

総説 (招待)

DNA メチル化の多様性とダイナミクス：作物育種に向けたエピゲノム情報基盤とその利用

川勝泰二¹⁾・Joseph R. Ecker^{2,3)}

(¹⁾農研機構・生物機能利用研究部門, ²⁾ソーク生物学研究所, ³⁾ハーワード・ヒューズ医学研究所)

DNA メチル化は遺伝子発現やトランスポゾン活性に関与するエピジェネティック修飾である。シトシンの DNA メチル化は体細胞分裂・減数分裂を経ても受け継がれるため、DNA メチル化パターンの差異は表現型の多様性に寄与する。高速シーケンサー技術の進歩は、超大量の塩基配列の取得を可能とした。トランスクリプトームおよび DNA メチロームの統合解析から、DNA メチル化機構や DNA メチル化の役割が明らか

にされてきた。更に、DNA メチル化と作物の農業形質の関係が明らかにされつつある。これらの情報はエピゲノム多様性を利用した作物育種に役立つことが期待される。また、人為的なエピゲノム編集は優良形質を持つ新品種の創出のための魅力的な新育種法となるかもしれない。

Breeding Science 69: 191–204 (2019)

総説 (一般)

Pistacia 属における性発現および性決定機構

Qian Bai^{1,2)}・Zhong Ma¹⁾・Yunqi Zhang^{1,2)}・Shuchai Su^{1,2)}・Pingsheng Leng³⁾

(¹⁾Ministry of Education Key Laboratory of Silviculture and Conservation, College of Forestry, Beijing Forestry University, China, ²⁾National Energy R&D Center for Non-food Biomass, Beijing Forestry University, China, ³⁾College of Landscape Architecture, Beijing University of Agriculture, China)

Pistacia 属は一般に雌雄異株であるが、いくつかの集団で雌雄同株系統が発見されており、性分化および性決定機構を研究するための優れたモデルである。性決定および性進化機構は広く研究されてきたが、ヘテロ接合の本木植物での関連研究は限られている。本研究では、多様性が大きく複雑な不安定性を示した様々な性表現について議論する。さらに、植物界の性決定様式全般と、*Pistacia* 属樹種の性関連マーカーについて形態学的、細胞学的、生理学的、および分子的観点から総括する。さ

らに、雌雄同株性の起源を説明するための仮説をたて、それが雌性植物における性関連遺伝子と環境要因間の相互作用である可能性を議論する。また、雌雄同株性資源の利用および性決定機構の研究の方向性に関する展望を示す。本研究では、性表現に関する重要な情報を提供し、性分化と性決定についてもより深い考察を加える。

Breeding Science 69: 205–214 (2019)

バミューダグラスの非生物的ストレス応答に関する最新知見

Shilian Huang¹⁾・Shaofeng Jiang²⁾・Junsong Liang³⁾・Miao Chen⁴⁾・Yancai Shi⁵⁾

(¹⁾College of Life Sciences, South China Agricultural University, China, ²⁾Key Laboratory of Tumor Immunology and Microenvironmental Regulation, Guilin Medical University, China, ³⁾College of Biology & Pharmacy, Yulin Normal University, China, ⁴⁾Faculty of Agricultural Science, Guangdong Ocean University, China, ⁵⁾Guangxi Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, China)

バミューダグラス (*Cynodon spp.*) は、公園、運動場、ゴルフ場などに見られる芝草の一つである。また多くの国で周年性の飼料作物として栽培されている。そのため、バミューダグラスは、生態的、環境的、経済的視点からも重要な植物である。

他の作物と同様に、バミューダグラス生産は、様々な生物的、非生物的ストレスにさらされている。本総説では、特に、非生物的ストレスに着目し、芝草の品質と収量に対する影響を紹介する。非生物的ストレスの中では、乾燥、塩類、低温ストレス

が最も被害をもたらすとして知られている。そこで、バミューダグラスの生長と発達に対する栄養供給、カドミウム、浸水、日陰や摩擦ストレスの影響を紹介する。バミューダグラスの形態、生理、遺伝子発現に対する非生物学的ストレスの影響を知ることは、バミューダグラスが様々な非生物学的ストレスに耐性を

示す分子機構を理解する上で有益である。トランスクリプトーム解析、プロテオーム解析の急速な発展は、バミューダグラスの安定した形質転換技術と共に、非生物学的ストレス耐性バミューダグラス新品種の開発を促進するだろう。

Breeding Science 69: 215–226 (2019)

