

総説 (一般)

気候変動とバレイショ：環境ストレスにいかに対処すれば良いか？

Tri Handayani<sup>1,2)</sup>・Syed Abdullah Gilani<sup>3)</sup>・渡邊和男<sup>4)</sup>

(<sup>1)</sup>筑波大学大学院・生命環境科学研究科, (<sup>2)</sup>Indonesian Vegetable Research Institute, Indonesia, (<sup>3)</sup>Department of Biological Sciences and Chemistry, University of Nizwa, Sultanate of Oman, (<sup>4)</sup>筑波大学・つくば機能植物イノベーション研究センター)

バレイショは、水の適正な質量管理を必要とし、相対的に低温で安定的な生産性を確保できるが、気候変動は、気温上昇、乾燥や塩害などでバレイショ生産へ被害を引き起こす。バレイショでは、乾燥、高温や塩害を緩和するための多様な栽培技術が開発されてきている。環境ストレス耐性を備えた革新的な品種の開発は、不適正な条件での栽培にて妥当な収量性を確保するために必須となってきている。現存の商業品種は、往々にして環境ストレスに脆弱であり、遺伝的多様性は限られており、これらの品種利用での飛躍的な耐性の向上は、容易には達成できない。一方、在来品種や野生種は、耐性向上を目指した遺伝的変異の導入に資する可能性がある。バレイショは、同質倍数

体でありヘテロ接合性が高いため、環境ストレス耐性の表現型選抜とそれらの生殖質の後代への浸透は煩雑であり、耐病性や耐虫性育種におけるこれまでの成果に比べはるかに難しい。昨今では、バレイショは、さらなる環境ストレスを抱えてきている。ゲノミクス、トランスクリプトーム解析、プロテオミクスやメタボロミクスの革新的な統合解析により、バレイショ野生種を開拓できる可能性がある。複合環境ストレスの状況での栽培の現場では、統合適用技術による処精度の高い栽培技法や異なる育種法による品種を利用する必要がある。

Breeding Science 69: 545–563 (2019)

原著論文

ダイズにおけるイソフラボン分子種のマロニルグリシチン含量を制御する主要 QTL の同定と特徴付け

渡邊啓史<sup>1)</sup>・山田梨裳<sup>1)</sup>・金武葉月<sup>1)</sup>・加賀秋人<sup>2)</sup>・穴井豊昭<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>佐賀大学・農学部, (<sup>2)</sup>農研機構・次世代作物開発研究センター)

ダイズ種子に含まれるイソフラボンは微生物との相互作用や病原菌に対する防御応答に働く一方で、ヒトの健康に対する機能性も知られている。我々は二つの二親系交配に由来する分離集団とダイズミニコアコレクションを用いて、イソフラボン含量に関与する量的形質遺伝子座 (QTL) の同定と検証を行った。グリシチン含量の多い、少ない、欠損型の表現型を示す両親間の交雑によって得られた分離集団を用いて、主要な QTL として 11 番染色体上にマロニルグリシチンの含量を制御する *qMGly\_11* を見出した。グリシチン含量が高い青黄豆と低いフクユタカとの交雑で得られた分離集団では、*qMGly\_11* の表現型分散に対する寄与率は 44.5% であり、グリシチン欠損型の球磨地 1 号とフクユタカの交雑で得られた分離集団における

*qMGly\_11* の表現型分散に対する寄与率は 79.9% であった。この QTL の効果は胚軸において認められた。*qMGly\_11* の効果をダイズミニコアコレクションを用いて検証した結果、*qMGly\_11* はグリシチン含量の 57.1%、マロニルグリシチン含量の 56.5% の遺伝的多様性を説明した。分析に用いた全ての集団において、*qMGly\_11* によるグリシチンとマロニルグリシチンの含量の増加は、ダイゼインとマロニルダイゼインの減少を伴うものであった。我々はこの QTL の責任遺伝子と、グリシチン欠損型対立遺伝子のダイズ種子におけるイソフラボンの代謝工学的観点からの利用価値について議論する。

Breeding Science 69: 564–572 (2019)

## 染色体断片導入系統群を用いて同定された *Oryza longistaminata* (A. Chev. & Roehrich) に由来する 4 つのツマグロヨコバイ *Nephotettix cincticeps* (Uhler) 抵抗性遺伝子

