

総説 (一般)

コロンビアにおけるカカオ育種 過去・現在・未来

Caren Rodriguez-Medina¹⁾・Alvaro Caicedo Arana¹⁾・Olivier Sounigo^{1,2)}・Xavier Argout^{1,3,4)}・Gabriel Alvarado Alvarado⁵⁾・Roxana Yockteng^{6,7)}

¹⁾Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - Agrosavia; Centro de Investigación Palmira, Colombia, ²⁾CIRAD, UPR Bioagresseurs, Colombia, ³⁾CIRAD, UMR AGAP, Colombia, ⁴⁾Univ. Montpellier, CIRAD, INRA, France, ⁵⁾Corporación Universitaria Santa Rosa de Cabal (UNISARC), Colombia, ⁶⁾Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - Agrosavia; Centro de Investigación Tibaitatá, Colombia, ⁷⁾Biodiversité-UMR-CNRS 7205; National Museum of Natural History, France)

カカオ (*Theobroma cacao* L) は、地方における貧困の軽減、紛争終結地域の平和の促進、不法な目的に利用されている作物からの転換を目的とするコロンビアの社会制度改革において鍵となる作物である。コロンビアは、カカオの起源の中心地域の一つと考えられており、いくつかの遺伝資源収集調査が1940年代から実施されてきた。この歴史にもかかわらず、品種開発、選抜および全兄弟個体群の創出に基づく最初の育種計画は他国から導入された育種素材の膨大な利用で行われてきた。新たな育種戦略が1990年代に採用され、農園における優良クローン

(高収量および耐病性) の集団選抜育種に基づいて植栽木の選抜に至っている。2012年、新たな育種戦略である循環選抜がコロンビア農業研究公社である Agrosavia に採用され、これは遺伝的に改良された集団の作成とこれら優良クローンにより世代を進め、各世代のサイクル毎にクローン選抜を行うものとして、分子マーカーの使用は、候補選抜を補助するためにこのプログラムに組み込まれた。本原稿では、コロンビアにおけるカカオ育種計画の歴史と将来への見通しについて詳細に述べた。

Breeding Science 69: 373–382 (2019)

北海道のイネ品種育成における DNA マーカー選抜

藤野賢治¹⁾・平山祐治²⁾・梶 亮太¹⁾

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)

過去100年に渡る北海道のイネ品種育成では、劇的な収量増と食味の改良がなされた。1990年以降、「きらら397」、「ほしのゆめ」、「ななつぼし」といった高収量で良食味の実用品種が開発されてきた。さらに、*Wx1-1*を活用したアミロース含量が低くもちり感の特徴とする「おぼろづき」(2006年)、「ゆめぴりか」(2008年)のような、より良食味の品種が登録された。しかしながら、これらの形質の改良に関連したゲノムの変化については明らかになっていない。これらのDNA配列と農業形

質の関係を明らかにすることは、北海道におけるイネの品種育成を促進する。目的形質に関わる染色体領域を有する植物を選抜するDNAマーカー選抜(MAS)は、遺伝的改良を制御する技術である。本稿では、次世代シーケンサー技術による大量のゲノムシーケンスが品種育成の現場に利用され始める前に、北海道のイネ品種育成におけるMASの現状を総括した。

Breeding Science 69: 383–392 (2019)

原著論文

カフェインレス茶系統を選抜可能な新規 DNA マーカー CafLess-TCS1

荻野暁子¹⁾・谷口郁也¹⁾・吉田克志¹⁾・松元 哲²⁾・福岡浩之³⁾・根角厚司¹⁾

¹⁾農研機構・果樹茶業研究部門, ²⁾農研機構・野菜花き研究部門, ³⁾元農研機構・野菜茶業研究所)

Camellia taliensis の一系統である「タリエンシス赤芽」は、劣性のカフェインレス遺伝子を持つ。この遺伝子を利用し、カ

フェインレス茶品種の育種を効率的に行うには、カフェインレス表現型を示さないヘテロ接合体を、親系統として選抜する

ための DNA マーカーが不可欠である。そのために、6 種類のチャカフェインシンターゼ (*TCS*) 遺伝子の配列を決定し、多型を探索し、*TCS* 遺伝子の 1 つを選抜マーカーとした。6 つの *TCS* 遺伝子とカフェインレス形質をチャの標準連鎖地図にマッピングしたところ、カフェインレス形質と *TCSI* が強く連鎖し、*TCSI* がカフェインを含まない形質の原因遺伝子として有望な候補である。「タリエンス赤芽」の *TCSI* には、シーケンシングによって判別可能な 3 塩基の挿入配列があるので、

