

総説 (一般)

イネの近縁野生種におけるゲノムリソースの現状

Richa Kamboj • Balwant Singh • Tapan Kumar Mondal • Deepak Singh Bisht

(National Institute for Plant Biotechnology, India)

イネは世界的に重要な食用作物であり、世界の多様な農業気候地帯で栽培されている。しかしながら、栽培化の過程で、世界中の栽培イネのジーンプールから多くの有益なアレルが損なわれ、最終的には過剰なストレスに対して脆弱となった。対照的に、イネの近縁野生種は、農業形質は劣っているが、広範な地域の生息域での生存能力を遺伝的に保持している。これらの適応性は、現代品種へ導入することによって、新規な形質として収量と環境適応性を向上させる大きな潜在能力を供与する。しかし、これらの遺伝的およびゲノムのリソースが利用できないため、これらの新規有用アレルの同定と特性評価は困難で

あった。それにもかかわらず、ゲノム保全学のこれまでにない進展により、研究者の興味はこのような有用形質の自然の保存庫に移っている。現在、イネの野生種に関するゲノムワイドな情報を提供するいくつかの包括的かつ専門的なデータベースが開設され、新規遺伝子とアレルの同定、分子マーカーの設計、比較解析および進化生物学的研究等のための有用なリソースとして機能している。この総説では、これらのデータベースの主要な機能についてイネ育種プログラムにおける有用性に焦点を絞り紹介する。

Breeding Science 70: 135–144 (2020)

アジアにおけるキャッサバ育種と作物研究—50年の歴史と将来の方向性

Al Imran Malik<sup>1)</sup> • Pasajee Kongsil<sup>2)</sup> • Vũ Anh Nguyễn<sup>3)</sup> • Wenjun Ou<sup>4)</sup> • Sholihin<sup>5)</sup> • Pao Srean<sup>6)</sup> • MN Sheela<sup>7)</sup> • Luis Augusto Becerra López-Lavalle<sup>8)</sup> • 内海好規<sup>3,9)</sup> • Cheng Lu<sup>4)</sup> • Piya Kittipadaku<sup>2)</sup> • Hữu Hỷ Nguyễn<sup>10)</sup> • Hernan Ceballos<sup>8)</sup> • Trọng Hiên Nguyễn<sup>11)</sup> • Michael Selvaraj Gomez<sup>8)</sup> • Pornsak Aiemnaka<sup>2)</sup> • Ricardo Labarta<sup>8)</sup> • Songbi Chen<sup>4)</sup> • Suwaluk Amawan<sup>12)</sup> • Sophearith Sok<sup>13)</sup> • Laothao Youabee<sup>1)</sup> • 関原明<sup>3,9)</sup> • 徳永浩樹<sup>3,9)</sup> • Wenquan Wang<sup>4)</sup> • Kaimian Li<sup>4)</sup> • Hai Anh Nguyễn<sup>3)</sup> • Văn Đồng Nguyễn<sup>3)</sup> • Lê Huy Hàm<sup>3)</sup> • 石谷学<sup>3,8)</sup>

<sup>1)</sup>International Center for Tropical Agriculture (CIAT-Laos), Lao PDR Office, Lao PDR, <sup>2)</sup>Department of Agronomy, Faculty of Agriculture, Kasetsart University, Thailand, <sup>3)</sup>International Laboratory for Cassava Molecular Breeding, National Key Laboratory for Plant Cell Biotechnology, Agricultural Genetics Institute, Vietnam, <sup>4)</sup>Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences (CATAS), the People's Republic of China, <sup>5)</sup>Indonesian Legume and Tuber Crops Research Institute, Indonesia, <sup>6)</sup>Faculty of Agriculture & Food Processing, University of Battambang, Cambodia, <sup>7)</sup>Central Tuber Crops Research Institute Srekeriyam, India, <sup>8)</sup>International Center for Tropical Agriculture (CIAT), Colombia, <sup>9)</sup>理化学研究所, <sup>10)</sup>Hung Loc Agricultural Research Center, Institute for Agriculture in Southern Vietnam, Vietnam, <sup>11)</sup>Root and Tuber Crop Research and Development Center, Food and Field Crop Research Institute, Vietnam, <sup>12)</sup>Rayong Field Crops Research Center, Thailand, <sup>13)</sup>International Center for Tropical Agriculture (CIAT-Asia), Cambodia)