Hnin Wah Thein<sup>1)</sup>・山形悦透<sup>1)</sup>・Tan Van Mai<sup>1,2)</sup>・安井 秀<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>九州大学大学院・農学研究院, <sup>2)</sup>現: ベトナム共和国・Vinaseed 研究開発センター)

ツマグロヨコバイ (green rice leafhopper, GRH, *Nephotettix cincticeps* Uhler) は温帯アジアにおけるイネの重要害虫である。イネ野生種は虫害抵抗性の主要な給源である。アフリカのイネ野生種 (*O. longistaminata* A. Chev. & Roehrich) の系統 W1413 は GRH に対して抵抗性である。本抵抗性を解析するため、私たちは GRH に対し感受性を示す日本晴を遺伝的背景に持ち、W1413 由来の染色体断片が導入された 28 系統の BC<sub>3</sub>F<sub>3</sub> 世代の染色体断片導入系統群を樹立し、GRH に対する抵抗性を評価した。5 つの BC<sub>3</sub>F<sub>3</sub> 集団について量的形質遺伝子座 (QTL) 解析を行い、7 つの BC<sub>3</sub>F<sub>4</sub> 集団を QTL の検証に用いた。染色体 2 の長腕 (*qGRH2*), 4 番染色体の短腕 (*qGRH4*), 5 番染色体

の短腕 (*qGRH5*), および 11 番染色体の長腕 (*qGRH11*) 上に 4 つの有意な QTL が同定された。*qGRH11* 座における W1413 対立遺伝子の寄与が 4 つの QTL の中で最も大きかった。他の QTL も GRH 耐性に寄与していた。QTL を検出した染色体上での位置から、*qGRH11* は既報の GRH 抵抗性遺伝子 *Grh2*, *qGRH4* は *Grh6*, *qGRH5* は *Grh1* の領域に対応することが示唆された。*qGRH2* は GRH 抵抗性に関する新奇 QTL であった。したがって、GRH に対する *O. longistaminata* の耐性は少なくとも 4 つの QTL によって説明することができる。

**Breeding Science** 69: 573–584 (2019)

## SSR, SRAP および TRAP マーカーを利用したシイタケ連鎖地図の構築

Hui Dong<sup>1)</sup>・Xiaodong Shang<sup>2)</sup>・Xiaoyan Zhao<sup>1)</sup>・Hailong Yu<sup>2)</sup>・Ning Jiang<sup>2)</sup>・Meiyan Zhang<sup>2)</sup>・Qi Tan<sup>2)</sup>・

Changyan Zhou<sup>1)</sup>・Lujun Zhang<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>Institute of Agro-Food Quality Standard and Testing Technology, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, Laboratory of Agro-Food Quality and Safety Risk Assessment at Shanghai, China, <sup>2)</sup>Institute of Edible Fungi, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, National Research Center of Edible Fungi Biotechnology and Engineering, China)

遺伝地図は、真核生物のゲノム研究における基本的なツールである。それは、遺伝子または量的形質 (QTLs) の位置を明確にし、マップベースクローニングを可能にする。本研究において、商業的に利用される系統 L808 の 2 つの親一核相と 4 交配型 (A<sub>1</sub>B<sub>1</sub>, A<sub>1</sub>B<sub>2</sub>, A<sub>2</sub>B<sub>1</sub> および A<sub>2</sub>B<sub>2</sub>) に分離すると考えられる 93 の単胞子分離からの DNA サンプルを利用して一つの連鎖地図を構築した。Simple Sequence Repeats (SSR), Sequence Related Amplified Polymorphism (SRAP), Target Region Amplified Polymorphism (TRAP) の分子マーカーを利用

して、182 マーカーと 2 つの交配型因子が 11 連鎖群に座乗した。全長は、948.083 cM であり、マーカー間の平均距離は 4.817 cM であった。20 cM 以上の間隔が認められたのは 2 箇所であった。1 マーカーがカバーする 20 cM, 10 cM, 5 cM の遺伝的距離の確率は、それぞれ連鎖地図において 99.68%, 94.36%, 76.43% であった。これは SSR マーカーを含むシイタケ (*Lentinula edodes*) の初めての連鎖地図であり、QTL 解析やゲノムアセンブルを改善する上で必要不可欠な情報を提供する。

**Breeding Science** 69: 585–591 (2019)

## バレイショにおける青枯病抵抗性に関する QTL 解析

波部一平<sup>1)</sup>・宮武宏治<sup>2)</sup>・布目 司<sup>2)</sup>・山崎将紀<sup>3)</sup>・林 武司<sup>4)</sup>