原著論文

IR64 とアウス在来品種 Kharsu 80A に由来するイネの嫌気性発芽耐性に関する QTL マッピング

Miriam D. Baltazar^{1,2,3} • John Carlos I. Ignacio¹ • Michael J. Thomson⁴ • Abdelbagi M. Ismail¹ • Merlyn S. Mendioro² • Endang M. Septiningsih⁴

⁽¹⁾International Rice Research Institute, Philippines, ⁽²⁾University of the Philippines, Philippines, ⁽³⁾Department of Biological Sciences, Cavite State University, Philippines, ⁽⁴⁾Department of Soil and Crop Sciences, Texas A&M University, USA)

イネの直播栽培では、不均一な圃場、播種後の予期せぬ大雨、雑草や病原菌の侵入によって頻繁に苗立ち性の低下がみられる。この問題に対応するために、発芽時の冠水に対する耐性 (anaerobic germination; AG) を示す品種の開発が重要である。IR64/Kharsu 80A の F_{2,3} 集団 190 系統の冠水ストレス下での苗の生存を表現型として、AG 耐性に関する QTL を同定する研究を行った。遺伝子型判定はインド型品種間を識別するゲノムワイドな 384-plex SNP セットを用いて行った。Kharsu 80A 型

で AG 耐性を高める QTL を 4 か所に検出し、そのうち 3 か所は第 7 染色体 (*qAG7.1*, *qAG7.2*, *qAG7.3*) に、1 か所は第 3 染色体 (*qAG3*) に位置し、それらの LOD 値は 5.7 ~ 7.7、寄与率 (R²) は 8.1 ~ 12.6% であった。本研究で同定された QTL は、イネの AG 耐性の遺伝的基礎を理解するための更なる調査に利用できるとともに、より頑健な直播栽培イネ品種を開発するためのマーカー選抜に用いることができる。

Breeding Science 69: 227–233 (2019)

マーカー利用戻し交雑選抜を用いた落花生 (*Arachis hypogaea* L.) の優良普及 4 品種のオレイン酸含有量の改良

Bingyan Huang¹ • Feiyan Qi¹ • Ziqi Sun² • Lijuan Miao¹ • Zhongxin Zhang¹ • Hua Liu² • Yuanjin Fang¹ • Wenzhao Dong¹ • Fengshou Tang¹ • Zheng Zheng¹ • Xinyou Zhang¹

⁽¹⁾Key Laboratory of Oil Crops in Huanghuaihai Plains, Industrial Crops Research Institute, Henan Academy of Agricultural Sciences, China, ⁽²⁾Henan Provincial Key Laboratory for Oil Crops Improvement, China)

落花生 (*Arachis hypogaea*) において、高オレイン酸含有量はヒトの健康に関する利点と落花生製品の保存期間の長期保存の観点から種子品質を考慮する上で重要な要素である。中国で普及している落花生品種のオレイン酸含有量を改良するため、市場性の異なる 4 品種を高オレイン酸ドナー系統と交配し、*fad2* 遺伝子を用いたマーカー利用戻し交雑選抜による 4 回の戻し交雑を実施した。近赤外線分光計を用いてオレイン酸含有量を測定することで自殖後代の種子品質形質を評価するとともに Kompetitive allele-specific PCR (KASP) による *fad2* 変異マーカーの選抜を実施した。BC₄F₄ および BC₄F₅ 集団から形態および農

業形質が戻し交雑親に類似している 24 の高オレイン酸系統を 5 年間で得た。KASP 法を用いて BC₄F₅ 系統の遺伝的背景を調べたところ、戻し交雑率は 79.49%–92.31% だった。得られた優良系統は複数の地点で品種登録を行うための試験を実施している。我々の知見において、本研究の成果は落花生育成において一塩基多型マーカーとしてハイスループットかつ費用効果の高い KASP 法を用いて *fad2* 変異と遺伝的背景の検出を実施した最初の応用例である

Breeding Science 69: 234–243 (2019)

多様な遺伝子型のイネに適用可能な葉鞘特異的アントシアニン着色による可視化マーカー形質の開発

大嶋雅夫^{1,2)}・谷口洋二郎¹⁾・赤坂舞子^{3,4)}・阿部清美^{1,5)}・市川裕章¹⁾・田部井豊¹⁾・田中淳一^{3,6)}

¹⁾農研機構・生物機能利用研究部門, ²⁾現:筑波大学・つくば機能植物イノベーション研究センター, ³⁾農研機構・次世代作物開発研究センター, ⁴⁾現:農研機構・東北農業研究センター, ⁵⁾現:株式会社日本バイオセラピー研究所, ⁶⁾筑波大学・生命環境科学研究科)