アジアではキャッサバ (*Manihot esculenta*) は800万人以上の農民によって栽培されており、多くの国の農村経済を支えている。国際熱帯農業センター (CIAT) は、1983年に各国の国立農業研究所 (NARI) と協力してアジアでの育種および作物研究に着手した。この育種プログラムは高収量の品種をリリースすることに成功し、その結果ヘクタールあたりの平均収量が1996年の13.0トンから2016年には21.3トンへと増加し、大きな経済的利益をもたらした。収量増加に成功した後、キャッサバ育種は新しいニッチ市場を狙い、ワキシーキャッサバなどのより付加価値の高い形質に焦点を合わせている。最近では、キャッサバモザイク病 (CMD) の緊急性の高い脅威により、

侵襲性の害虫や病気に対する抵抗力を高めることが最優先事項となっている。キャッサバ作物研究はより優れた栽培管理に焦点を当てた先進技術によって収益性を高め、それによって持続可能な生産システムの維持を図っている。また、キャッサバの特性を見出し且つ大規模な圃場評価を実現するためにリモートセンシング技術の導入が進められている。要約すると、アジアでのキャッサバ育種は、生産性を高めるための技術革新と食料および市場の需要のコンビネーションによって推進されている。さらに研究者と生産者が持続可能な進歩を遂げるためには、データ駆動型農業の可能性を探る必要がある。

Breeding Science 70: 145–166 (2020)

## 原著論文

## 多数のアクセッションからなるソルガム集団において塩耐性がバイオマスに与える影響

山崎清志<sup>1)</sup>・石森元幸<sup>1)</sup>・鐘ヶ江弘美<sup>1)</sup>・高梨秀樹<sup>1)</sup>・藤本 優<sup>1,2)</sup>・米田淳一<sup>3)</sup>・矢野健太郎<sup>4)</sup>・小柴太一<sup>3)</sup>・田中凌慧<sup>1)</sup>・岩田洋佳<sup>1)</sup>・徳永 毅<sup>3)</sup>・堤 伸浩<sup>1)</sup>・藤原 徹<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup> 東京大学大学院・農学生命科学研究科, <sup>2)</sup> 東京大学・育種ゲノミクス, <sup>3)</sup> 株式会社アースノート, <sup>4)</sup> 明治大学農学部・生命科学科)

塩害は作付面積, 作物の生産量や品質の大幅な低下を引き起こし, 塩害地における農業の持続のために耐塩性作物が求められてきた。一年生作物でC<sub>4</sub>植物のソルガム (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) は耐塩性が高く, その耐塩性はアクセッション間で多様である。ソルガムの耐塩性はしばしば初期生育期において評価されるが, そうした評価と最終的な生産能はあまり関係しない。本研究で, 我々は塩類土壌 (0, 50, 100, 150 mM NaCl 条件) で三か月間栽培した415のソルガムアクセッションについての耐塩性を評価した。アクセッションによっては個体あたりのバイオマスが400 gになるものや, 50 mM NaCl 塩類土壌において生育阻害を生じないものがあった。我々の解析結果か

ら, 100 mM NaCl 条件下と塩ストレスのない条件下でのバイオマス生産に寄与する遺伝要因の違いは, 100 mM NaCl 条件下と50 mM NaCl 条件下での違いに比べてより大きいことが示唆された。耐塩性に関するゲノムワイド関連解析では, 50 mM NaCl 条件下のバイオマス生産のみに有意に関連した2つの一塩基多型 (SNPs) を同定した。さらに2つのSNPsが塩ストレスに対する生育応答の指標として用いた salt tolerance index と有意に関連した。我々の研究結果は, 耐塩性ソルガム育種に役立つ遺伝資源や SNP マーカーの候補を提供する。

**Breeding Science** 70: 167–175 (2020)

*Humulus lupulus* L. における倍数性変異および四倍体と二倍体との交配に由来する F<sub>1</sub> 雑種の農業特性

Anna Trojak-Goluch・Urszula Skomra

(Department of Plant Breeding and Biotechnology, Institute of Soil Science and Plant Cultivation, State Research Institute, Poland)