(<sup>1)</sup>長崎県農林技術開発センター, <sup>2)</sup>農研機構・野菜花き研究部門, <sup>3)</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>4)</sup>農研機構・次世代作物開発研究センター)

*Ralstonia solanacearum* によって引き起こされる土壌病害の青枯病は、バレイショを含むナス科植物にとって最重要病害の一つである。我々は、バレイショにおける青枯病抵抗性について QTL 解析を行った。抵抗性二倍体系統「10-03-30」と罹病性二

倍体系統「F<sub>1</sub>-1」との交雑により二倍体の 94 個体からなる F<sub>1</sub> 集団を作出して、two-way pseudo-testcross 法による連鎖解析を行い、合計 4,139 個の一塩基多型 (SNP) マーカーで構成された各親由来の 2 つの高密度な連鎖地図を作製した。抵抗性評

価は, phylotype I (biovar 4/race 1) の菌株を用いて, *in vitro* 検定により行った. QTL 解析の結果, 第 1, 3, 7, 10 および 11 番染色体上に合計 5 つの QTLs が検出され, 各 QTL の寄与率は 9.3–18.4% であった. 抵抗性親である「10-03-30」は, 第 3, 7 および 10 番染色体上の QTLs において抵抗性アリルを持ち, 第 1 および 11 番染色体上の QTLs では罹病性アリルを持って

いた. これら 5 つの QTLs が集積された F<sub>1</sub> 個体は, 抵抗性親よりも高い青枯病抵抗性を示し, QTLs の集積効果が確認された. 本研究は, バレイショの青枯病抵抗性に対して, ゲノムワイドマーカーを用いて QTL 解析を行った最初の報告である.

**Breeding Science** 69: 592–600 (2019)

## 登熟中の普通コムギ種子の植物ホルモンのプロファイリング

松浦恭和<sup>1)</sup>・森 泉<sup>1)</sup>・氷見英子<sup>1,2)</sup>・平山隆志<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>岡山大学・資源植物科学研究所, <sup>2)</sup>現: 吉備国際大学・農学部)

圃場で栽培した異なる休眠性を示す普通小麦 7 系統の登熟中の種子中に含まれる 9 種の植物ホルモンの含量を液体クロマトグラフィー質量分析計により調査した. 完熟種子の発芽性を 15°C と 20°C で試験をしたところ, 各系統間に発芽指数の違いが認められた. 種子中のそれぞれのホルモン含量は開花後 30 日から 60 日にかけて特徴的なパターンを示した. 主成分解析および階層化クラスターリング解析により植物ホルモンのプロファイルが休眠の度合いと相関していないことが明らかとなり, 普通小麦系統の穂発芽性が種子中に蓄積する植物ホルモン含量と関連しないことが示唆された. 乾燥種子中のインドール

-3- 酢酸含量は発芽指数と正の相関を示したが, 他のホルモンでは相関は認められなかった. 胚を含む半切種子の外生アブシシン酸 (ABA) への応答性から, 種子発芽性は ABA への感受性と相関があることが示唆された. これは小麦種子の ABA 信号伝達を調節する *MOTHER OF FT AND TFL* (*MFT*) の対立遺伝子の遺伝型によって部分的に説明できた. これらの結果は小麦種子の休眠性の多様性が, 登熟中の種子の ABA 含量ではなく乾燥種子の ABA 感受性によって説明できることを示唆している.

**Breeding Science** 69: 601–610 (2019)

## ゲノムワイド連鎖マッピングによるアップランド綿の綿実およびリント収量の遺伝的構造の分析

Yuanyuan Wang<sup>1)</sup>・Guirong Li<sup>1)</sup>・Xinlei Guo<sup>2)</sup>・Runrun Sun<sup>1)</sup>・Tao Dong<sup>1)</sup>・Qiuyue Yang<sup>1)</sup>・Qinglian Wang<sup>1)</sup>・Chengqi Li<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>Collaborative Innovation Center of Modern Biological Breeding, Henan Institute of Science and Technology, China, <sup>2)</sup>Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Horticultural Crops of the Ministry of Agriculture, Sino-Dutch Joint Laboratory of Horticultural Genomics, China)

