

原著論文

タバコ葉中における化学成分形質の全ゲノム関連解析

Zhijun Tong • Dunhuang Fang • Xuejun Chen • Fangchan Jiao • Yihan Zhang • Yongping Li • Bingguang Xiao

(Key Laboratory of Tobacco Biotechnological Breeding, National Tobacco Genetic Engineering Research Center, Yunnan Academy of Tobacco Agricultural Sciences, People's Republic of China)

タバコ葉中の化学成分形質はタバコの品質に影響する重要な因子であり、その品質は乾燥葉に含まれる化学成分含量が少ないほど低下する。育種によってタバコの品質を改良するために、347系統のタバコ遺伝資源集団について遺伝的多様性解析、集団構造解析、全ゲノム関連解析を行い、全糖、還元糖、全窒素、ニコチン、全カリウム含量からなる5つの葉中化学成分形質に関連したマーカーを同定した。解析プログラム NTSYS-pc2.10e を用いた根井の遺伝距離 (NEI72) に基づく遺伝的多様性解析では4つの分集団は遺伝距離 0.316 で区別され、一方、集団構造解析では347系統のタバコ遺伝資源集団は明確に分化した4つの分集団が予想された。4環境のうち少なくとも3環境において解析対象形質に関連した SNP と、すべての環境を

考慮した BLUP 法で得られた形質予測値に関連した SNP が全部で47個検出され、そのうち、4環境すべてで形質への有意な関連性が示唆された SNP の個数は、全糖、還元糖、全窒素、ニコチン、全カリウム含量それぞれについて、2個、2個、4個、6個、1個であった。形質への関連性が示唆された SNP における対立遺伝子の表現型に対する効果に基づいて、望ましい対立遺伝子を持ち、かつ葉中の化学成分形質に優れた表現型を示す5つのタバコ系統を特定した。これらの結果は、分子マーカーを利用したアプローチを通して、より高含量の葉中化学成分を有する良品タバコの育種を促進するであろう。

Breeding Science 70: 253–264 (2020)

GmCHR5 に生じた一塩基欠損はダイズ種子におけるダイゼインに対するゲニステイン比を増大させる

Md. Abdur Rauf Sarkar^{1,2,3} • 大津若菜² • 鈴木章弘^{1,2} • 橋本文雄¹ • 穴井豊昭^{1,2} • 渡邊啓史^{1,2}

(¹) 鹿児島大学大学院・連合農学研究科, ² 佐賀大学・農学部, ³ Faculty of Biological Science and Technology, Jashore University of Science and Technology, Bangladesh)

イソフラボン含量を変化させる新規変異アリルは、ダイズにおける病害抵抗性の改善や種子の栄養価の改良を目指した育種に有用である。しかしながら複雑で大きなゲノムサイズを持つダイズでは、高い変異導入率を持つ突然変異集団から変異アリルを同定することは時間と労力を必要とする。本研究では、変異系統 F333ES017D9 が持つ、種子におけるダイゼインに対するゲニステイン比を増大させる原因遺伝子を同定した。原因遺伝子の同定のために、本研究では変異型の表現型を示す限られた数の F₂ 個体を対象とした最近接塩基対の置換を伴う高分解能融解曲線 (NNNS-HRM) マーカーを用いた選択的遺伝子型決定法と、同定した遺伝子座の染色体領域に対する次世代シー

クエンス解析から得られたショートリードのマッピングによる、費用対効果の高い手法を用いた。変異系統の *GmCHR5* 遺伝子は一塩基欠損を持ち、その結果、イソフラボン合成経路におけるゲニステイン系に対する基質量の変化をもたらした。変異型の *GmCHR5* は登熟中の種子において、野生型の *GmCHR5* と比較して低い遺伝子発現量を示した。また異所的な *GmCHR5* の過剰発現は野生型と変異型の遺伝背景においてダイゼイン系の含量を増加させた。本研究で紹介した手法は、農業上重要な作物における解析対象となる形質に関して、変異型アリルの同定を促進するために有用である。