ホップの樹脂, 精油およびポリフェノールの供給源である *Humulus lupulus* (2n=2x=20) は, 醸造, 薬品および化粧品に活用される。四倍体「Sybilla」と二倍体雄株との通常の交配でF<sub>1</sub>雑種を作出した。細胞遺伝学的手法によると, F<sub>1</sub>雑種の83.8%が三倍体 (2n=3x=30) となり, 15.2%は染色体数が28–32の異数体であった。四倍体 (2n=4x=40) および二倍体も観察され, 親個体の配偶子形成において多数の障害が生じたことを示した。雄株に特異的なSTSマーカーにより, F<sub>1</sub>雑種では雌株が雄株よりも多く, *H. lupulus* の二倍体雑種で見られる性比と一

致した。三倍体の雌株における毬花の機能性とアルファ酸含有量を対照の「Sybilla」と比較した。2年間の実験で, ほとんどの三倍体は, 二倍体の「Sybilla」と比較して, 結実枝の位置と蔓の巻き付き程度が有意に高いことを示した。また, 毬花の収穫期迄成熟期間が有意に長くなった。三倍体は, 二倍体「Sybilla」に比べて種子含有量が有意に低く, 得られた原料はホップペレットおよびエキスの生産により適している。

**Breeding Science** 70: 176–182 (2020)

## Rough dwarf 病に対するトウモロコシの抵抗性を改良するための *qMrdd8* のマーカー支援選抜

Zhennan Xu<sup>1,2)</sup> • Jinge Hua<sup>2)</sup> • Feifei Wang<sup>2)</sup> • Zixiang Cheng<sup>2)</sup> • Qingchang Meng<sup>3)</sup> • Yanping Chen<sup>3)</sup> •

Xiaohua Han<sup>4)</sup> • Shuangui Tie<sup>4)</sup> • Changlin Liu<sup>2)</sup> • Xinhai Li<sup>2)</sup> • Zhenhua Wang<sup>1)</sup> • Jianfeng Weng<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>Northeast Agricultural University, China, <sup>2)</sup>Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Science, China, <sup>3)</sup>Institute of Plant Protection, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, China, <sup>4)</sup>The Cereal Crops Institute, Henan Academy of Agricultural Sciences, China)

トウモロコシの rough dwarf 病 (MRDD) は、レオウイルス科フィジーウイルス属のウイルスによって引き起こされる。MRDD 抵抗性は、マーカー支援選抜 (MAS) と従来の育種戦略の組み合わせによって改善できる。以前の研究で、我々は主要な QTL である *qMrdd8* をファインマッピングし、機能的なインデルマーカーである IDP25K を開発した。本研究では、連続戻し交雑と MAS を使用して、*qMrdd8* をドナー親である X178 から、トウモロコシの 3 つのヘテロ強勢グループに由来するエリート近交系に導入した。受容系統には、Huangzao4, Chang7-2, Ye478, Zheng58, Zhonghuang68, B73, および Ji846 が含まれる。ファオアグラウンド選抜に使用されるマーカーには、IDRQ4, IDRQ47, IDP25K, および IDP27K が含まれる。

反復親ゲノムの復元率が最も高い系統を選抜するために、107 個の SSR マーカーを使用して BC<sub>3</sub> または BC<sub>4</sub> でバックグラウンド選抜を実施した。次に、改良されたホモ接合近交系を作成するために、BC<sub>4</sub>F<sub>2</sub> および BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub> から、X178 と *qMrdd8* の距離が最も短く、反復親ゲノムの復元率が最も高い植物を選抜した。2017 年に、7 系統の改良された近交系と 5 系統の雑種が MRDD に対する抵抗性の強化を示したが、これらは非病原性ストレス条件下では他の農業形質に影響はみられなかった。したがって、*qMrdd8* 座の MRDD 抵抗性遺伝子、もしくは IDP25K は、中国のトウモロコシ育種プログラムにとって有用であると考えられる。

**Breeding Science** 70: 183–192 (2020)

## 5 個の遺伝子を用いて開発された新規遺伝子型の DATTO5 はイネで最も早い出穂期を示す

藤野賢治・池ヶ谷智仁

(農研機構・北海道農業研究センター)

出穂期の最適化は、イネを含む穀物の穀粒生産性を最大化するための重要な手段である。量的形質である出穂期遺伝子の組み合わせは、世界中で栽培されているイネの広域適応性の主要な推進力となる。本研究では、極早生の日本イネ品種群に含まれる「ほしのゆめ」(HS) と「大地の星」(DH) の交配に由来する F<sub>2</sub> 集団において、出穂期の早生性についての新規 QTL, *qDTH3* (第 3 染色体における出穂期に関する量的形質遺伝子座) を特定した。*qDTH3* の DH 対立遺伝子 *qDTH3<sup>DH</sup>* は、HS 対立遺伝子 *qDTH3<sup>HS</sup>* よりも 2.7 日早く出穂した。5 つの出穂期遺伝