綿実 (SY) とリント収量 (LY) は綿花の収量に関する形質として最も重要である. そのため, これらの遺伝的構造を分析することは不可欠である. アップランド綿 (*Gossypium hirsutum*) は世界の多くの地域で生育している. 本研究ではアップランド綿の SY と LY に関する遺伝的構造を分析するため, ゲノムワイド連鎖解析マッピングを CottonSNP80K アレイを用いて実施した. SY に関する 11 の連鎖と LY に関する 12 の連鎖を含む 23 の有意な連鎖が 4 つの環境下において検出された. 7 つの一塩基多型 (SNPs), すなわち TM234, TM237, TM247, TM255, TM256, TM263 および TM264 が 2 つの形質に共通して連鎖しており, 多面的発現もしくは遺伝子間

の強い連鎖を示唆していた. 5 つの SNPs, すなわち TM81653, TM81660, TM39771, TM57119 および TM13332 は既報の SNPs と関係があり, マーカー選抜に利用できると考えられた. 有意に連鎖していた SNPs の 400 kb 以内の遺伝子発現解析と機能アノテーションにより, 我々は 3 つの遺伝子, すなわち SY に関わる *Gh\_D05G1077* と *Gh\_D13G1571* および LY に関わる *Gh\_A11G0775* は綿花の収量増加に関与すると推定した. 得られた結果はアップランド綿の収量関連形質の遺伝的背景を理解する上で有用な情報であり, 分子デザインによるアップランド綿の高収量育種に貢献する.

**Breeding Science** 69: 611–620 (2019)

## 水ストレス・灌水条件下におけるトウモロコシ (*Zea mays* L.) の収量構成要素と形態形質の比較 QTL 解析

Xiaoqiang Zhao<sup>1,2)</sup>・Jinwen Zhang<sup>1,2)</sup>・Peng Fang<sup>1,2)</sup>・Yunling Peng<sup>1,2)</sup>

<sup>1)</sup>Gansu Provincial Key Laboratory of Aridland Crop Science, Gansu Agricultural University, China, <sup>2)</sup>College of Agronomy, Gansu Agricultural University, China)

干ばつはトウモロコシの形態と生産力に著しい影響を与える。干ばつストレス下における、収量構成要素と形態形質の遺伝的メカニズムの解明、および、緊密に連鎖する分子マーカーは、マーカー利用選抜 (MAS) 育種において非常に重要である。ここでは、複合区間マッピング (CIM) を用いた単一環境データの解析により、干ばつと非干ばつの両方の条件下で、2つの F<sub>2,3</sub> 集団の穂あたり穀物重量、カーネル比、および穂高と植物高さの比について 32 の QTL を特定した。そのうち 21 の QTL が水ストレス条件下で検出された。混合線形モデルに基づく複合区間マッピング (MCIM) を用いた全環境の同時解析により、29 の QTL を特定した。CIM および MCIM により、20 の安定

した QTL (sQTL) が同時に検出され、QTL ピラミッド化を介して、これらの形質の遺伝的改善に役立つ可能性が示された。特に、bin1.07-1.10/6.05/8.03/8.06 では、形質間の表現型相関と一致する 4 つの多面的な sQTL が検出され、QTL の多面性を支持し、かつ、対照的な灌水条件下で成長と収量に利点を与える重要な役割を果たすと考えられた。これらの結果は、異なる灌水条件により影響を受ける収量構成要素と形態特性の遺伝的支配のメカニズムに関する情報を提供する。さらに、これらの対立遺伝子は MAS の有用な標的を与える。

**Breeding Science** 69: 621–632 (2019)

## イネの嫌気条件下での発芽に関する新しい評価法および多様な遺伝資源への適用

久家敬之<sup>1)</sup>・孫 健<sup>1,2)</sup>・飯島 健<sup>1)</sup>・Ramaiah Venuprasad<sup>3)</sup>・山本敏央<sup>1,4)</sup>

<sup>1)</sup>農研機構・次世代作物開発研究センター, <sup>2)</sup>中国・瀋陽農業大学, <sup>3)</sup>アフリカ稲センター, <sup>4)</sup>現:岡山大学・資源植物科学研究所)

直播はイネの栽培において時間と労力を削減する。しかしながら苗立ちが不安定で、収量は移植よりも低い。嫌気条件下での発芽 (AG) はイネの直播を改善するための鍵となる形質である。そこでイネの育種に使える簡便で信頼性のある AG の評価法を確立した。種子を蒸留水または無酸素水で発芽させ、数日後に子葉鞘の長さを測定した。そしてそれぞれの結果を冠水土壤下における生存率と比較した。加えて無酸素水評価系を QTL 解析と品種の評価に用いた。その結果、無酸素水評価系における子葉鞘の伸長と冠水土壤評価系の生存率は有意な相関