CafLess-TCS1 と名付けて選抜マーカーとして使用することとした。*CafLess-TCS1* を使用して選抜されたカフェインレスのヘテロ接合体の後代集団からカフェインレス個体が出現した。これらの結果は、開発された *CafLess-TCS1* がカフェインレス茶品種育成のための効果的な選抜マーカーであることを示した。

Breeding Science 69: 393–400 (2019)

染色体 6 に座乗する酒米品種に重要な心白発現 QTL の遺伝的効果の検証とマーカー利用選抜のための DNA マーカー開発

岡田聡史・山崎将紀

(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)

酒造好適米 (酒米) は高い心白発現率を特徴とし、その他にも日本酒の醸造に適した形質を持つイネ品種である。我々のこれまでの研究では、最も人気のある酒米の「山田錦」が有する心白発現に関連する量的形質遺伝子座 (Quantitative trait locus: QTL) が検出されていたが、遺伝的効果の検証は行われていなかった。また、心白の発現は気温を含めた栽培環境や穂上の着粒位置に大きく依存している。本研究では、染色体 6 で検出された心白発現 QTL, *qWCE6* の遺伝的効果について、栽培環境を考慮し、心白発現を調査するためのサンプリングを改良することによってこの QTL をはじめて検証できた。心白発現 QTL は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の環

境下において、日平均気温が低下する時期に相当する晩生に出穂し、強勢穎果が多く着粒する穂上部の二次小穂の心白発現率を調査することが肝要であることが、染色体断片置換系統を使った解析で明らかとなった。「コシヒカリ」遺伝的背景で QTL の遺伝子型が両親のホモ型間に有意差が検出されたと共に、その遺伝様式は不完全優性遺伝であることが明らかとなった。さらに、*qWCE6* のマーカー利用選抜のために 2 つの挿入/欠失マーカーを作成した。これらの結果は次世代の酒米育種において有益な情報であると考えられる。

Breeding Science 69: 401–409 (2019)

稔性を有する倍加半数体リンゴ系統を利用した果実形質の QTL 解析

國久美由紀¹⁾・滝田雄基²⁾・山口奈々子²⁾・岡田初彦²⁾・佐藤 守²⁾・小森貞男³⁾・西谷千佳子¹⁾・寺上伸吾¹⁾・山本俊哉¹⁾

(¹⁾ 農研機構・果樹茶業研究部門, ²⁾ 福島県農業総合センター果樹研究所, ³⁾ 岩手大学・農学部)

リンゴは経済的に重要な作物であるため、育種において、遺伝的に固定した完全ホモ個体である倍加半数体 (DH) 系統が作出されるなど、遺伝解析のために様々な取り組みがなされてきた。本研究では、量的形質の遺伝解析を単純化し、QTL の検出力を向上させることを目的として、果樹で初めて DH 系統を QTL 解析に利用した。'Prima' × 'リンゴ中間母本 95P6' (DH) の F₁ 交雑集団を用いて 'Prima' の連鎖地図を作成し、13 の形質に関連する 19 の QTL を検出した。これらの QTL は比較的高い LOD 値で検出され、また各形質の表現型分散を高い割合で説明していた。特に、酸度、果汁褐変性および裂果性の表現

型は 1 : 1 で分離し、第 16 連鎖群に検出された各々の QTL のアレルの分離とほぼ完全に対応していた。これらの形質は一般に量的遺伝すると考えられているが、本 F₁ 集団においては 1 遺伝子で支配されていると考えられた。遺伝的背景が単純化した本 F₁ 集団を利用することによって、リンゴの裂果性は潜性遺伝すること、および 'Prima' の持つ裂果性のアレルは高酸および果汁低褐変性と密接に連鎖していることが明らかとなった。

Breeding Science 69: 410–419 (2019)

連鎖解析および連鎖解析を組み合わせたマッピング法はトウモロコシの穀粒大と穀粒重に関わる候補遺伝子座を明らかにする

Derong Hao^{1,2)} • Lin Xue^{2,3)} • Zhenliang Zhang²⁾ • Yujing Cheng²⁾ • Guoqing Chen^{2,3)} • Guangfei Zhou²⁾ • Pengcheng Li¹⁾ • Zefeng Yang¹⁾ • Chenwu Xu¹⁾

¹⁾Jiangsu Key Laboratory of Crop Genetics and Physiology, Co-Innovation Center for Modern Production Technology of Grain Crops, Key Laboratory of Plant Functional Genomics of the Ministry of Education, Yangzhou University, China, ²⁾Nantong Key Laboratory for Exploitation of Crop Genetic Resources and Molecular Breeding, Jiangsu Yanjiang Institute of Agricultural Sciences, China, ³⁾Jiangsu Collaborative Innovation Center for Modern Crop Production, China)