自殖性作物育種の頭打ち現象を克服するために、トランスジェニック雄性不稔を用いた循環選抜 (RSUTMS) が提唱されている。このシステムでは、優性のトランスジェニック雄性不稔形質と共に、ネガティブおよびポジティブ選択マーカー形質が必要とされる。アントシアニン着色は優れたマーカー形質である。イネのアントシアニン着色には MYB と bHLH をコードする2つの調節遺伝子と DFR をコードする構造遺伝子が必要である。従って、アントシアニン着色を様々な遺伝子型のイネにマーカー形質として適用するためには、3つの遺伝子の協調的発現が必要となる。本研究では、葉鞘特異的プロモーターを

開発し、35Sプロモーターにより制御される *DFR* と *CI/Myb*, および葉鞘特異的プロモーターにより制御される *OsB2/bHLH* の3遺伝子をイネのゲノム内に導入した。実験に使用したジャポニカ型およびインディカ型品種を含む、7つすべての遺伝子型において葉鞘特異的な着色が認められた。25品種のゲノム配列データの解析は、これら3遺伝子の導入によって葉鞘特異的アントシアニン着色を付与する戦略が、広範囲の遺伝子型に有効であり、RSUTMS に適用可能であることを示している。

Breeding Science 69: 244–254 (2019)

50年間にわたり日本で育成されたテンサイ (*Beta vulgaris* L. subsp. *vulgaris*) のエリート自殖系統群の遺伝子型ならびに表現型の評価

田口和憲^{1,3)}・黒田洋輔¹⁾・岡崎和之¹⁾・山崎正紀²⁾

¹⁾農研機構・北海道農業研究センター, ²⁾神戸大学大学院・農学研究科, ³⁾現:農林水産省技術会議事務局)

63系統からなる日本で育成された多様なテンサイのエリート自殖系統群 (JSBDIV) のセットを用いて、33の増幅断片長多型配列 (CAPS) と38の単純配列反復配列 (SSR) 分析に基づき遺伝的多様性を調べた。JSBDIV セットは、系譜情報に基づく分類では6群に、遺伝距離の近隣結合法に基づく分類では7群に、集団構造解析に基づく分類では12群に分けられた。集団間の分化を表すパラメータ Φ_{PT} の値は、集団構造解析による分類で最も高い値となり、群間の32%の変異を説明できた。いくつかの群は開放受粉により維持増殖されてきた祖先品種 (OPV) との間に密接な関連が確認でき、これは JSBDIV セットの育成過程において OPV 間の交配がまれであったことを示

す。一方、いくつかの群間には低い Φ_{PT} 値も認められることから、それぞれの OPV 同士の遺伝的背景には互いに重複する部分があったものと推察される。表現型は、いずれの形質においても群間、群内ともに明らかな有意差が認められた。分類方法に関わらず特定の群が高糖含量の群に分類された。黒根病抵抗性の群は OPV である「Tmm-1」との関連があり、「Tmm-1」が本病抵抗性の供与遺伝資源であったことを示唆する。加えて、「Tmm-1」は褐斑病抵抗性にも関連していたが、「Tmm-1」が寄与しない抵抗性系統も認められるため異なる抵抗性遺伝資源の存在も推察される。

Breeding Science 69: 255–265 (2019)

トウモロコシの脱粒割合とその他形質のゲノミックセレクション

Qi Sun¹⁾・Ping Wang²⁾・Wenlan Li¹⁾・Wencai Li¹⁾・Shouping Lu¹⁾・Yanli Yu¹⁾・Meng Zhao¹⁾・Zhaodong Meng¹⁾

¹⁾Maize Institute, Shandong Academy of Agricultural Sciences/National Engineering Laboratory of Wheat and Maize/Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Maize in Northern Yellow-huai River Plain Ministry of Agriculture, P.R. China, China, ²⁾Tai'an Academy of Agricultural Science, China)

ゲノミックセレクション (GS) は、マーカー支援選抜 (MAS) のための新しい方法の1つであり、選抜効率を改善して育種選抜の過程を加速できる。本研究では、GS によって Qi319 の脱粒割合を改善するために外来の遺伝資源 LK1 を使用した。ゲ

ノムワイドなマーカーの各形質に対する効果は、トレーニング集団の検定交雑および F₂ における SNP データの結果に基づいて推定した。ゲノム予測の精度はマーカーで予測された遺伝子型と評価集団の検定交雑における各形質の相関によって推定し