を示した ( $r=0.879, P<0.01$ )。効果の大きな遺伝子 (*AG1*) であると考えられる有意な QTL が耐性と感受性品種に由来する染色体断片置換系統群と戻し交配 F<sub>2</sub> 集団で見つかった。多様なイネの遺伝資源が耐性と感受性品種群に分類され、これらは生態型を反映していた。本研究では無酸素水評価系が冠水土壤評価系と比較して、安定した環境下でスペースと時間を削減することを明らかにした。この方法は嫌気条件下での発芽に関与する QTL 解析および遺伝子単離に適用可能である。

**Breeding Science** 69: 633–639 (2019)

## ベトナムの葉菜用アマランサス (*Amaranthus tricolor* L.) 遺伝資源の遺伝的多様性

Duc Chinh Nguyen<sup>1,2)</sup>・Danh Suu Tran<sup>2)</sup>・Thi Thu Hoai Tran<sup>2)</sup>・大澤 良<sup>3)</sup>・吉岡洋輔<sup>3)</sup>

<sup>1)</sup>筑波大学大学院・生命環境科学研究科, <sup>2)</sup>ベトナム植物資源センター, <sup>3)</sup>筑波大学・生命環境系)

アジアやアフリカで伝統的な食材として消費されている葉菜用アマランサスは、現在最も有望な野菜として注目されている。ベトナムでは葉菜用アマランサスの *Amaranthus tricolor* L. が、その優れた栄養価や生物的・非生物的ストレスに対する高い耐性から、重要な夏野菜になっている。しかし、本種の体系的な育種は行われていない。本論文では、葉緑体 DNA の *matK* 領域の塩基配列多型と核 DNA の単純反復配列 (SSR) マーカー

を用いて、ベトナムが保有するアマランサス遺伝資源の種同定と遺伝的多様性の評価について示す。葉緑体 *matK* 領域の塩基配列に基づいた系統解析により、遺伝資源の 68% の種が同定され、そのうち 120 点は *A. tricolor* であった。著者らが新たに開発した 21 の SSR マーカーを用いてベトナムおよびその他の国に由来する *A. tricolor* 遺伝資源 294 点のジェノタイプングを行った結果、合計 153 の対立遺伝子が確認され、マーカーごと

の平均対立遺伝子の数は7.29, ヘテロ接合度の観察値と期待値はそれぞれ0.14と0.38, 多型情報量は0.35であった. ストラクチャー解析とFst分析では, ベトナムの遺伝資源とその他の国・地域に由来する遺伝資源において地理的距離と遺伝的差異の間に正の関係があることを示したが, ベトナム国内の集団間

ではそのような関係は認められなかった. ベトナムのアマランスは, 東アジアの一般的なタイプとベトナム特有のタイプの2つに分類された.

**Breeding Science** 69: 640–650 (2019)

## 新規な組合せのハプロタイプによって, イネの幼苗生育量が明らかとなり, 乾物バイオマス増加の正確な予測が可能となる

Liang Xu<sup>1)</sup>・Leizhou Guo<sup>1)</sup>・Hui You<sup>1)</sup>・Ouling Zhang<sup>1)</sup>・Xunchao Xiang<sup>1,2)</sup>

(<sup>1)</sup>Laboratory of Plant Molecular Genetics and Breeding, Southwest University of Science and Technology, China, (<sup>2)</sup>Engineering Research Center for Biomass Resource Utilization and Modification of Sichuan Province, China)

幼苗の生育量は, 直播イネの初期生育にとって極めて重要である. 本研究では, 166の組換え自殖系統を用いて, 発芽から25日間における8つの幼苗の生育量形質を評価した. ほとんどの形質間において有意な相関関係が見られ, 統計解析により, 乾物バイオマスの増加を正確に予測するための幼苗の草丈と生重に線形性のあることが初めて明らかとなった. さらに, 集団の表現型の範囲を網羅する20系統の部分集団について, 幼苗の生育に関連するとされている16の単純反復配列(SSR)マーカーを使用して遺伝子型を判別した. マーカーRM317お

よびRM348は, 幼苗の草丈や生重などの顕著に異なる形質と関連していた. ハプロタイプの1つII-1((RM317(I/II)およびRM348(1/2)の組合せ)は, 常に幼苗の草丈, 根長および葉長において優れた値を示した. 幼苗乾物重の新たな予測手段, すなわちRM317およびRM348のハプロタイプは, マーカー支援選抜によって幼苗の生育量に関わる遺伝要因が最適なエリート系統を作出するための育種戦略として広く利用できる.

