遺伝的効果の転換

藤野賢治¹⁾・山内歌子²⁾・野々上慈徳²⁾・小原真理¹⁾・矢野昌裕²⁾

(¹⁾ 農研機構・北海道農業研究センター, ²⁾ 農研機構・次世代作物開発研究センター)

植物における開花時期の制御は生物種の生育域を決める主要な要因である。日長は光周期経路によって認識され、開花を誘導する重要な因子である。長日植物であるシロイヌナズナの *GIGANTEA (GI)-CONSTANS (CO)-FLOWERING LOCUS T* モジュールは広く植物種に保存されており、短日植物のイネにも *OsGI-Heading date 1 (Hd1)-Heading date 3a* として保存されている。シロイヌナズナ *CO* のイネ相同性遺伝子 *Hd1* は、二重の開花調節機能を持ち、短日条件で開花を促進し、長日条件で開花を遅延する。本研究では、長日で開花抑制する 3 遺伝子、*Hd1*, *Grain number, plant height and heading date 7 (Ghd7)*, お

よび *Oryza sativa Pseudo-Response Regulator37 (OsPRR37)* の遺伝子間相互作用を明らかにした。分離比検定、準同質遺伝子系統の評価および形質転換を含む開花時期に関する遺伝解析を行い、*Hd1* 遺伝子は、*Ghd7* と *OsPRR37* が機能欠損したイネにおいて、開花誘導の短日条件および非誘導の長日条件で、開花を促進することを明らかにした。機能型の *Ghd7* と *OsPRR37* 遺伝子は、長日条件において *Hd1* 遺伝子の機能を開花促進から開花遅延に転換する可能性がある。

Breeding Science 69: 127–132 (2019)

ベル型甘味トウガラシ (*Capsicum annuum* L.) の辛味欠失の原因となる新規機能欠損型 *pAMT* アリル *pamt*¹⁰ の発見

鶴巻啓一¹⁾・笹沼恒男^{1,2)}

(¹⁾ 岩手大学大学院・連合農学研究科, ²⁾ 山形大学・農学部)

辛味はトウガラシ (*Capsicum* spp.) を特徴付ける形質であり、*Pun1* と *pAMT* という 2 つの遺伝子が辛味の有無を決定する要因であることが知られている。今日まで、日本でピーマン、パプリカと呼ばれるような甘味ベル型品種は全て、同一の *Pun1* 変異型アリルの *pun1* を持つと考えられており、*pAMT* 遺伝子の変異により辛味を欠失した品種は非ベル型トウガラシでのみ発見されていた。本研究では、ベル型甘味品種の甘味欠失が本当に一元的なものであるかどうかを再検証し、新たな遺伝資源を探索するため、26 品種のベル型甘味トウガラシを用い *pun1* アリルを持つかどうかを調べた。その結果、外見的には普通のありふれた甘味品種である‘カラーピーマンイエロー’は、甘味の表現型を持つにもかかわらず正常型の *Pun1* を持っていた。

シーケンシングと連鎖解析の結果、‘カラーピーマンイエロー’は、*pAMT* 遺伝子の第 11 エキソンに終止コドンを生じる塩基置換を持つ新規の変異型アリル *pamt*¹⁰ を持ち、それが原因で辛味を失っていることが分かった。これは、ピーマンやパプリカのようなベル型甘味トウガラシ品種で初めての変異型 *pAMT* の発見である。ベル型甘味品種において *pAMT* 変異型品種が見つかったことにより、さらに多くの変異型 *pAMT* が気付かれないまま他のベル型甘味品種に存在している可能性が示唆された。本研究における辛味欠失の新たな遺伝的要因の発見は、ベル型甘味トウガラシの遺伝的多様性の拡大に貢献するものとなるだろう。

Breeding Science 69: 133–142 (2019)

Oryza rufipogon アクセション ‘W0120’ に由来するイネの柱頭露出率に関する優性 QTL の検出

Bakti Citra^{1,2)}・田中淳一^{1,3)}

(¹⁾ 筑波大学・生命環境科学研究科, ²⁾ Padjadjaran 大学, インドネシア, ³⁾ 農研機構・次世代作物開発研究センター)

柱頭露出は、イネの他殖による稔性を高める。この特性の優性遺伝子は、自殖性であるイネにおいて、雄性不稔を利用した新しい他殖ベースの育種システムの効果的な適用に重要と考えられる。柱頭露出性の減少は栽培化形質であることから、

我々は柱頭露出性に関する遺伝子や QTL の有力なドナーとして、イネの野生種をスクリーニングした。in silico イメージベースのスクリーニングにより、*Oryza rufipogon* のアクセション ‘W0120’ を選択した。日本型イネ品種 ‘あきだわら’ と ‘W0120’