た。我々の研究結果は、脱粒割合に対する選抜応答が 33.7% であることを示したが、これは穀粒収量、一穂粒数、または収穫時の穀粒水分よりも大きかった。雄穂の枝数および百粒重における選抜応答は、60% を超えていた。形質の遺伝率が高いほど予測効率が高くなり、予測精度はトレーニング集団の規模に準

じて高く、予測効率が 1000 bp と 55,000 bp の SNP 密度の間で有意差はなかった。本研究の結果は、トウモロコシ育種におけるゲノムワイドな選抜技術の基礎となり、中国において有用な遺伝資源への GS の活用基盤となる。

Breeding Science 69: 266–271 (2019)

北部ラオスイネ遺伝資源の遺伝変異

武藤千秋¹⁾・江花薫子¹⁾・川野和昭²⁾・Viengphone Bounphanousay³⁾・Chay Bounphanousay³⁾・Kongppanh Kanyavong³⁾・Phoumi Inthapanya³⁾・Chanthakone Boualaphanh³⁾・佐藤雅志⁴⁾・石川隆二⁵⁾・佐藤洋一郎^{6,9)}・柳原誠司⁷⁾・福田善通⁸⁾

¹⁾ 農研機構・遺伝資源センター, ²⁾ 南方文化研究所 I, ³⁾ Rice Research Centre, National Agriculture and Forestry Research Institute (NAFRI), LAO PDR, ⁴⁾ 東北大学大学院・農学研究科, ⁵⁾ 弘前大学・農学生命科学部, ⁶⁾ 総合地球環境学研究所, ⁷⁾ 国際農林水産業研究センター・生物資源・利用領域, ⁸⁾ 国際農林水産業研究センター・熱帯・島嶼研究拠点, ⁹⁾ 現: 京都府立大学・日本食文化研究センター

ラオス北部およびビエンチャン県のイネ遺伝子資源について SSR マーカーの多型データに基づき遺伝的変異を明らかにした。合計 314 アクセッションは、多型データより 3 つのクラスター、Ia (水田の日本型品種)、Ib (陸畑の日本型品種)、II (インド型品種) に分けられた。Ib のアクセッションは主に山岳地帯に、II は川沿いや盆地などに栽培されていた。数は少ないものの、Ia は 3 県 (Houaphanh, Xiangkhouang, Vientiane) のみで見つけられた。ビエンチャン県ではクラスター II の水田用品種が多く栽培されていた。2014 年に比較的短日条件で、また 2015 年に長日条件下で栽培した結果、多くのアクセッション

が日長に感受性であることが判明した。これは、日長感受性と基本栄養成長性に関わる複雑な遺伝的機構によるものと考えられた。これらのうち、219 アクセッションは 6 つのグループ (E1, E2, E3, L1, L2, L3) に分けられた。グループ E2 と E3 は大多数を占め、特にクラスター Ib と II にみられた。一方、E1, L1, L2 および L3 は少数のグループであった。これらの結果は、北部ラオスのイネ遺伝資源のインド型および日本型の分化や出穂性の変異を良く示している。

Breeding Science 69: 272–278 (2019)

イネの形質転換 Fibroblast Growth Factor 21 完熟種子の分析

Mingfang Feng¹⁾・Hua Cai¹⁾・Ying Guan¹⁾・Jian Sun²⁾・Liguo Zhang³⁾・Jing Cang¹⁾

¹⁾ College of Life Science, Northeast Agricultural University, P.R. China, ²⁾ College of Agriculture, Northeast Agricultural University, P.R. China, ³⁾ Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, P.R. China

イネにおける外来タンパク質の発現効果の研究は複数あるが、外来遺伝子のタイプやタンパク質の発現程度によって一定しない。本研究では、イネの完熟種子における線維芽細胞成長因子 (Fibroblast Growth Factor) 21 (FGF21) の発現効果を多方面から明らかにした。その結果、形質転換イネの粒重は非形質転換野生型よりも低くなった。FGF21 形質転換イネのスクロース含有量と ADP-グルコースピロホスホリラーゼ (AGPase) 活性は非形質転換イネよりも高かったが、デンプン含有量、デンプン分岐酵素 (SBE)、スクロース合成酵素 (SuS)、スーパーオキシドジスムターゼ (SOD) およびペルオキシダーゼ (POD) 活性は、非形質転換イネに比べて変化が小さかった。走査型電