**Breeding Science** 69: 651–657 (2019)

## サクラの栽培品種‘染井吉野’および近縁な野生種エドヒガンとの交雑でみられた雑種不和合性と想定される遺伝子座 *HIs-1* の詳細マッピング

鶴田燃海<sup>1)</sup>・向井 譲<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>東京大学・アジア生物資源環境研究センター, (<sup>2)</sup>岐阜大学・応用生物科学部)

サクラは古くから観賞用に親しまれてきた樹木の一つで, 多くの野生種および栽培品種が知られている. 受精前に堅強な種間交雑の障壁を持たないため, 受精後に雑種不和合性を引き起こす遺伝子の同定は, サクラの育種のみならず種分化の理解に重要な知見となる. 本研究は, ‘染井吉野’とその近縁の野生種エドヒガンとを掛け合わせた実生において観察された, 雑種不和合性と推定される遺伝子座(*HIs-1*)の連鎖地図およびサクラ属のゲノム配列上の位置を明らかにした. ‘染井吉野’およびエドヒガンの連鎖地図の探査から, 実生の生育不全との関連は‘染井吉野’地図の第4連鎖群(LG4)でのみ観察された.

LG4の詳細な連鎖地図を構築することで, *HIs-1*を2つのマイクロサテライト(SSR)マーカーに挟まれた, 3.8 cMの領域に同定した. モモのゲノム配列を基にしたSSRマーカー8座を用い, 候補領域をPp04C001とPp04C007のマーカー間にまでさらに狭めた. これはモモのゲノムでおよそ240 Kbに相当し, 同領域には45個の遺伝子が推定される. これらの候補遺伝子から, 将来サクラにおける雑種不和合の分子メカニズムを明らかにすることができるだろう.

**Breeding Science** 69: 658–664 (2019)

## 日本の主要ダイズ品種の高裂皮粒率に関する QTL

猿田正恭<sup>1,2)</sup>・高田吉丈<sup>1)</sup>・山下謙一郎<sup>1)</sup>・佐山貴司<sup>1)</sup>・小松邦彦<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>農研機構・西日本農業研究センター, (<sup>2)</sup>現:農研機構・次世代作物開発研究センター)

ダイズの「裂皮」は、種子の商業的価値を低下させるのみでなく、農業形質にも影響を与え損失を引き起こす。わが国の主要品種「フクユタカ」は、品種育成のための親としてしばしば用いられている。しかしながら、その裂皮粒率の高さは、育種プログラムにおいて、後代育成の妨げとなっている。本研究では、裂皮率の高さに関する選抜マーカーを開発するため、2か年にわたる遺伝解析を行い、裂皮率の高さに対して、安定した効果を示す量的形質遺伝子座 (QTL) を第 20 染色体上に見出

した。同座に関する準同質遺伝子系統 (NILs) を用いた解析から、「フクユタカ」型対立遺伝子の存在が種子の裂皮を大幅に増加させることが確認された。また、当該遺伝子座は約 3.2 Mb のゲノム領域に座乗していることが明らかになった。同座に関するマーカー選抜により、「フクユタカ」後代の選抜効率が向上することが期待される。

**Breeding Science** 69: 665–671 (2019)

## ケニアで広く栽培されているイネ (*Oryza sativa* L.) のいもち病 (*Pyricularia oryzae* Cavara) 抵抗性の遺伝的変異

福田善通<sup>1)</sup>・鈴木智久<sup>2)</sup>・柳原誠司<sup>3)</sup>・小原実広<sup>3)</sup>・富田朝美<sup>1,7)</sup>・大澤 良<sup>2)</sup>・

Catherine Wanjiku Machungo<sup>4)</sup>・林 長生<sup>5)</sup>・楨原大悟<sup>6)</sup>

(<sup>1)</sup>国際農林水産業研究センター・熱帯・島嶼研究拠点, (<sup>2)</sup>筑波大学・生命環境系, (<sup>3)</sup>国際農林水産業研究センター, (<sup>4)</sup>国立灌漑局, アヘロ灌漑研究試験場, (<sup>5)</sup>農研機構・生物機能利用研究部門, (<sup>6)</sup>名古屋大学・農学国際教育研究センター, (<sup>7)</sup>現:岡山大学大学院・環境生命科学研究所)