多収性はトウモロコシ育種の最重要課題である。粒大および粒重はトウモロコシの収量の主要な構成要素である。本研究では、組換え近交系 (RIL) 集団および連鎖解析集団を用いて、4つのトウモロコシ穀粒関連形質：粒長、粒幅、粒厚および100粒重についての量的形質遺伝子座 (QTLs) を同定した。各形質の最良線型不偏予測量 (BLUPs) に基づく連鎖解析によって27の穀粒関連形質についてのQTLsが3つの環境で同定され、4つのQTLsが2つ以上の環境で安定して検出された。さらに、4つの穀粒関連形質およびBLUPsと有意に関連している29の一塩基多型 (SNPs) がゲノムワイド連鎖解析により同定

され、2つの遺伝子座が2つの環境で安定して検出された。両集団において、合計で4つのQTLs/SNPsが様々な形質で相互に関連していた。連鎖解析および連鎖マッピングを利用することにより、連鎖解析集団における穀粒幅および100粒重と関連した第1染色体上のPZE-101066560は、RILsにおける粒幅の*qKW1-3*のQTL区間にマップされた。候補領域内の2つの同定済み遺伝子は候補遺伝子の可能性がある。本研究で同定されたQTLsと候補遺伝子は、トウモロコシの多収性の分子育種に役立つと考えられる。

Breeding Science 69: 420–428 (2019)

イネにおける *Trichurus* 由来の NADP(H) 依存性グルタミン酸デヒドロゲナーゼ遺伝子 *TrGDH* の過剰発現は窒素同化、生育状態および1植物あたりの粒重を改善する

Chang-Qing Du • Jian-Zhong Lin • La-Ai Dong • Cong Liu • Dong-Ying Tang • Lu Yan • Ming-Dong Chen • Shan Liu • Xuan-Ming Liu

(Hunan Province Key Laboratory of Plant Functional Genomics and Developmental Regulation, College of Biology, Hunan University, China)

微生物のグルタミン酸デヒドロゲナーゼ (GDHs) は通常、高等植物のものより NH_4^+ に対し高い親和性を示すことから、高等植物において、これらのGDHの異所的な発現は窒素同化を改善できると予想される。ここでは、新規のNADP(H)-GDH遺伝子 (*TrGDH*) が真菌である *Trichurus* から単離され、イネ (*Oryza sativa* L.) に導入された。試験管内での反応速度論的特性の調査は、イネGDH (*OsGDH4*) と比較して、*TrGDH* の方が NH_4^+ に対してより高い親和性を持つことを示した ($K_m=1.48 \pm 0.11$ mM)。 NH_4^+ 同化率の測定により、*TrGDH* 遺伝子導入系統のNADP(H)-GDH活性が対照植物のものより有意に高いことが示された。養液栽培実験では、*TrGDH* 遺伝子導入系統において、新鮮重量、乾燥重量および窒素含有量が

有意に増加することを明らかにした。野外試験では、遺伝子導入系統の有効穂数、1,000粒重および1植物あたりの粒重が、特に低窒素レベル下で、対照群のものよりも有意に高いことが実証された。さらに、遺伝子導入イネ植物由来の種子において、グルテリンおよびプロラミンが著しく増加することが見出された。これらの結果は、イネにおける *TrGDH* の過剰発現が窒素同化を促進することで、生育状態および植物あたりの粒重を改善し得ることを十分に裏付けている。したがって、*TrGDH* は遺伝子工学によって作物の収量を確保するための有望な候補遺伝子である。

Breeding Science 69: 429–438 (2019)

Oryza nivara (Sharma et Shastry) に由来するツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子 *GRH6* に関する精密マッピング

Cong Nguyen Phi^{1,2)}・藤田大輔^{1,3)}・山形悦透¹⁾・吉村 淳¹⁾・安井 秀¹⁾

(¹⁾九州大学大学院・農学研究院, ²⁾ベトナム国・農業遺伝学研究所, ³⁾佐賀大学・農学部)

東アジアの温帯地域において、ツマグロヨコバイ (GRH: *Nephotettix cincticeps* Uhler) は、栽培イネ (*Oryza sativa* L.) の主要な害虫である。これまでに、野生イネ *Oryza nivara* が GRH 抵抗性を示すことは報告されているが、*O. nivara* 系統における GRH 抵抗性の遺伝的要因は明らかにされていない。本研究では、GRH 感受性でジャポニカ型栽培イネである台中 65 号と *O. nivara* 系統 IRGC105715 の交雑に由来する BC₃F₁ 集団を用いて、主要な GRH 抵抗性 QTL である *qGRH4.2* (LOD 値 14.1, 寄与率 67.6%) を第 4 染色体に検出した。GRH に抵抗性を示