の交配に由来する単一の F_1 個体を F_2 および BC_1F_1 集団の作出に用いた。 F_2 集団 114 個体を用いた QTL 解析の結果、第 2、第 3、第 4、第 8 および第 11 染色体上に QTL を検出した。第 3 および第 8 染色体上の主要な QTL のみが高い優性効果を示した。一方、柱頭露出性に関する遺伝子としてよく知られる *GS3* 近傍には、QTL は検出されなかった。 BC_1F_1 集団 188 個体を用

いたこれらの QTL の検証は、これらの優性効果の明確な証拠をもたらした。2 つの QTL に最も近いマーカーの遺伝子型は、籾の長さにも関係していた。これらの 2 つの QTL を担う遺伝子は、イネの他種ベースの育種を改善する有望なツールであると期待される。

Breeding Science 69: 143–150 (2019)

日本の東北地域における有限伸育型から半無限伸育型への改変がダイズの収量および耐倒伏性に及ぼす影響

加藤 信¹⁾・佐山貴司²⁾・田口 (塩原) 文緒³⁾・菊池彰夫¹⁾・石本政男³⁾・Elroy Cober⁴⁾

(¹⁾農研機構・東北農業研究センター、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、⁴⁾カナダ農務・農産食品省オタワ研究開発センター)

無限伸育型は、莢数が多く、高収量のダイズ (*Glycine max* (L. Merr.) 品種を開発する上で魅力的であるが、日本における無限伸育型品種の倒伏は依然として問題となっている。半無限伸育型品種は無限伸育型品種より主茎長が短いことから、本形質は、倒伏する危険性の低い多収品種の改良に有用である可能性がある。我々は茎伸育型を制御する遺伝子 *Dt1* および *Dt2* を戻し交配により 3 つの有限伸育型品種に導入し、収量および倒伏程度への影響を 4 つの異なる栽培環境にて評価した。有限伸育型系統に比べると半無限伸育型および無限伸育型系統の収量

は高いものの、倒伏程度は激しかった。無限伸育型系統に比べると、半無限伸育型系統の倒伏スコアは低いものの、総合的な収量はわずかに劣った。しかし、半無限伸育型形質の導入が収量および倒伏程度に及ぼす影響は 3 つの遺伝的背景の間で異なり、ある遺伝的背景では、半無限伸育型系統の収量が最も高く、半無限伸育型と有限伸育型系統の倒伏程度の差は 1 より小さかった。したがって、半無限伸育型は、倒伏する危険性の低い多収品種の開発に有用である可能性が示唆された。

Breeding Science 69: 151–159 (2019)

Lycium ruthenicum における四倍体の誘導、識別および特性評価

Shupeí Rao^{1,2)}・Xiangyang Kang^{1,2)}・Jian Li³⁾・Jinhuan Chen^{1,2)}

(¹⁾College of Biological Sciences and Technology, Beijing Forestry University, China, ²⁾National Engineering Laboratory for Tree Breeding, Beijing Forestry University, China, ³⁾State Key Laboratory of Seedling Bioengineering, China)

ナス科の *Lycium ruthenicum* (クコ) は、葉、根および果実に数多くの機能性成分を含むため、健康野菜や自然の薬用食品として広く利用されている。本研究では、*in vitro* で葉をコルヒチン処理することにより、*L. ruthenicum* の四倍体植物が効率的に得られた。最も高い四倍体の誘導率は 31.4% で、葉を 10 日間前培養してから 100 mg/L のコルヒチン濃度で 48 時間処理することにより得られた。再生植物の倍数性レベルは、フローサイトメトリーと染色体計数法により決定した。細胞学的、形態学的小および組織学的な特性評価は、フローサイトメトリーの結果

を検証し、組織培養と圃場生産の段階における二種の倍数性植物の違いを明らかにした。形態指標もまた、二倍体から四倍体を識別するために簡単に直感的な方法を与えた。染色体数が増加するとともに、気孔の大きさと気孔内の葉緑体の数も増加したが、気孔の密度は減少した。それら結果は、染色体数は気孔の指標と相関関係にあることを示した。生じた四倍体は潜在的に有用な栽培品種であり、将来三倍体後代を作出するために有益であるだろう。

Breeding Science 69: 160–168 (2019)

Super Basmati と IR55419-04 の交雑由来イネの乾燥耐性形質に関連した QTL の同定とマッピング

Muhammad Sabar¹⁾ • Ghulam Shabir²⁾ • Shahid Masood Shah³⁾ • Kashif Aslam²⁾ • Shahzad Amir Naveed⁴⁾ • Muhammad Arif⁵⁾

¹⁾Rice Research Institute, Kala Shah Kaku, Pakistan, ²⁾Institute of Molecular Biology and Biotechnology, Bahauddin Zakariya University, Pakistan, ³⁾Department of Environmental Sciences, COMSATS University Islamabad, Abbottabad Campus, Pakistan, ⁴⁾Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, China, ⁵⁾National Institute for Biotechnology and Genetic Engineering (NIBGE), Pakistan)