Breeding Science 70: 265–276 (2020)

出穂期遺伝子 *Hd1* および *DTH8* によって制御される到穂日数は北海道のイネ収量関連形質を制限する

藤野賢治

(農研機構・北海道農業研究センター)

イネ育種プログラムの重要な側面は、栽培地域での穀物生産性を最大化するための到穂日数 (DTH) を最適化することである。本稿では、出穂期の遺伝子型がイネの収量関連形質 (稈長 (CL), 穂長 (PL), 穂数 (PN), および一穂粒数) に及ぼす影響を調査した。Heading date 1 (*Hd1*) および Days to heading 8 (*DTH8*) は、北海道のイネ品種群における出穂日の変異の主な制御因子である。そこで、「きたいぶき」(*Hd1dth8*) と「赤毛」(*hd1DTH8*) の交雑に由来する F₂ 集団 (n=192) を作出した。DTH の有意差は、すべての組み合わせで見られた。各出

穂期の遺伝子型の違いにより、有意差はないものの収量関連形質は変異を示した。しかしながら、負の係数 (-0.431) を示した PN を除いて、DTH は、収量関連形質と高い正の係数 (0.709 以上) を示した。出穂日が遅いことにより、栄養成長期間が長くなり、PL と CL の値が高く、PN が低くなり、結果として収量が高くなった。これらの結果は、出穂期の遺伝子型ではなく、DTH が収量関連形質を制限することを示唆している。

Breeding Science 70: 277-282 (2020)

ゲノムワイド SNP を用いたサツマイモ (*Ipomoea batatas* L.) 農業形質の QTL 解析および GWAS

ハク エムダッドル¹⁾・田淵宏朗¹⁾・門田有希²⁾・末松恵祐¹⁾・白澤健太³⁾・磯部祥子³⁾・田中 勝¹⁾

(¹⁾農研機構・九州沖縄農業研究センター, ²⁾岡山大学大学院・環境生命科学研究所, ³⁾かずさ DNA 研究所)

サツマイモは生産量で世界第7位の作物であるが、その品種改良は一般的に圃場における大規模選抜によって行われている。サツマイモの育種プログラムを効率化するためには、対象とする形質の分子遺伝学な研究を通じて DNA マーカーを開発し、マーカー利用選抜を可能にすることが必要である。ここでは、塊根のβ-カロテン含量 (BC), 乾物率 (DM), 澱粉含量 (SC) について、品種「J-Red」と「潮州」の F₁ 集団を用いて構築された 5,952 個および 5,640 個の SNP からなる両親の連鎖地図を利用し、QTL 解析と GWAS を組み合わせた解析を行った。BC は DM および SC と負の相関 (それぞれ、 $r=-0.45$ および $r=-$

-0.51) を示す一方、DM は SC と正の相関 ($r=0.94$) を示した。QTL 解析の結果、両連鎖地図の第7連鎖群および第8連鎖群に BC で5個、DM で2個、SC で5個の QTL 領域が検出された。BC の GWAS では1つの強いシグナル ($P=1.04 \times 10^{-9}$) が第8連鎖群上に検出されたが、これは上記の QTL 領域の1つと同じ領域に存在した。ここで見出された SNP マーカー、特にβ-カロテン含量に関連した SNP マーカーは、将来的にこの形質に関するマーカー利用選抜を進める上で重要な基盤的知見になると考えられた。

Breeding Science 70: 283-291 (2020)

高密度遺伝地図を介したイネ (*Oryza sativa* L.) の発芽および腋芽形成期の耐寒性に関する QTL の同定

Jing Yang・Dandan Li・Hong Liu・Yongzhu Liu・Ming Huang・Hui Wang・Zhiqiang Chen・Tao Guo

(National Engineering Research Center of Plant Space Breeding, South China Agricultural University, China)

発芽および腋芽形成期における低温耐性は、直播イネ (DSR) の重要な特性である。低温耐性の高いインディカイネ「H335」および低温感受性のインディカイネ「CHA-1」に由来する組換え近交系 (RIL) を利用して、発芽および腋芽形成期の低温耐性に関連する量的形質遺伝子座 (QTL) を同定した。高密度遺伝地図に基づいて、合計11個の QTL が検出された。これ