子顕微鏡で確認すると、FGF21 形質転換イネの完熟種子では、野生型と比べて少数の維管束が不規則に配置されていることが明らかになった。コントロールおよび T1 イネ系統の完熟種子を採取し、プロテオーム解析した結果、発現が異なるタンパク質 (DEP) が 167 見出された。さらに、これらのイネ系統において、アミノ糖およびスクレオチド糖代謝ならびにデンプンおよびスクロース代謝などが代表的な経路であることが示された。本研究は、イネのバイオリクターにおける外来性タンパク質発現の効果を明らかにするための基礎となると考えられる。

Breeding Science 69: 279–288 (2019)

イネ登熟期における炭素同化産物の転流関連形質に関する QTL 解析

Huan Danh Phung¹⁾・杉浦大輔¹⁾・春原英彦¹⁾・楨原大悟²⁾・近藤始彦¹⁾・西内俊策¹⁾・土井一行¹⁾

(¹⁾名古屋大学大学院・生命農学研究科, (²⁾名古屋大学・農学国際教育研究センター)

イネ, 特にシンク容量の高い品種において, 登熟期間中のソース器官からシンク(穀粒)への炭素同化産物の転流の問題は収量の低下を引き起こす. このような転流関連形質に関して組換え自殖系統を利用した遺伝解析を行った. *japonica* 親である T65 の茎葉重 (SW) は出穂から成熟期まで一定であったが, *aus* 親である DV85 では出穂後 5 日 (5 DAH) においては T65 よりも大きく, 20 DAH までに減少した. この差は標準施肥区で明瞭に見られ, 低施肥区では見られなかった. 両親の非構造炭水化物 (NSC) 含量も SW と同様の傾向が見られた. QTL 解析においては染色体 5 および 10 に多面発現効果を持つ QTL

が見出され, これは出穂期 QTL と関連していると考えられた. 収穫指数と 5 DAH における NSC に関与する QTL が染色体 1 に検出された. また, 形質の経時変化を検討し, SW を減少させる QTL が染色体 11 に検出され, この QTL の DV85 対立遺伝子が同化産物の転流を促進し, バイオマス生産を抑制した. さらに, NSC 減少への関与を示唆する QTL が染色体 2 に検出された. これらの QTL は育種プログラムにおいて炭素同化産物の転流を制御するための選抜ターゲットとなり得る.

Breeding Science 69: 289–296 (2019)

トランスクリプトーム解析は, *Lilium* 属における LAAA × AA と LAAA × LL の間の異なる和合性を明らかにする

Youxin Yang²⁾・Wei Zheng¹⁾・Kongzhong Xiao¹⁾・Like Wu¹⁾・Jie Zeng¹⁾・Shujun Zhou¹⁾

(¹⁾College of Forestry, Jiangxi Agricultural University, China, (²⁾Department of Horticulture, College of Agronomy, Jiangxi Agricultural University, China)

雌の異質四倍体ユリ (LAAA) と雄の二倍体ユリの和合性のメカニズムを明らかにするために, 子房と葉で発現している遺伝子配列の LAAA × AA と LAAA × LL の間の差異をトランスクリプトーム解析した. その結果, LAAA × AA の果実はよく発達したが, LAAA × LL は結実しなかった. 異なる発現を示す遺伝子の数は, 子房では LAAA × LL よりも LAAA × AA が少なかったが, 葉においては逆の傾向を示した. オーキシン, サイトカイニン, ジベレリン, 抗酸化剤, エクспанシン, クロロフィル, 炭水化物, 輸送タンパク質に関連する遺伝子は, 通常 LAAA × AA の子房および葉で発現が増加したが, LAAA

× LL では発現しなかった. 一方, アブシジン酸, エチレン, ジャスモン酸, サリチル酸に関連する遺伝子の発現は, LAAA × LL の子房または葉で増加したが, LAAA × AA では増加しなかった. 植物ホルモンや抗酸化物質のような遺伝子産物は葉の老化を防ぎ ROS を除去する機能を持つので, LAAA × AA の子房や葉に発現した遺伝子が果実の成長に有利な役割を果たす一方, LAAA × LL においてはそれらが負に作用して果実の退化を引き起こし, そのため LAAA は LL と不和合となったとみられる.