した BC₃F₁ の 2 個体に由来する BC₃F₂ 集団を用いて、マーカー RM5414 と C60248 の間に *qGRH4.2* を *GRH6* に位置づけた。精密マッピングにより、*GRH6* の候補領域は、マーカー G6-c60k と 7L16f の間に特定され、その領域は「日本晴」ゲノム上で 31.2 kbp に相当した。GRH 抵抗性の遺伝的要因を明らかにしたことにより、イネのマーカー選抜育種において GRH 抵抗性遺伝子が効率的に利用できる。

Breeding Science 69: 439–446 (2019)

ゲノム配列情報に基づく識別マーカーによって選抜されたトマト RILs における果実重および貯蔵寿命に関わるゲノム領域

Vladimir Cambiaso¹⁾・Magalí Diana Gimenez¹⁾・Javier Hernán Pereira da Costa^{1,2)}・Dana Valeria Vazquez¹⁾・

Liliana Amelia Picardi^{1,2,3)}・Guillermo Raúl Pratta^{1,2)}・Gustavo Rubén Rodríguez^{1,2)}

(¹⁾Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Campo Experimental Villarino, Argentina, ²⁾Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Campo Experimental Villarino, Argentina, ³⁾Consejo de Investigaciones de la Universidad Nacional de Rosario, Universidad Nacional de Rosario, Argentina)

果実重 (FW) および貯蔵寿命 (SL) は、商用の食用トマトにおける重要な形質である。トマト組換え近交系 (RIL) 集団は、栽培トマト (*Solanum lycopersicum* L.) 品種「Caimanta」および *S. pimpinellifolium* L. のアクセッション「LA0722」を種間交雑し、それぞれの形質についての差が広がるように選抜して育成した。本研究の目的は、FW と SL の表現型と遺伝的要因を評価することである。RIL 集団の表現型データは 3 年間の試験で収集した。「Caimanta」および「LA0722」のゲノム配列に基づいて開発された 16 の SSR、62 の InDels、および果実サイズ関連遺伝子についての 4 つの実用的なマーカーを使用した。FW と SL には有意な遺伝的変異があり、両者とも遺伝子型と年次

の交互作用を示した。集団をゲノムワイドな分子マーカーで評価すると、FW による遺伝的構造化が示された。RIL を FW および SL の表現型が極端なグループに分けて、遺伝子座におけるアレル頻度の相違をマーカーデータで調査した。24 のマーカーが FW に関連しており、その中で 2 番染色体の *LC* 遺伝子および 1, 2, 6, および 11 番染色体の他の 6 つのマーカーが最も有意な関連を示した。さらに、トマトの SL についても 9, 10 および 12 番染色体における 3 つの新しいゲノム領域を報告した。

Breeding Science 69: 447–454 (2019)

温度感受性遺伝的雄性不稔イネにおけるカドミウム関連遺伝子の配列変異とカドミウム蓄積性との関連

Xiaohua Hao^{1,2)}・Canming Wu¹⁾・Rong Wang¹⁾・Lianfu Tian¹⁾・Taoyu Song¹⁾・Hang Tan¹⁾・Yangcheng Peng²⁾・

Meng Zeng¹⁾・Liangbi Chen¹⁾・Manzhong Liang¹⁾・Dongping Li¹⁾

(¹⁾Hunan Province Key Laboratory of Crop Sterile Germplasm Resource Innovation and Application, College of Life Science, Hunan Normal University, P.R. China, ²⁾College of Life and Environmental Science, Hunan University of Arts and Science, China)

ハイブリッドイネ品種の栽培は増加しているが、そのような

イネがカドミウム (Cd) で汚染された環境で栽培されると、高

レベルのCdが穀粒中に蓄積する危険性がある。Cdに対して安全なハイブリッドイネを生産するための実用的な方法のひとつは、低Cd蓄積の親系統の育成である。二系統式のハイブリッド育種において、温度感受性雄性不稔(TGMS)系統は、ハイブリッド種子を生産するための母親としての役目もある。近年、Cd蓄積に関わる遺伝子が同定されているが、TGMS系統の穀粒中のCd蓄積に対するこれらの遺伝子の効果は報告されていない。本研究では、174のTGMS系統についてのCd蓄積を調査し、安定して低Cdを示す15系統および高Cdを示す15系統を含む30のTGMS系統を選抜して、一塩基多型(SNP)

による遺伝子型分析および関連解析を実施した。Cd蓄積と7つのCdに関わる候補遺伝子内の変異部位との関連を、ロジスティックモデルを用いて解析した。4つの候補遺伝子内の9つの配列変異部位が、Cd蓄積と有意に関連することが明らかとなり、そのうち*OsNRAMP1*および*OsNRAMP5*に存在する2つは低Cdをもたらす変異で、表現型の46.4%および22.6%をそれぞれ説明した。これらの遺伝子座から、Cd蓄積特性の同定および低Cd選抜育種のための新しい分子マーカーを開発が可能とみられた。