ケニアから収集した 47 イネアクセッションについて、65 の単純反復配列 (SSR) マーカーを用いた多型分析により遺伝的変異を明らかにするとともに、2つのクラスターグループ (A, B) に分類した。クラスター A と B は日本型とインド型にそれぞれ対応していた。日本型は、インド型に比べて数が限られていた。標準判別いもち病菌菌系 (SDBIs) を用いた反応パターンに基づき、これらのアクセッションに加えて判別品種や圃場抵抗性遺伝子を保有する系統を含む 57 の対照品種は、3つのクラスターグループ (Ia: 高抵抗性, Ib: 中間型, II: 感受性) に分類された。ケニア由来のアクセッションは、Ia と Ib のみ

に分類され、最終的には SSR マーカーの多型と抵抗性の組み合わせから、3種のグループ A-Ia, B-Ia, B-Ib に分けることができた。つまりインド型が日本型のアクセッションよりも、より広い変異を有していることを明らかにした。さらに、ケニアでの主要品種である Basmati 217, Basmati 370, ITA 310 はクラスターグループ Ia に分類されるにも関わらず、ケニアの SDBIs に感受性であった。本研究は、SDBIs を用いて、ケニアのイネのいもち病抵抗性変異を明らかにしたはじめての報告である。

**Breeding Science** 69: 672–679 (2019)

## 日本の栽培リンドウと野生種リンドウとの種間雑種の作出

高村祐太郎<sup>1,2)</sup>・浅野千春<sup>1,3)</sup>・日影孝志<sup>2)</sup>・畠山勝徳<sup>1)</sup>・高畑義人<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>岩手大学・農学部, (<sup>2)</sup>八幡平市花き研究開発センター, (<sup>3)</sup>現:福島県農業総合センター)

遠縁交雑は遺伝的変異を拡大する強力な手法であり、多くの作物の育種に使われてきた。しかし、観賞用リンドウにおいては遠縁交雑に関する報告はほとんどない。栽培リンドウ 2 種 (*Gentiana scabra*, *G. triflora*) と 5 節に分類されている 11 種の野生種リンドウとの間での種間交雑が、胚珠培養を用いて行われた。*G. scabra* を母本とした時、8 種間の組合せで正常な実生が、5 種間の組合せで雑種植物が得られた。胚珠培養で得られた正常な実生の数は、種間組合せにより異なっており 1 蕾あたり 0.3–427.7 であった。*G. triflora* と 5 種の野生種との交雑では、

5 種間の組合せで正常な実生が、4 種間の組合せで雑種植物が得られた。1 蕾あたりの正常な実生の数は、0.4–228.3 であり種間組合せだけでなく正逆交雑でも異なった。栽培リンドウ 2 種は *Pneumonanthus* 節に属しており、*Pneumonanthus* 節や *Cruciflora* 節に分類される野生種との交雑で雑種獲得に成功した。得られた植物の雑種性については、DNA マーカーと形態調査で確認した。これらの種間雑種の作出は、観賞用リンドウの育種において新たな可能性を開くものである。

**Breeding Science** 69: 680–687 (2019)

## ノート

単純反復配列マーカーに基づく“金時ニンジン”および他グループのニンジン (*Daucus carota*) の分類久保中央<sup>1,2,3</sup>・山下理紗<sup>2,4</sup>・谷美智代<sup>5,6</sup>・尾崎耕二<sup>3</sup>・藤原敏郎<sup>5,7</sup>・三村 裕<sup>3</sup>

<sup>1</sup>京都府立大学大学院・生命環境科学研究科, <sup>2</sup>京都府立大学・生命環境学部, <sup>3</sup>京都府農林水産技術センター生物資源研究センター, <sup>4</sup>現: クイーンズランド大学大学院・分子生物学修士課程, <sup>5</sup>京都府農林水産技術センター農林センター, <sup>6</sup>現: 京都府農林水産部, <sup>7</sup>現: 京都府中丹西農業改良普及センター)