Breeding Science 69: 297–307 (2019)

Brassica oleracea の萎黄病抵抗性遺伝子 *FocBo1* におけるアレル特異的 DNA マーカー

佐藤真帆^{1,6)}・清水元樹²⁾・シェア ダニエル¹⁾・モジャミール ホック^{1,3)}・川邊隆大⁴⁾・宮路直美⁵⁾・藤本 龍⁵⁾・深井英吾¹⁾・岡崎桂一¹⁾

(¹⁾新潟大学大学院・自然科学研究科, (²⁾岩手生物工学研究所, (³⁾シレット農業大学, (⁴⁾東海大学・農学部, (⁵⁾神戸大学大学院・農学研究科, (⁶⁾サカタのタネ掛川総合研究センター)

私たちは以前, *Brassica oleracea* の萎黄病抵抗性 (YR) 遺伝子 *FocBo1* の DNA マーカーを開発した. しかしその後の解析で, この DNA マーカーによる遺伝子型判定結果と, 接種試験による表現型判定との間で不一致が見られた. この矛盾は未知の感受性アレルによるものと思われたので, 19 系統の遺伝子配列

を決定したところ, 2つの耐病性アレルと 6つの感受性アレルを新たに同定した. 感受性アレルがもつ 3 箇所の未成熟終止コドンを検出する PCR マーカーを新規に設計したところ, 新規マーカーでは 200 をこえる固定系統および栽培品種において耐病性および感受性アレルを正確に判定することができた. また,

供試した78の市販栽培品種において、抵抗性および感受性アレルの頻度はそれぞれ37.2%、62.8%であった。*FocBo1*座の各アレルの比較塩基配列解析から、塩基配列変異の一部がアレル間の遺伝子内組換えから生じていることが明らかになった。本

研究の結果は、DNAマーカーによる表現型のより正確な予測を可能にし、*B. oleracea*のYR育種に資することができる。

Breeding Science 69: 308–315 (2019)

ナタネ (*Brassica napus* L.) の回復遺伝子 (*Rfm*) に強く連鎖するマーカーの同定と応用

Weihua Long • Maolong Hu • Jianqin Gao • Lijie Sun • Jiefu Zhang • Huiming Pu

(Key Lab of Cotton and Rapeseed (Nanjing) of Ministry of Agriculture/Institute of the Industrial Crops, Jiangsu Academy of Agriculture Sciences, China)

MI細胞質雄性不稔システムは中国で使用されている3系雑種システムのひとつである。よく知られているように、雑種システムは、 F_1 雑種強勢における収量の差異と強く関連している。その一方で、MI CMSの回復遺伝子 (*Rfm*) は、マーカー利用選抜のさらなる応用に使えるほど正確にマップされてはいない。この研究では *Rfm* と関連する可能性があるゲノム領域をスクリーンするため、2つの異なる遺伝背景を持つ *Rfm* の準同質遺伝子系統のセットが *Brassica* 属のゲノムワイド60K SNPチップにハイブリダイズされた。SNP遺伝子座による遺伝子型のスクリーニングと候補遺伝子座の塩基配列決定を通じ、chrA09上の1つの2.5 Mbの物理的領域(3つのスカフォールドをカ

バーする)が *Rfm* 領域の候補として同定された。その後、目標とするスカフォールドに対するSSRマーカーが F_2 集団における組換えを検出するために使用され、*Rfm* 遺伝子の位置を遺伝距離0.52 cM内に狭めた。この遺伝距離は350 kbの物理的断片に相当する。さらにそのマーカーで新しいエリート回復系統を改良できるか、また雑種種子のパーセンテージを調査できるかがテストされた。我々の結果は、ナタネの育種に恩恵をもたらす *Rfm* 遺伝子のマップベースドクローニングを、潜在的に加速させることが可能であった。

Breeding Science 69: 316–322 (2019)

トウモロコシの雌穂関連形質を制御する *THICK TASSEL DWARF1* (*TD1*) 遺伝子における自然変異

Chang Liu¹ • Yu Zhou¹ • Xiaocong Zhang² • Jiayue Zhang¹ • Zhiqiang Zhou² • Jianfeng Weng² • Xinhai Li² • Zhenhua Wang¹

(¹Northeast Agricultural University, China, ²Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Science, China)

THICK TASSEL DWARF1 (*TD1*) はトウモロコシの花序形成時の分裂組織の大きさを負に調節し、雌穂関連形質を制御する重要な遺伝子である。本研究では、165種類の多様なトウモロコシ自殖系統について、全ゲノム配列および *TD1* のプロモーター領域を解析した。多型分析では *TD1* の遺伝子領域から39種類のSNPと5種類のInDelを見出し、解析系統は23種類のハプロタイプに分類できた。8種類のSNPと一つのInDelは雌穂の穎果数(KN)と、7種類のSNPと一つのInDelは一列あたりの穎果数(KNPR)、3種類のSNPsは列あたりの穎果数