Breeding Science 69: 455–463 (2019)

ダットンそばにおける果皮の厚さと収量関連形質との相関および遺伝分析

Chunhua Li^{1,2)}・Zhiming Xie³⁾・Yanqing Wang¹⁾・Wenjie Lu¹⁾・Guifang Yin¹⁾・Daowang Sun¹⁾・Changzhong Ren²⁾・Lihua Wang¹⁾

¹⁾Biotechnology and Germplasm Resources Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences/Yunnan Provincial Key Lab of Agricultural Biotechnology/Key Lab of Southwestern Crop Gene Resources and Germplasm Innovation, Ministry of Agriculture, China, ²⁾Baicheng Academy of Agricultural Sciences, China, ³⁾School of Life Sciences, Baicheng Normal University, China)

ダットンソバの加工において果皮を剥くという困難な問題を解決するために、‘Yunqiao No.1’と‘Rice buckwheat’のF₂およびF₃の分離世代を用い遺伝分析を行うとともに、F₃世代を用いて各形質間の表現型相関および遺伝相関を調べた。その結果、果皮の厚さが0.20 mm以上であれば果皮を剥き難いタイプ(厚い殻タイプ:果皮率>20%)であり、果皮の厚さが0.15 mm以下であれば果皮を剥きやすいタイプ(薄い殻タイプ:果皮率<20%)であった。一方、果皮の厚さが0.15 mm–0.20 mm間には果皮を剥きやすいタイプと果皮を剥き難いタイプの両方が存在していた。また、種子数および種子量において優性分散が相加分散より大きいことから、これらの形質は優性効果を示しており、初期世代における個体選抜は適しておらず、世代を進めた後期世代で選抜を行うことが有効である。千粒重および果皮

の厚さにおいては相加分散が優性分散より大きいことから、これらの形質は大きな相加効果を示しており、初期世代での選抜が可能である。また、果皮の厚さは千粒重と正の相関を示しており、果皮を剥き易いのはほとんど薄い殻タイプであるが、果皮の厚さと千粒重が中程度で、種子数が多く種子重が大きい個体を選抜することを検討することができる。また、本研究の交配分離世代から果皮の厚さが0.17 mm(0.15 mmから0.20 mmの間)、千粒重が14 g、種子数が1137粒、種子重が15.9 gの有望な個体が出現していることから、果皮を剥き易い多収品種を育成するには交配後代から果皮を剥き易い特性と果皮の厚さを選抜指標にすることが有効である。

Breeding Science 69: 464–470 (2019)

ミャンマーの野生イネ集団における遺伝的多様性と遺伝的構造の評価

宍戸理恵子¹⁾・秋本正博²⁾・Tin Htut³⁾・佐藤雅志^{4,5)}・石井尊生⁶⁾

¹⁾日本大学大学院・生物資源科学研究科, ²⁾帯広畜産大学, ³⁾Department of Agricultural Research, Ministry of Agriculture and Irrigation, Myanmar, ⁴⁾東北大学大学院・生命科学研究科, ⁵⁾現:東北大学大学院・農学研究科, ⁶⁾神戸大学大学院・農学研究科)

ミャンマーの野生イネ(*Oryza rufipogon*)自生集団の遺伝的多様性と遺伝的構造を評価するために、様々な生態的条件に基づいて7つの調査サイトを選んだ。自然生育条件下において大規模なサンプリングを行い、6個のSSRマーカーと2個の葉緑体DNAマーカーを用いて遺伝的多様性の調査を行った。1559のサンプルから6個のSSR遺伝子座で合計77個の対立遺伝子が検出された。集団あたりの平均対立遺伝子数は3.167~8.667個であり、ヘテロ接合度の期待値の平均は0.140~0.701であっ

た。野生イネ集団は様々な環境条件下で生き残り、遺伝的多様性の程度は各々の集団で異なっていた。大規模なサンプリングは、比較的狭い分布域における野生イネ集団の遺伝的構成を明らかにするのに効果的であった。葉緑体DNAの多型性については、4つの集団が単一のハプロタイプで構成されており、3つの集団が2つあるいは5つのハプロタイプを同じ集団内に有していた。さらにこれまでに報告のない新しい遺伝子型の存在も示された。ミャンマーの野生イネ集団の葉緑体DNAには多

様な変異が生じていることが明らかとなった。野生イネの遺伝的変異は集団間よりも集団内において高い割合で検出された。ミャンマーの野生イネの遺伝的多様性を維持するためには、大

規模な集団からより多くの個体を保護することが望ましいと考えられる。

Breeding Science 69: 471–477 (2019)