らのうち、6つの QTL は発芽期における全表現型変異 (PVE) の 5.13-9.42% を説明し、5つの QTL は腋芽形成期で全 PVE の 4.17-6.42% を説明した。すべての QTL は第9染色体に分布しており、すべての有利なアレルは「H335」に由来していた。各 QTL の物理的位置が決定され、11個の QTL は5つの遺伝子座に統合された。これらの遺伝子座のうち3つは発芽期 (遺伝

子座 1, 2, および 3) に関与し, 3 つは腋芽形成期 (遺伝子座 3, 4, および 5) に関与していた. 遺伝子座 2, 4, および 5 は, 雨季 (WS) および乾季 (DS) に繰り返し検出された. 特に, 遺伝子座 3 は発芽期と腋芽形成期の両方で検出された. これらの遺

伝子座は, 今後の遺伝子機能の研究のための有効な候補であり, イネの発芽および腋芽形成期における耐寒性を改善するための非常に貴重な遺伝因子として役立つ可能性がある.

Breeding Science 70: 292–302 (2020)

異なる生態系に適応したエチオピアのイネ品種における遺伝的多様性といもち病抵抗性の遺伝的解析

Lakew Tadesse^{1,2)}・福田善通³⁾・石川隆二⁴⁾

(¹⁾Fogera National Rice Research and Training Centre, Ethiopian Institute of Agricultural Research, Ethiopia, ²⁾岩手大学・連合農学研究科, ³⁾熱帯・島嶼研究拠点 (TARF), 国際農林水産業研究センター (JIRCAS), ⁴⁾弘前大学・農学生命科学部)

イネ (*Oryza sativa* L.) はエチオピアにおいて最も重要な作物の 1 つであるとみなされている. エチオピアにおける在来品種と改良品種は simple sequence repeat (SSR) マーカーにより多型データの基礎が解析され, 2 つ (I および II) のクラスターに分けられた. クラスター I はさらに 2 つ (Ia および Ib) に分けられた. クラスター Ia は日本型様組換え型, クラスター Ib は日本型, そして, クラスター II はいくつかのインド型様組換え型を含めてインド型に対応した. 多くの在来品種と改良品種はクラスター Ia に含まれた. 優良な在来品種はクラスター Ib に含まれた. いもち病抵抗性によるさらなる分類は 3 つのグループ: クラスター A, B1, および B2 に分けられた. クラスター A は抵抗性の比較的高い品種により構成されたが, クラスター

B1 ならびに B2 は感受性品種が含まれた. 改良品種の多くはクラスター A で見られた. 優良な在来品種, X-Jigna は DNA タイプでは Ib に分類され, いもち病反応ではクラスター B2 に属する感受性を示した. これらの結果は, 農家が好む伝統的な在来品種について, いもち抵抗性品種を用いた耐病性の改良をすべきであることを示している. インド型と日本型の交雑により生じる雑種不稔性を回避するためには, 必要な親品種を同じ DNA クラスターから選抜することで可能である. 品種のクラスター情報は育種計画における交雑親の選抜に重要となるであろう.

Breeding Science 70: 303–312 (2020)

eIF(iso)4E 遺伝子の機能欠損によるタバコブッシュトップウイルス・マラウイ株に対する感受性の低下

宇田川久史^{1,2)}・古賀一治¹⁾・新城 亮¹⁾・北柴大泰²⁾・高倉由光¹⁾

(¹⁾日本たばこ産業株式会社・葉たばこ研究所, ²⁾東北大学大学院・農学研究科)