(KRN)と有意なアソシエーションを示した。*TD1* のプロモーター領域には21種類のSNPと14種類のInDelが存在し、そのうち2種類のSNPと7種類のInDelはKRNと有意なアソシエーションを示した。なかでも、Hap_7はKNとKNPRのどちらにも有用なハプロタイプ、Hap_2はKRNに優れたハプロタイプであった。これらの有用なハプロタイプはマーカー選抜によるKN、KNPR、KRNの改良に利用することで、さらなる収量増加が見込める。

Breeding Science 69: 323–331 (2019)

SSR マーカーに基づくマンゴー遺伝資源の多様性および類縁関係

山中慎介¹⁾・保坂ふみ子²⁾・松村まさと³⁾・尾上(牧志)佑子³⁾・奈島賢児²⁾・浦崎直也⁴⁾・緒方達志¹⁾・正田守幸⁴⁾・山本俊哉²⁾

(¹⁾国際農研・熱帯・島嶼研究拠点, ²⁾農研機構・果樹茶業研究部門, ³⁾沖縄県農業研究センター・名護支所, ⁴⁾沖縄県農業研究センター)

遺伝的多様性や類縁関係の把握は、遺伝資源の利活用の基盤情報となる。我々は日本国内のマンゴー (*Mangifera indica* L.) 遺伝資源 120 点について、46 個の多型性の高い simple sequence repeat (SSR) マーカーを用いた親子関係、品種識別、類縁関係および遺伝的多様性について調査した。3 個の SSR マーカーの組合せ (10 種類のセット) で、異名同品種や同一遺伝子型を除く 83 の遺伝子型を区別することができた。親子関係では、11 品種について新規あるいは既知の両親が同定/確認されるとともに、30 品種以上が 'Haden' の子供であることが明らか

になった。類縁関係や多様性解析により、83 の遺伝子型は 3 つの明確なクラスターに分かれ、うち 2 つは相互に近縁であり、それぞれ米国およびインドに由来する品種で構成されていた。残りのクラスターには東南アジアおよび東アジアの品種が含まれていた。これらの結果は、インド型および東南アジア型に遺伝的に大別される従来の分類を支持するとともに、両者の交雑に由来するフロリダの品種はインド型に近いことを示唆している。

Breeding Science 69: 332–344 (2019)

ノート

大豆の子実中カドミウム蓄積性に関与する遺伝子に変異を有する系統の探索および特性調査

平田香里¹⁾・高木恭子²⁾・山田哲也³⁾・佐山貴司⁴⁾・穴井豊昭⁵⁾・菊池彰夫¹⁾・石本政男³⁾

(¹⁾農研機構・東北農業研究センター大仙研究拠点, ²⁾農研機構・東北農業研究センター福島研究拠点, ³⁾農研機構・次世代作物開発研究センター, ⁴⁾農研機構・西日本農業研究センター, ⁵⁾佐賀大学)

カドミウムによる食品汚染は人の健康にとって深刻な問題である。したがって、大豆などの主要作物にカドミウムが蓄積するリスクを低減することは重要である。カドミウム低吸収品種の開発は、有効な対策の一つである。そのため、子実中のカドミウム蓄積性を制御する遺伝子の同定は必要不可欠である。*Glyma.09G055600* (*GmHMA3*) は、過去の研究から大豆のカドミウム蓄積性に関与すると考えられてきたが、子実中のカドミウム蓄積性に関与するかどうかは明らかになっていなかった。本研究では、エチルメタンスルホン酸処理による大豆の変異体ライブラリーから単離した *GmHMA3* に変異を有する 3 系統を利用して、子実中カドミウム蓄積性への *GmHMA3* の効果を調

査した。それぞれの変異系統には、元品種と比較してアミノ酸置換が生じていたことから、元品種とそれぞれの変異系統の交配後代を作成し、それら 3 つの変異型と野生型のカドミウム蓄積性を比較した。その結果、3 つのうち 2 つの変異系統では、子実中カドミウム濃度が有意に増加しており、これは、自然に生じた *GmHMA3* のミスセンス突然変異に関する過去の研究結果とも一致した。一方で、1 つの変異系統では、わずかに子実中カドミウム濃度が減少していた。以上の結果より、*GmHMA3* は大豆の子実中カドミウム蓄積性を制御する遺伝子と考えられた。

Breeding Science 69: 345–351 (2019)

インド型水稻品種 IR64 の戻し交配後代集団における出穂期 QTLs の検出

野々上慈徳^{1,2)}・堀 清純^{1,2)}・小野 望²⁾・柴谷多恵子²⁾・小木曾映里^{1,2)}・溝淵律子^{1,2)}・福岡修一^{1,2)}・矢野昌裕^{1,2)}