「春のあけぼの」の準同質遺伝子系統を用いた製パン性と最終発酵生地の生地応力間の関係解析

高田兼則¹⁾・松下耕基^{2,3)}・五嶋大介²⁾・中村 正²⁾・山内宏昭²⁾

(¹⁾農研機構・西日本農業研究センター, (²⁾帯広畜産大学, (³⁾岩手大学・連合農学研究科)

高分子量グルテニンサブユニット (HMWGs) の組成が異なる「春のあけぼの」とその準同質遺伝子系統の 10 種の遺伝子型の小麦粉から作られた種々の食パン生地の物性がマックスウェル 2 要素モデルに基づくクリープ解析によって測定された。また、各種生地の最終発酵時の膨張時生地応力が数値計算法により求められた。その結果から、高い弾性的特性、即ち大きな緩和時間 (τ_0) と定常粘性係数 (η_N) を有する生地は最終発酵過程を通して高い生地応力と最終発酵終了時での高い応力 (σ_{end}) を示し、逆に τ_0 と η_N が小さい弾性的特性の低い生地は

全く反対の傾向を示した。また、この研究の結果、計算により求められた σ_{end} と生地のガス保持性およびパンの比容積 (SLV) のような製パン性 (BMQ) との間に有意に高い相関があることが判った。これらの結果は、SLV に代表される種々の食パン生地の BMQ が生地の物性、特に τ_0 と η_N に大きく影響されることを示しており、それらは HMWG の組成の違いによって変化する。

Breeding Science 69: 478–486 (2019)

ソバ (*Fagopyrum esculentum* M.) の遺伝子転写産物のデノボアセンブルと種子の大きさに関する遺伝子の同定

Xiaomei Fang · Yuanli Zhang · Yuke Zhang · Kehui Huang · Wenjuan Yang · Xiaoyu Li · Zhiyong Zhang ·

Kanghong Wu · Xin Xu · Renwu Ruan · Xiaohui Yuan · Zhengsheng Zhang · Zelin Yi

(College of Agronomy and Biotechnology, Southwest University, People's Republic of China)

ソバ (*Fagopyrum esculentum* M.) は真正双子葉類・タデ科 *Fagopyrum* Mill 属に属しその種子は高い栄養価を有している。ソバ種子の発達メカニズムは分子レベルでは明らかになっておらず、種子の大きさに関連する遺伝子は同定されていない。本研究ではソバ 2 品種 (種子サイズが大きい品種と小さい品種) の開花 5 日後および 10 日後のソバのゲノムワイドな遺伝子転写産物配列のシーケンシングと解析を行った。合計 259,895 個の転写産物配列をアセンブルした結果、187,034 個のユニークな配列が得られ、その平均長は 1097 bp、N50 長は 1538 bp だった。遺伝子発現プロファイルから 9127 の発現量が異なる遺伝子 (DEG) が同定され、これらについて GO エンリッチメン

トおよび KEGG 解析を実施した。さらに種子の大きさに関わる IKU 経路、ユビキチン-プロテアソーム経路、MAPK シグナル伝達経路、TF および植物ホルモンに関連する遺伝子を同定、分析した。AP2 および bZIP 転写因子、BR シグナルおよび ABA は種子の大きさに関する重要なレギュレーターであると考えられた。本研究で得られた成果はソバの種子の大きさを制御する候補遺伝子の同定と機能解析を実施する上で有用な遺伝学的情報であり、ソバの種子の大きさを改良する分子育種において役立つものである。

Breeding Science 69: 487–497 (2019)

ノート

ゲノムワイド SNP と SSR 遺伝子型に基づくナスコアコレクションの構築

宮武宏治・新村芳美・松永 啓・福岡浩之・齊藤猛雄
(農研機構・野菜花き研究部門)

農研機構ジーンバンクに保存されているナス遺伝資源 893 点からコアコレクションを構築した。解析には、ゲノムワイドに配置した 831 個の SNP と 50 個の SSR の遺伝子型を利用し、Core Hunter II プログラムにより実施した。解析に用いた 893 点は世界中から収集した遺伝資源であり、主にアジア地域から導入されたものである。本解析により、893 点のナス遺伝資源が有する遺伝的多様性と集団構造の特徴が明らかとなった。ナスにおける多様性中心を形成するアジア、特に南アジアと東南アジアの系統において他の地域より高い遺伝的多様性が認められた。解析の結果、主に遺伝的多様性の高い国から収集された 100 点により構成される World Eggplant Core (WEC) コレクション