タバコブッシュトップ病 (TBTD) は *Umbravirus* 属の *Tobacco bushy top virus* (TBTv) または *Ethiopian tobacco bushy top virus* (ETBTv) がヘルパーウイルスと混合感染することで引き起こされるタバコ (*Nicotiana tabacum* L.) のウイルス病である. タバコ栽培への経済的被害が知られている一方で, 本病に対するタバコの抵抗性遺伝資源は知られていない. 本研究では, 真核生物の翻訳開始因子の一つ, *eIF(iso)4E* 遺伝子 (*eIF(iso)4E-S* および *eIF(iso)4E-T*) の変異によってマラウイで TBTD を引き起こしているウイルス (TBTv-MW) に対して抵抗性が得られることを明らかにした. RNAi によって 2 つの *eIF(iso)4E* の遺伝

子発現を抑制した系統は TBTv-MW に対する感受性が低下した. そこで, *eIF(iso)4E-S* あるいは *eIF(iso)4E-T* のナンセンス変異体とそれらの二重変異体を用いて TBTv-MW の接種試験を実施した結果, *eIF(iso)4E-S* の変異によって感受性が低下すること, 二重変異体ではより強い抵抗性が得られることが示された. *eIF(iso)4E* 変異体はアブラムシ伝搬試験においても感受性の低下を示した. *eIF(iso)4E-S* 変異体はタバコにおける TBTD 抵抗性育種における初めての遺伝資源である.

Breeding Science 70: 313–320 (2020)

野生ダイコンの根重率にみられる日本列島に沿った気温関連クライン

石塚 航¹⁾・彦坂幸毅²⁾・伊藤元己³⁾・森長真一⁴⁾

(¹⁾北海道立総合研究機構, (²⁾東北大学大学院・生命科学研究所, (³⁾東京大学大学院・総合文化研究科, (⁴⁾日本大学・生物資源科学部)

広域分布する野生植物は幅広い環境条件に適応し、農業利用にも有用な機能形質の変異があるとみられる。東アジアに分布する野生ダイコンのハマダイコン (*Raphanus sativus* var. *raphanistroides*) は、同種内に栽培2品種を有し、分布域が広く、著しい根成長を示すため、有用変異探索に適した種である。そこで、日本列島に沿って収集した14野生集団を用いて、3試験地での共通圃場試験を実施し、成長や資源分配に関する変異を定量化した。根重、地上部重、根重率(RMF)の全形質において有意な集団間変異、試験地間交互作用が認められた。収量

形質に関しては、遺伝効果の分散成分が小さく(2.4%–4.7%)、集団順位は試験地により大きく変動した。一方、RMFは、遺伝効果の分散成分が大きく(23.2%)、どの試験地でも北の集団ほど高い傾向であった。解析の結果、RMFの変異を最もよく説明する因子は自生地域における成長期の気温であった。資源分配には気温に関連したクラインがあり、寒冷環境下の個体ほど根の成長へ多くの資源を投資するものと筆者らは結論付けた。

Breeding Science 70: 321–330 (2020)

普通系コムギ (*Triticum aestivum* L.) における子実カドミウム低蓄積性に関する新規QTL

伴 雄介¹⁾・石川吾郎²⁾・上田浩晶^{3,6)}・石川直幸¹⁾・加藤啓太¹⁾・高田兼則^{1,7)}・松山 稔⁴⁾・半田裕一^{2,8)}・中村俊樹⁵⁾・谷中美貴子^{1,9)}

(¹⁾農研機構・西日本農業研究センター, (²⁾農研機構・次世代作物開発研究センター, (³⁾広島大学大学院・理学研究科, (⁴⁾兵庫県立農林水産技術総合センター, (⁵⁾農研機構・東北農業研究センター, (⁶⁾現:愛媛県農林水産研究所・果樹研究センター, (⁷⁾現:帯広畜産大学, (⁸⁾現:京都府立大学大学院・生命環境科学研究科, (⁹⁾現:農研機構・九州沖縄農業研究センター)