ニンジンは主根を利用するために温帯地域で栽培され, 東洋系と西洋系が分化している. 日本では, 前者は金時, 滝野川大長, 唐湊の品種群に分類されており, 加えて, いくつかの地方品種が存在する. しかしながら, それらの類縁関係は, 報告が少ないため不明確である. 我々は, 日本の東洋系といくつかの西洋系品種を単純反復配列 (SSR) マーカーに基づき分類した. 根重や根長, 根色を含む圃場形質もあわせて調査した. 圃場試験では, 金時と西洋系品種の間で明確な差異が示され, それらの分化が確認された. 9個のSSRマーカーに基づく樹状図では, 24品種はグループIとIIに分類された. グループIには, 1つ

の例外 (インド品種, 'Pusa rudhira red') を除き, 供試した全ての東洋系ニンジン (金時および唐湊品種群, ならびに2つの地方品種と2つの外国品種) が含まれた. それらのうち, 金時を含む赤色のニンジンでは, さらに2つのサブグループが形成された. 西洋系, 東洋系と西洋系の雑種, および 'Pusa rudhira red' は, グループIIに含まれた. 集団構造解析では, 東洋系と他のタイプの間で分離が認められた. 本研究は, 東洋系ニンジンの遺伝的特徴を明らかにしたものであり, ニンジンの育種, 特に東洋系を素材に用いた際に, 有用な情報となる.

Breeding Science 69: 688–695 (2019)

日本の優良イネ品種, コシヒカリの *nDart1* 標識系統の育成西村秀希<sup>1</sup>・氷見英子<sup>1</sup>・力石和英<sup>1</sup>・梶根一夫<sup>2</sup>・前川雅彦<sup>1</sup>

<sup>1</sup>岡山大学・資源植物科学研究所, <sup>2</sup>基礎生物学研究所

トランスポゾンが挿入された変異体を育種母材として利用するために, 内在性DNAトランスポゾン, *nDart1-0*を活性のある自律性因子, *aDart1-27*と共に戻し交雑によってコシヒカリに導入した. コシヒカリの*nDart1*標識創始系統には第9染色体に*nDart1-0*が存在し, *nDart1-12*は第1と第8染色体に, また, *nDart1-3*は第11染色体に転移していた. *nDart1*標識系統では, 異常な表現型変異体や葉緑素変異体の幼苗が多く出現した. 成

熟時には, 半不稔性変異体が多く観察された. また, 矮性, 少分げつ性や病斑葉変異体もあった. 合計で, 43.2%の系統で何らかの表現型変異体が分離した. 育成したコシヒカリの*nDart1*標識系統は非生物的/生物的ストレス条件下での耐性系統選抜に有用であると期待される.

Breeding Science 69: 696–701 (2019)

イネにおける低アミロース含量関連遺伝子 *Wx<sup>hp</sup>* を同定するためのPCRベースの実用的なマーカーシステムの開発と検証

Yi Liu・Anning Zhang・Feiming Wang・Jiahong Wang・Junguo Bi・Deyan Kong・Fenyun Zhang・Lijun Luo・Guolan Liu・Xinqiao Yu

(Shanghai Agrobiological Gene Center, China)

低アミロース含量 (AC) は, 米 (*Oryza sativa* L.) の食味において望ましい形質であり軟質米のイネ育種により選抜されている. *Wx<sup>hp</sup>* 対立遺伝子は, 中国・雲南の低ACイネ在来品種である「Haopi」に由来する. イネの分子育種プログラムで低AC関連遺伝子 *Wx<sup>hp</sup>* を効果的かつ迅速に利用するために, *Wx<sup>hp</sup>* の

一塩基変異に従って, 4プライマーを用いたPCRによる変異検出法 (ARMS-PCR) を開発した. 4つの *Wx<sup>hp</sup>* 特異的プライマーを用いて, いくつかのイネ品種から抽出したゲノムDNAのPCR解析を行った. 電気泳動後の増幅産物のバンドパターンに基づく, この方法によって3つの *Wx<sup>hp</sup>* 関連遺伝子型 (すな

わち,  $Wx^{hp}$  ホモ接合体,  $Wx^{hp}$  ヘテロ接合体および野生型) を正確に識別でき, その遺伝子型は胚乳の表現型と完全に一致した. この方法は, 安価で効率的であり, イネの遺伝資源の  $Wx^{hp}$

対立遺伝子のジェノタイピングに広く利用できる新規アプローチであるため, マーカー選抜 (MAS) 育種に貢献するであろう. **Breeding Science** 69: 702–706 (2019)