子の集積により、より早く出穂する遺伝子型の設計を試みた。この 5 つの遺伝子の統合を DATTO5 と命名した。DATTO5 の個体は、DH と HShd5 の交配に由来する F<sub>2</sub> 集団から選抜された。HShd5 は、HS を遺伝的背景にもつ *days to heading 8 (DTH8)* 遺伝子の機能喪失型の準同質遺伝子系統である。DATTO5 のイネは出穂は早い、極早生日本イネ品種の代表である HS と比較すると稈と穂が短く、種子が少ないなど、適応性が低下していた。

**Breeding Science** 70: 193–199 (2020)

## ミカンゲノムデータベース (MiGD) : ゲノムアノテーション, ゲノム多様性, CAPS マーカーの情報を統合したマンダリン類の分子育種のためのデータベース

川原善浩<sup>1,2)</sup> • 遠藤朋子<sup>3)</sup> • 大村三男<sup>4)</sup> • 寺本由美子<sup>5)</sup> • 伊藤 剛<sup>1)</sup> • 藤井 浩<sup>3)</sup> • 島田武彦<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>農研機構・高度解析センター, <sup>2)</sup>農研機構・次世代作物開発研究センター, <sup>3)</sup>農研機構・果樹茶業研究部門, <sup>4)</sup>静岡大学・農学部, <sup>5)</sup>株式会社情報数理バイオ)

カンキツ類は世界中で幅広く消費される重要な果実の一つである。代表的なカンキツ類 (クレメンティン, スイートオレン

ジ, ブンタン) のリファレンスゲノム配列は公開されているが、マンダリン類の分子育種に必要な研究基盤は未だ脆弱である。

日本のカンキツ産業を支えるウンシュウミカンとカラタチのゲノム配列を Illumina 社と Pacific Biosciences 社のシーケンサーで解読し、ハイブリッドアセンブル法によって作成したドラフトゲノム配列を基盤として、ミカンゲノムデータベース (Mikan Genome Database: MiGD) を構築した。ウンシュウミカンとカラタチのゲノム配列長は公開中のカンキツ類のものと同程度であり、それぞれ 346 Mb と 292 Mb である；タンパク質コード遺伝子は、それぞれ 41,489 個、34,333 個予測され、クレメンティンのリファレンスゲノムと比較すると、9,642 個、8,377 個の種特異的な遺伝子がみられる。MiGD は、ゲノムアノテーション

情報、ゲノム多様性情報、CAPS マーカー情報を統合したデータベースであり、それぞれは遺伝子の情報によって相互に紐づけられている。MiGD の利用により、既報の CAPS マーカーで作成された連鎖地図上の興味のある領域の遺伝子配列情報やマルチプルゲノムブラウザ「TASUKE」を介して種間多型情報が容易に取得できる。MiGD (<https://mikan.dna.affrc.go.jp>) は、日本のマンダリン類の分子育種を推進するために重要なゲノム基盤情報を提供するデータベースである。

**Breeding Science** 70: 200–211 (2020)

## 異なる世代と環境下におけるトウモロコシ子実中のゼアキササンチン濃度に関する量的形質遺伝子座の同定とエピスタシス解析

Erfei Dong • Yang Bai • Liping Qin • Qingyuan Liang • Chaoxian Liu • Yilin Cai

(Maize Research Institute, College of Agronomy and Biotechnology, Southwest University, China)

天然の脂溶性色素であるゼアキササンチンは植物の抵抗性を高めるだけでなく人間の健康にとっても有用な物質である。しかしながら、トウモロコシ子実中のゼアキササンチン濃度に関する量的形質遺伝子座 (QTL) とエピスタティックな効果に関しては十分に研究されていない。トウモロコシ子実中のゼアキササンチン濃度に関する QTL の同定とエピスタティックな効果を解析するために、HuangC (高ゼアキササンチン濃度の自殖系統) と Rezi1 (低ゼアキササンチン濃度の自殖系統) 間の交雑に由来する 2 つの分離集団を 3 つの異なる環境下で評価した。主要な効果をもつ 1 つの QTL, *qZea6a* は表現型分散の 41.4–71.4% を説明し、LOD>3 であった 2 つの QTL, *qZea4a* と *qZea3a* は