水ストレスは、気候変動のシナリオにおいてイネの持続的な生産に対する主な脅威の1つである。研究者には乾燥耐性と収量および実用形質を結びつけることが求められている。これまでの研究によってイネの乾燥耐性の QTL が同定されてきたが、いずれにおいても十分な効果が得られていない。このため、新規の QTL を見出すことが求められている。本研究では、IR55419-04 と Super Basmati の交雑による乾燥耐性と収量関連形質に関する QTL をマップした。マップ集団には 418 個体の F₂ を使用し、その幼植物をライシメーターに移植した。これらのうち、水ストレス条件下での総水分摂取量に基づいて、2 組の最も耐性 (23 個体) および感受性 (23 個体) の個体群を選抜した。全ゲノム上に配置した 230 個のマโครサテライトマーカーで、両親の間の多型を調べた。そのうち、多型を示した全 12 連鎖群の 1735 cM に分布する 73 のマクロサ

テライトで個体の遺伝子型を判定した。QTL 解析には WinQTL Cartographer 2.5V を使用し、コンボジットインターバルマッピングによって、合計 21 の QTL を検出した。栄養成長期での乾燥耐性に関連する QTL は第 1 染色体に見出された。この新規なゲノム領域は、RM520-RM143 および RM168-RM520 のマーカー間に存在した。この領域には総水分摂取量に有効な QTL である *qTWU 3.1* が認められている。根の形態形質に関わる QTL は第 3 染色体上に見出された。相加効果の原因となる QTL は IR55419-04 アレルに由来した。これらの新規な QTL は新規の乾燥耐性イネ品種を開発するためのマーカー育種に利用可能で、精密マッピングによって QTL と表現型との機能の関連を調べるためにも使用できる。

Breeding Science 69: 169–178 (2019)

ノート

単純反復配列マーカーに基づく“ナバナ” (*Brassica rapa*) 品種および在来種の分類

久保中央^{1,2)} • 女坂久美子^{3,4)} • 水野真二^{5,6)} • 辻 元人¹⁾

¹⁾京都府立大学大学院・生命環境科学研究科, ²⁾京都府農林水産技術センター生物資源研究センター, ³⁾京都府京都乙訓農業改良普及センター, ⁴⁾現: 京都府南丹農業改良普及センター, ⁵⁾千葉県農林総合研究センター暖地園芸研究所, ⁶⁾現: 日本大学・生物資源科学部)

若い花序と茎を食用にする *Brassica rapa* や *B. napus* の野菜は、日本では“ナバナ”と呼ばれている。ナバナは主にその利用部位から“花蕾タイプ”と“茎葉タイプ”に分けられるが、他に中国やヨーロッパ由来のタイプ(サイシンやコウサイタイ, Broccoletto) も知られている。我々は、*B. rapa* に属するナバナと他の野菜の分類を行った。単純反復配列に基づく樹状図において、外群を除く 49 系統は 4 つのグループ (I–IV) に分類された。花蕾タイプと茎葉タイプは、グループ II でわずかに重複する形で、それぞれグループ I と III に分離した。サイシンと非結球ハクサイはグループ IV, Broccoletto はカブに近接する形でグループ III, またコウサイタイ品種はグループ II に位置

した。我々は、農業上の重要性から、ナバナの根こぶ病抵抗性 (CR) とマーカー遺伝子型を調査した。10 品種が病原型グループ 4 菌に抵抗性を示したが、いずれもグループ 2 菌には罹病性だった。ほとんどの CR 品種は、*CRb* と *Crr1* 遺伝子座において抵抗性側の対立遺伝子がヘテロ接合型を示し、接種試験の結果と一致した。我々の結果は、日本のナバナ系統と外国由来のタイプが、利用部位や品種の起源に応じてそれぞれ分化したことを示唆する。本研究は、ナバナの類縁関係と CR の特徴を明らかにしたものであり、ナバナの育種に有用な情報を提供する。

Breeding Science 69: 179–185 (2019)

ニンジンにおけるペタロイド原因遺伝子座の同定

藤井壮太^{1,2,3}・白戸陽子⁴⁽¹⁾ 東京大学大学院・農学生命科学研究科, ⁽²⁾JST さきがけ, ⁽³⁾ 奈良先端科学技術大学院大学, ⁽⁴⁾ 大和農園

ニンジン (*Daucus carota*) の花のホメオティック変異は F₁ 雑種育種に利用されているため、分子マーカーを開発する必要がある。本論文ではニンジンにおいて雄蕊の花弁へと変換する変異体、ペタロイドの発現に関わる原因遺伝子座の同定を報告する。表現型分離集団から得られたペタロイド個体と正常個体のバルク DNA のシーケンス解析により、第四染色体長腕に

強い関連を持つ遺伝子座を見出した。関連領域の中心に B クラスのホメオティック遺伝子である *PISTILLATA* のホモログの *DcMADS2* が見出され、原因遺伝子として最も有力な候補であると考えられた。この結果を利用し、正常型とペタロイド型の *DcMADS2* を識別する PCR マーカーを開発した。

Breeding Science 69: 186–188 (2019)