カドミウム (Cd) は人体に有害な金属であり、農地が汚染される場合がある。食品からのCd摂取のリスクを低減するため、穀類における子実Cd低蓄積性品種の開発は有効な解決策である。普通系コムギ (*Triticum aestivum* L.) において、中国165号(低子実Cd)と中系10-22(高子実Cd)の交配に由来する半数体倍加(DH)系統を用いて、子実Cdに関するQTL解析を行った。4B染色体の短腕および6B染色体の長腕に子実Cdに関する新規QTLを見出した。DH系統におけるこれらのQTLの寄与率は4Bで9.4–25.4%、6Bで9.0–17.8%であった。43品種を用い

たアソシエーション解析において、これらのQTLは*QCdc.4B-kita*, *QCdc.6B-kita1*, *QCdc.6B-kita2*の3座として同定された。一方、Cd輸送に関わる*heavy metal PIB-type ATPase 3*が座乗する第5同祖群染色体にはQTLは検出されず、デュラムコムギやオオムギとは異なる結果となった。これらの結果は普通系コムギの品種育成において子実Cd低蓄積性のマーカー選抜に寄与することが期待される。

Breeding Science 70: 331–341 (2020)

イネ出穂期遺伝子 *Ghd7* における新規アレルの遺伝効果

藤野賢治¹⁾・山内歌子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)

出穂期の至適化は、イネの穀粒生産を最大化するために重要である。出穂期遺伝子の対立遺伝子変異は、世界中に広く栽培されるイネ適応性の主要な因子である。ここでは、出穂期遺伝子 *Ghd7* の新規対立遺伝子を特定した。機能喪失型 *ghd7* である *Ghd7-0a* は、日本の北海道での栽培に適応するための極早生の出穂期に重要である。しかしながら、イネ品種「そらち」には、*Ghd7* の重要な機能的塩基多型は認められなかったものの、結果として遺伝子機能が喪失していた。*Ghd7* 遺伝子における「そ

らち」対立遺伝子の塩基配列を基に、著者らは *Ghd7* の上流部位でのトランスポゾン様配列の挿入を同定した。「ほしのゆめ」と「そらち」の交配に由来する F₂ 集団を用いた分離分析により、*Ghd7* 遺伝子座が「そらち」の極早生性に寄与していることが示された。「そらち」の *Ghd7* 対立遺伝子は、機能喪失型対立遺伝子と比較して出穂期を遅延させる機能は弱いことが示され、北日本に分布することが明らかとなった。

Breeding Science 70: 342–346 (2020)

明治時代に日本の三河地方で貯蔵された備蓄米の遺伝的多様性

武藤千秋¹⁾・田中克典²⁾・田淵宏明³⁾・倉内伸幸⁴⁾・佐藤洋一郎^{5,6)}・石川隆二²⁾

(¹⁾農研機構・遺伝資源センター, (²⁾弘前大学・農学生命科学部, (³⁾農研機構・九州沖縄農業研究センター都城研究拠点, (⁴⁾日本大学・生物資源科学部, (⁵⁾総合地球環境学研究所, (⁶⁾京都府立大学・京都和食文化研究センター)

三河地方において備蓄米として約100年間保存されていたイネ (*Oryza sativa*) 玄米の遺伝的多様性を調査した。それらの種子は形態的には典型的なジャポニカ型に分類された。葉緑体 INDEL マーカーの1つ *petN-trnC*, ならびに2つの核 INDEL マーカー, *Acp1* および *Cat1*, そして *Starch synthase IIa* 内の3つの SNP マーカーが分子的特徴付けのために適用された。これらのマーカー間で PCR 増幅効率は異なった。供試備蓄米の多くはジャポニカ型と判定されたが、インディカ型も含まれていた。またヘテロ型を示す個体も多く検出され、当時の他殖率は高かったと推測される。一方、21座の SSR マーカーでは高い増

幅効率が得られた。SSR 多型データを用いた主座標分析および STRUCTURE 解析の結果、供試した備蓄米96粒は現存の在来品種および育成品種にはみられないアレルを示し、3つの遺伝的サブグループで構成されていることが明らかとなった。以上の結果から、明治時代から三河地方で保存されていた備蓄米は高い遺伝的多様性を含み、典型的なジャポニカ型の種子形態を持つインディカ型在来品種など、複数のサブグループから成る集団であったと考えられた。またこれらの系統は現存する遺伝資源からは失われていることが示唆された。