2 つの世代と 3 つの異なる環境において検出された。10 組の QTL のペアのうち 4 組は表現型分散の 7.34–14.3% を説明するエピスタティックな効果を示した。また F<sub>2</sub> および F<sub>2,3</sub> 集団で同定されたゼアキササンチン濃度に関する QTL では優性効果が主要なアレル作用であり、HuangC のホモ座はトウモロコシ子実中のゼアキササンチン濃度を高めるのに強力な遺伝効果を有していた。以上の結果はこれらの複雑な座を理解し、トウモロコシの育種家やトウモロコシ研究者に対してゼアキササンチン濃度に対する認識を高めることに貢献する。

**Breeding Science** 70: 212–220

## 主要水稲品種のイネもみ枯細菌病菌による苗腐敗症抵抗性の評価および日本基準品種の選定

溝淵律子<sup>1)</sup>・福岡修一<sup>1)</sup>・對木千加子<sup>1)</sup>・對馬誠也<sup>2)</sup>・佐藤宏之<sup>1,3)</sup>

(<sup>1)</sup>農研機構・次世代作物開発研究センター, <sup>2)</sup>東京農大, <sup>3)</sup>農林水産省)

イネもみ枯細菌病菌は、日本における重要病害である苗腐敗症ともみ枯症を引き起こす。我々は今までに、主要な日本品種のもみ枯症抵抗性を評価し基準品種を選定している。今回、世界のコアコレクション (WRC) 品種等について苗腐敗症発生率を調査したところ、抵抗性に大きな変異があることがわかった。次に、日本の主要な栽培品種の苗腐敗症抵抗性を比較したところ、ほとんどは「中」または「やや弱」に区分された一方、日本の在来種「クジュウ」および「愛国」の抵抗性は「強」であった。インディカ品種「Nona Bokra」の苗腐敗症抵抗性 QTL (*RBG1*)

を「コシヒカリ」(温帯ジャポニカ) に導入し我々が作出した準同質遺伝子系統 (*RBG1-NIL*) の抵抗性レベルは「強」であり、*RBG1* の苗腐敗症に対する有効性が明らかになった。苗腐敗症ともみ枯症抵抗性の相関は低かったため、両者に対する抵抗性品種の作出には、異なる遺伝資源が必要であることが示唆された。今回の検定結果を基に抵抗性の範囲をカバーする苗腐敗症抵抗性基準品種を選定した。

**Breeding Science** 70: 221–230 (2020)

## レトロトランスポゾン挿入多型に基づく DNA マーカーはイチゴ品種識別のための短い DNA 断片を検出可能である

平田千春<sup>1)</sup>・和氣貴光<sup>2)</sup>・下村克己<sup>1)</sup>・和田卓也<sup>1)</sup>・田中征矢<sup>3)</sup>・池上秀利<sup>1)</sup>・内村要介<sup>1)</sup>・平島敬太<sup>1)</sup>・中澤佳子<sup>2)</sup>・岡田香織<sup>2)</sup>・生井 潔<sup>2)</sup>・田原 誠<sup>4)</sup>・門田有希<sup>4)</sup>

(<sup>1)</sup>福岡県農林業総合試験場, <sup>2)</sup>栃木県農業試験場, <sup>3)</sup>九州大学・生物資源環境科学府資源生物科学専攻, <sup>4)</sup>岡山大学大学院・環境生命科学研究所)

イチゴのトランスポゾン挿入多型に基づいた品種識別用 DNA マーカーを開発した。レトロトランスポゾンの挿入部位をゲノム網羅的に検索し、品種間で高い識別性をもつレトロトランスポゾンファミリーとして CL3 を選定した。イチゴ 75 品種の調査結果から、CL3 レトロポゾン挿入部位に基づく 8 種の品種固有マーカーを開発した。また、10 種の多型マーカーを組み合わせることにより日本国内の一般的な栽培品種 35 品種を識別

できた。レトロトランスポゾン由来のマーカーは、SSR マーカーでは PCR 検出が難しい加工品からの抽出 DNA での PCR 検出に有効であった。これらの結果から、レトロトランスポゾン由来のマーカーは、DNA が細断されやすいジャムのような加工品での品種識別に有用であると考えられた。