が構築された。SNP 遺伝子型に基づくクラスター解析とストラクチャー解析の結果、WEC コレクションは S1 から S4 の 4 つのクラスターに分類された。それぞれのクラスターは以下の通り地理的なグループに対応している、S1: ヨーロッパ、アメリカ、アフリカ、S2: 東アジア、S3: 東南アジア、S4: 南アジア、東南アジア。WEC コレクションの遺伝子型、表現型データは VegMarks データベース (<https://vegmarks.nivot.affrc.go.jp/resource/>) から利用可能であり、種子は農研機構ジーンバンク (https://www.gene.affrc.go.jp/databases-core_collections.php) から入手可能である。

Breeding Science 69: 498–502 (2019)

農業形質と加工品質を改良するコムギ-*Aegilops umbellulata* 添加系統

Xuye Du¹⁾・Zhenzhen Jia^{1,2)}・Yang Yu¹⁾・Shuang Wang¹⁾・Bingjie Che¹⁾・Fei Ni³⁾・Yinguang Bao³⁾

¹⁾School of Life Sciences, Guizhou Normal University, China P.R., ²⁾Management Office of Scientific Research, Guizhou Normal University, China P.R., ³⁾Agronomy College, State Key Laboratory of Crop Biology, Shandong Agricultural University, China P.R.)

コムギの加工品質は主に、胚乳の高分子量グルテニンサブユニット (HMW-GS) に関係する。パンコムギでは、HMW-GS のアレルの数に限界がある。しかし、コムギ近縁種は多くの HMW-GS 遺伝子を保有している。私達のこれまでの研究で、*Aegilops umbellulata* にある一対の新規な HMW-GS, 1Ux3.5+1Uy1.9 の性質解明を行った。本研究では、一対の 1U 染色体を持つ新規なコムギ-*Ae. umbellulata* 添加系統 GN05 を開発し、細胞学的分析によって同定した。蛋白質の分析によって

GN05 は、*Ae. umbellulata* の HMW-GS を持っていることが示された。グルテンマクロポリマー (GMP) が集積することにより、GM05 は Chinese Spring に比べより多くの GMP を持つことが分かった。ミキシング解析により粘弾性の分析を行い、GN05 は Chinese Spring に比べ、改善されていることが明らかとなった。この研究結果はパンコムギ品質を改善させるための有用な資源を提供するかも知れない。

Breeding Science 69: 503–507 (2019)

畑条件での植物根系の表現型解析のためのバックホー支援型モノリス法の開発

寺本翔太¹⁾・木富悠花¹⁾・西嶋 遼²⁾・高安聡子¹⁾・丸山奈津子¹⁾・宇賀優作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)

根系構造 (RSA) は植物にとって養水分の効率的な獲得を決めるうえで最も重要な形質のひとつである。根系構造の変更は作物の根のパフォーマンスを向上させるうえで有効な手段であることが知られている。しかしながら、根系を計測するうえで、一定体積の土壌中から根サンプルを迅速に収集する方法は限られている。本レポートで、我々は、省力化のために鋼鉄製の円筒モノリスとバックホーを用いた迅速な根サンプリング手法を

提案する。モノリスをイネの株元に設置し、バックホーを用いて土壌中に垂直に貫入させた。このモノリスによって幅 20 cm 高さ 25 cm の土壌サンプルを回収し、そこからイネの根を単離した。バックホー支援型モノリス法は 1 サンプルあたり最大 5 分で根サンプルを収集できる。本手法を用いて、浅根型、中間型、および深根型などの異なる根系を形成すると報告されている 3 つのイネ系統の根形質を画像解析ソフトにより定量した。その

結果、過去に報告されたのと同じ根系傾向が認められたことから、本サンプリング法は土壤中の根形質の定量化に有用である

ことが示された。

Breeding Science 69: 508–513 (2019)

高抗酸化能の普通ソバ品種「ガンマの彩」、 「コバルトの力」 および「ルチキング」の育成

森下敏和¹⁾・清水明美¹⁾・山口博康^{1,2)}・出花幸之介^{1,3)}

(¹⁾ 農研機構・次世代作物開発研究センター, (²⁾ 農研機構・野菜花き研究部門, (³⁾ 沖縄県農業研究センター)

高抗酸化能の普通ソバ品種を育成するためにガンマ線照射した集団から個体選抜を実施した。選抜と増殖を4回あるいは5回繰り返した。この循環選抜により、抗酸化能が向上した多数の個体が得られた。これらの内、4サイクル目で2個体、5サイクル目で9個体を選抜し、系統とした。これらの系統は何れ

も抗酸化能が向上し、多様なポリフェノール組成を示した。これらの系統から「ガンマの彩」と「コバルトの力」の2品種を育成した。また高ルチンの個体選抜により「ルチキング」を育成した。

Breeding Science 69: 514–520 (2019)