Breeding Science 70: 347–354 (2020)

Diplotaxis tenuifolia 細胞質および *D. tenuifolia* 一染色体添加型 *Brassica rapa* 系統における細胞質雌性不稔性の特性

藤田祥明^{1,2)}・永島有里子¹⁾・山口明依¹⁾・沈 受炫¹⁾・大西孝幸^{1,3)}・房 相佑¹⁾

(¹⁾宇都宮大学・農学部, (²⁾東京農工大学大学院・連合農学研究科, (³⁾JST さきがけ)

異質細胞質植物は、細胞質雌性不稔性 (CMS) などの様々な表現型の変異を示す。我々は、数年間、*Diplotaxis tenuifolia* 細胞質 (*cyt-Dt*) を持つ異質細胞質 *Brassica rapa* CMS 系統 (2n=20) の作出を試みたが、作出されたすべての系統が余分な1本の染色体を保持していた。RAPD 解析において *D. tenuifolia* 細胞質を持つ異質細胞質系統に *D. tenuifolia* 由来の特異バンドが検出され、添加染色体が *D. tenuifolia* に由来することが示された。本研究では、(*cyt-Dt*) *B. rapa* MAL と名付けた異質細胞質 *B. rapa* 一染色体添加系統の表現型特性を観察するとともに、そ

の遺伝的背景において単一の余分な染色体が生存のために必要な理由を調査した。(*cyt-Dt*) *B. rapa* MAL にいくつかの *B. rapa* 系統の花粉を交雑したところ、胚珠の約50%が花粉管を誘引し、すべての後代が添加染色体を保持していた。これらの結果は、n=10ではなくn=11の雌性配偶子のみが受精し成熟種子に発達したこと、また細胞質雌性不稔性が細胞質提供種に由来する回復遺伝子によって克服されたことを示唆した。

Breeding Science 70: 355–362 (2020)

TaqMan-MGB SNP ジェノタイピングアッセイによる国内市場で流通するカンキツ48品種の品種識別技術の開発

遠藤朋子¹⁾・藤井 浩¹⁾・吉岡照高¹⁾・大村三男²⁾・島田武彦¹⁾

(¹⁾農研機構・果樹茶業研究部門, (²⁾静岡大学・農学部)

カンキツでは苗木サンプルを対象とした CAPS マーカーによる品種識別技術は既に確立されているが、輸入果物や加工品などの様々な種類のサンプルに適用できる品種識別技術の開発が新たに求められている。本研究では果実や加工品に適用できる TaqMan-MGB SNP ジェノタイピングアッセイを用いた品種識別システムを開発した。果実や加工品から抽出した DNA は少量で夾雑物が含まれ、分析が困難なサンプルであることが予想

されることから、8種類のプローブおよびプライマーセットは PCR 増幅断片が 100 bp 以下となるように設計されている。開発した TaqMan-MGB SNP ジェノタイピングアッセイは安定性や再現性に優れ、葉、生果、ジュース、缶詰、ドライフルーツをなど様々なサンプルの分析に適用できる。TaqMan-MGB SNP ジェノタイピングアッセイにより、供試した48種類のカンキツ品種を少なくとも1種類以上の SNP で相互に識別すること

が可能である。育成者権を持つ 18 品種を鑑定するための最少マーカーセットの情報を提示している。日本国内の出荷量の 98% を占めるカンキョウ 48 品種の SNP の遺伝子型情報は、果実

や加工品の品種識別を実施するうえで不可欠であり、開発した技術は育成者権の保護や食品安全性に貢献する。

Breeding Science 70: 363–372 (2020)

6D 染色体短腕上に検出された秋まき小麦品種「OW104」に由来するコムギ縞萎縮病抵抗性 QTL

山下陽子¹⁾・相馬ちひろ¹⁾・小倉玲奈^{1,2)}・鈴木孝子¹⁾

(¹⁾北海道立総合研究機構・中央農業試験場, (²⁾現:北海道立総合研究機構・北見農業試験場)