**Breeding Science** 70: 231–240 (2020)

## マルチカラーゲノム *in situ* ハイブリダイゼーション分析による *Zea* 属と *Tripsacum* 属との交雑に由来する飼料生産用クローンの親系統の由来に関する分析

Xu Yan<sup>1,2)</sup>・Yingzheng Li<sup>1)</sup>・Zizhou Wu<sup>1)</sup>・Yang Li<sup>1)</sup>・Xiaodong Wen<sup>1)</sup>・Xiaofeng Li<sup>1)</sup>・Ruyu He<sup>1)</sup>・Chunyan Yang<sup>1,3)</sup>・Yanli Zhao<sup>1)</sup>・Mingjun Cheng<sup>1,4)</sup>・Ping Zhang<sup>1)</sup>・Ebenezer Kofi Sam<sup>1)</sup>・Tingzhao Rong<sup>1)</sup>・Jianmei He<sup>1)</sup>・Qilin Tang<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>Maize Research Institute, Sichuan Agricultural University, China P.R., <sup>2)</sup>Animal Husbandry Research Center & Sericulture Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, China P.R., <sup>3)</sup>Guizhou Prataculture Institute, China P.R., <sup>4)</sup>Sichuan Grass Industry Technology Research and Promotion Center, China P.R.)

永年生新飼料系統である 'Yucao No. 6' (Yu6) の染色体数やその構成を染色体観察とマルチカラーゲノム *in situ* ハイブリダイゼーションによって明らかにし、その親系統の由来を解明することを目的とした。Yu6 は 56 本の染色体で構成される異数体であり、そのうち 12 本の染色体は *Zea mays* (元は二倍体, 染色体数 20), 17 本の染色体は *Tripsacum dactyloides* (元は四倍体, 染色体数 72), 27 本は *Z. perennis* (元は四倍体, 染色体数 40) よりそれぞれ由来していた。Yu6 は準異質六倍体 (染色体数 74, *Z. mays* 由来の染色体数が 12, *T. dactyloides* 由来の染色体数が 17, *Z. perennis* 由来の染色体数が 7) から染色体数

が減った卵核 (染色体数 36, *Z. mays* 由来の染色体数が 20, *T. dactyloides* 由来の染色体数が 34, *Z. perennis* 由来の染色体数が 20) と *Z. perennis* の精核 (染色体数 20) と受精してできたことが明らかになった。さらに、*Z. mays* の染色体に *Z. perennis* 断片による 3 本の転座染色体が観察された。以上の結果から、準異質六倍体と *Z. perennis* を花粉親として交雑することで、染色体構成の変更が実現できることが示唆された。最後に *Zea* 属と *Tripsacum* 属を使った飼料育種の概要について議論した。

**Breeding Science** 70: 241–245 (2020)

## コムギ雪腐小粒菌核病抵抗性 QTL のマッピング

西尾善太<sup>1,2,3,4)</sup>・入来規雄<sup>2,4)</sup>・伊藤美環子<sup>2)</sup>・田引 正<sup>2)</sup>・Timothy Murray<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>東京農業大学, <sup>2)</sup>農研機構・北海道農業研究センター, <sup>3)</sup>Department of Plant Pathology, Washington State University, USA, <sup>4)</sup>農研機構・九州沖縄農業研究センター)

*Typhula ishikariensis* によるコムギ雪腐小粒菌核病は北海道や米国ワシントン州の秋まきコムギの重要な病害である。スイスの在来品種 Münstertaler は優れた雪腐病抵抗性と凍結耐性をもつ。雪腐小粒菌核病に抵抗性の Münstertaler と罹病性品種

の Ibis を交配して得た倍加半数体系統の抵抗性量的遺伝子座 (QTL) を圃場条件および人工環境条件下で調査した。複合区間マッピング法による解析の結果、Münstertaler の 5D 染色体上と Ibis の 6B 染色体上に主要な QTL が検出された。5D 染色体

QTL の近傍のマイクロサテライトマーカー *cfid29* は春化要求性遺伝子 *Vrn-D1* から約 5 cM の距離に座乗し, *Vrn-D1* および凍結耐性遺伝子 *Fr-D1* と低温ストレス関連遺伝子のクラスターを形成していた. Ibis 由来の 6B 染色体 QTL はコムギの分けつ数

を増加させる *QTn.mst-6B* の座乗するセントロメア領域に検出された.

**Breeding Science** 70: 246–252 (2020)