ダイズ低温着色抵抗性に関する主要な QTL の圃場における効果検証

山口直矢¹⁾・萩原誠司²⁾・平井 泰³⁾

(¹⁾ 北海道立総合研究機構十勝農業試験場, (²⁾ 北海道立総合研究機構北見農業試験場, (³⁾ 北海道立総合研究機構中央農業試験場)

日本の最北に位置する北海道では、ダイズ [*Glycine max* (L.) Merr.] は低温障害を受ける。低温は臍周辺部の種皮着色により種子の外観品質に悪影響を及ぼし、これは低温着色と呼ばれる。人工気象室を用いた低温着色抵抗性検定法が開発され、低温着色に関する2つの量的形質遺伝子座 (QTLs) が同定された。このうち主要な QTL は *I* 遺伝子座近傍に位置し、この *I* 座の構造多型は育種選抜に役立つ DNA マーカーであることが示され、*Ic* マーカーと呼ばれている。*Ic* マーカーは人工気象室の条件下でのみ開発されてきたため、このマーカーを育種プログラムで

利用するためには、圃場条件下での効果検証が必要である。そこで、本研究の目的は、冷涼な圃場環境下における *Ic* マーカーの効果を検証することである。本研究では、著しい低温障害が発生した圃場で栽培した準同質遺伝子系統を含む27の品種系統を用いて、*Ic* 座は極めて有効であることを確認した。準同質遺伝子系統において、*Ic* 座は農業形質に悪影響を及ぼさなかった。本研究の結果は、育種プログラムにおいて、*Ic* 座のマーカー選抜が低温着色抵抗性の向上に有効であることを示している。

Breeding Science 69: 521–528 (2019)

野生ダイズ (*Glycine soja*) に由来するハスモンヨトウ抵抗性 QTL の評価

大木信彦¹⁾・高木恭子²⁾・石本政男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・東北農業研究センター, (³⁾ 農研機構・次世代作物開発研究センター)

ハスモンヨトウはダイズの重要害虫である。これまでに、我々は広島県で採集した野生ダイズ系統「JP110755」と優良品種「フクユタカ」の交雑に由来する組換え自殖系統のハスモンヨトウ非嗜好性評価 (摂食嗜好性の測定) を行った。解析の結果、量的形質遺伝子座 (QTL), *qRslx3* および *qRslx4* が発見された。本研究では、「フクユタカ」と熊本県で収集した野生ダイズ系統「G406」の組換え自殖系統を用いて非嗜好性評価を行った。その結果、染色体7に QTL が検出され、「G406」アレルが抵抗性を示した。この QTL の座位は、これまでに「フクユタカ」

と抵抗性品種「ヒメシラズ」の F₂ 集団の解析で検出された抗生性に関連する QTL, *CCW-2* とほぼ同じであった。これらの QTLs は同座である可能性が考えられるが、「ヒメシラズ」型は非嗜好性の効果は示さなかったため、「G406」と「ヒメシラズ」は異なるアレルを持つ可能性が高い。野生ダイズが持つ抵抗性遺伝子をピラミディングすることにより、ハスモンヨトウ抵抗性品種の育成に寄与できると期待される。

Breeding Science 69: 529–535 (2019)

パセリユビキチンプロモーターはキクでの導入遺伝子の発現において CaMV 35S プロモーターおよびキクアクチン2 遺伝子プロモーターより生産的、構成的かつ、持続的な活性を示す

加星光子・間竜太郎・佐々木克友
(農研機構・野菜花き研究部門)

キク (*Chrysanthemum morifolium*) は世界的に重要な花き品目の1つである。また、遺伝子組換え技術は形質の改良、ゲノムの改変に加えて、植物生理学研究にも有効な手段であるが、効率的な遺伝子組換えには、導入遺伝子の発現量、発現箇所および、発現時期を決定するプロモーターが重要な要素となる。双子葉植物で最もよく用いられているカリフラワーモザイクウイルス (CaMV) 由来 35S プロモーターは、キクではタバコヤトニアと比べて活性が低いことが知られているが、我々はこれまで、パセリユビキチンプロモーターがキクのカルスにおいて高い活性を示すことを報告している。本論文では、キクで利用可能な構成的プロモーターの種類を増やすために、キクのア

クチン2 遺伝子上流 2.5 kb をプロモーターとして単離し、キクの各植物器官および長期間栽培時において、パセリユビキチンプロモーターおよび 35S プロモーターの活性と比較した。その結果、キクアクチン2 プロモーターは 35S プロモーターよりもカルスでは高い活性を示したが、持続性は低い傾向が見られた。その一方で、パセリユビキチンプロモーターはカルスだけでなく、葉、舌状花、管状花においても他のプロモーターより高い活性を示し、長期間の栽培でも活性を維持していた。本研究により、キクで構成的な遺伝子発現に適したプロモーターについての有用な知見が得られた。

Breeding Science 69: 536–544 (2019)