(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)

IR64 は世界中に知られた水稻品種の一つである。IR64 の出穂特性を制御している量的形質遺伝子座 (QTLs) を検出するために、コシヒカリと IR64 の正逆戻し交配に由来する合計 6,284

個体からなる 70 系統の BC₄F₂ 集団を作成した。遺伝解析の結果、29 個の出穂期 QTLs をイネの第 3, 5 ~ 8, 10 および 12 染色体に検出した。そのうち、20 個の QTLs は既報の出穂期遺伝子

(*Hd1*, *Hd6*, *Hd16*, *Ghd7*, *DTH8*, *Hd17* および *Hd18*) と同じ染色体領域に検出され、残りの9個のQTLsは別の染色体領域に検出された。これらのQTLはこれまでのIR64を用いたマップ集団による研究より多かった。戻し交配後代集団を用いて精密マッピングを行った結果、第7染色体長腕に検出したQTLは、同染色体上の*OsPRR37*とは異なる領域に位置しており、新規

の出穂期遺伝因子であると考えられる。この戻し交配後代集団を用いた遺伝解析により、IR64とコシヒカリの出穂期の違いには多くのQTLsが関与するとともに、*Hd6*や*Hd16*等の出穂期遺伝子の機能型アリルと*Hd1*の機能欠損型アリルが組み合わさってIR64の早期出穂性が決定されていることが示唆された。
Breeding Science 69: 352–358 (2019)

日本型水稲 (*Oryza sativa* L.) 品種台中 65 号の遺伝的背景をもつ AA ゲノム種 *O. glaberrima*, *O. rufipogon*, *O. nivara* 染色体断片導入系統群の開発

山形悦透・キン タンダ ウィン・宮崎雄太・緒方千佳・安井 秀・吉村 淳
(九州大学大学院・農学研究院植物育種学研究室)

潜在的な価値を有する近縁野生種由来の量的遺伝子座あるいは遺伝子の評価および活用を進めるにあたり、栽培作物種の遺伝的背景を保有する染色体断片置換系統群 (CSSLs) は有用なツールである。イネ属 AA ゲノム種の染色体断片を栽培イネ *Oryza sativa* L. の断片と置換することで CSSLs を構築できる。本報では日本型品種台中 65 号の遺伝的背景において、*O. sativa* に近縁の AA ゲノム種 *O. glaberrima* (IRGC 103777 マリ原産)、

O. rufipogon (W1962 中国原産)、*O. nivara* (IRGC 105715 カンボジア原産) の染色体断片を保有する3群のCSSLsを、121個の単純反復配列マーカーによる全ゲノム遺伝子型決定とマーカー選抜により作成したので報告する。これらの植物材料はナショナルバイオリソースプロジェクト (イネ) の Web ページ “Oryzabase” より利用することができる。
Breeding Science 69: 359–363 (2019)

ダイズの吸水障害と関連した種皮アリュエロン層の構造的特徴

佐藤 圭¹⁾・実山 豊¹⁾・山田哲也¹⁾・劉 宝輝^{2,3)}・阿部 純¹⁾

(¹⁾北海道大学大学院・農学研究院, ²⁾広州大学生命科学院, ³⁾中国科学院東北地理学及び農業生態学研究所)

ダイズ (*Glycine max*) の種子は、急速な吸水による障害を受けやすい。吸水障害には遺伝的変異が存在することが知られているが、それに関与している機構は明らかにされていない。本研究の目的は、吸水障害に対する耐性に関与する種皮アリュエロン層の役割と耐性および感受性品種間の種皮アリュエロン層の構造的差異を明らかにすることである。吸水障害は、種皮のアリュエロン層によって制御される種子の水分吸収速度と密接に関連していた。クライオ走査型電子顕微鏡を用いた観察から、種皮に吸収された水は種子の背線 (raphe) 上部から選択的に

アリュエロン層を通して種子内部へと浸透することが明らかにされた。感受性品種では、この領域のアリュエロン細胞の子葉側の細胞壁は薄く、細胞の表面は浅く窪んだ構造を示し、細胞壁が厚くかつ滑らかな筋状の構造物で覆われた耐性品種のアリュエロン細胞とは明確に異なっていた。種子の背線上部のアリュエロン層の表面ならびに細胞壁の構造の差異が、耐性ならびに感受性品種間の吸水障害の差に関与すると思われる。

Breeding Science 69: 364–370 (2019)