コムギ縞萎縮病はコムギ縞萎縮ウイルス (WYMV) によって引き起こされる土壌病害である。主な症状は葉における黄色のモザイク、株の萎縮、生育障害であり、重度の感染では収量が低下する場合がある。コムギ縞萎縮病は東アジアの小麦生産における重要病害であり、抵抗性品種の利用が最も効果的な防除方法である。秋まき小麦品種「OW104」は北海道の WYMV 汚染圃場において感染症状をほとんど示さない。本研究では、「OW104」に由来し、コムギ縞萎縮病抵抗性への寄与率 45–57% の QTL *Qym4* を 6D 染色体短腕上の *Xcfd49*, *Xbarc183*,

Xgpw4357 マーカー近傍に検出した。*Qym4* 遺伝子型が「OW104」型の F₃ 系統は「ホクシン」型およびヘテロ系統よりも有意に強い抵抗性を示した。「ホクシン」を反復親、「OW104」を一回親として作出した「ホクシン」準同質遺伝子系統では、*Xcfd49* マーカーのみですべての抵抗性 BC₃F₁/BC₄F₁ 個体が共通して「OW104」型を示した。これらの結果から、*Qym4* を導入することによって秋まき小麦にコムギ縞萎縮病抵抗性を付与できると考えられる。

Breeding Science 70: 373–378 (2020)

日本で育成されたソルガム F₁ 品種に由来する 7 種の F₂ 集団を用いた稔性回復に関する QTL 解析

清沢敦志¹⁾・米丸淳一²⁾・川東広幸²⁾・後藤和美^{1,3)}

(¹⁾長野県畜産試験場, (²⁾農研機構・次世代作物開発研究センター, (³⁾現:長野県農業開発公社上伊那事業所)

日本で育成されたソルガム F₁ 品種 (「緑竜」, 「葉月」, 「晴高」, 「ナツイブキ」, 「華青葉」, 「秋立」および「風立」) の稔性回復に関する遺伝様式を明らかにする目的で、我々は上記の F₁ 品種に由来する 7 つの F₂ 集団を用いて稔性回復に関する QTL を解析した。一連の SSR マーカーを用いた QTL マッピングにより、我々は稔性回復に関する 3 つの主要な QTL を検出した。これらのデータと既知の稔性回復 (*Rf*) 遺伝子のハプロタイプ解析の結果は、*Rf5* 遺伝子座に対応する *qRf5* が、本研究で調査したソルガム F₁ 品種の稔性回復に最も広く使われた *Rf* 遺伝子

であることを示した。また、他の主要な *Rf* 遺伝子は、*Rf1* に対応する *qRf8*, および *Rf2* に対応する *qRf2* であった。粒重に関する QTL もまた、これらの *Rf* 遺伝子座に対応した。1 つのマイナーな QTL, *qRf3*, もまた稔性回復に影響しているかもしれない。我々のデータは 3 つの主要な *Rf*, すなわち *Rf1*, *Rf2* および *Rf5* が、日本のソルガム F₁ 品種に育成に使われたことを示す。本研究の見解はソルガム F₁ 品種の育成効率を向上するのに利用可能である。

Breeding Science 70: 379–386 (2020)

アビシニアガラシ (*Brassica carinata*) の細胞質うどんこ病抵抗性を持つセイヨウナタネ (*Brassica napus*) の育種に向けて

Qiong Gong・Chun-Yan Dai・Xiao-Han Zhang・Xiao-Li Wang・Zhen Huang・Ai-Xia Xu・Jun-Gang Dong・Cheng-Yu Yu

(College of Agronomy, Northwest A&F University, China)

Erysiphe cruciferarum によって引き起こされるうどんこ病 (PM) は、世界中で蔓延しているナタネ (*Brassica napus* L.)

の病害であるが、PM 抵抗性遺伝資源はこの種では稀である。*B. napus* および他のアブラナ科の 102 系統をスクリーニング

し、アビシニアガラシ (*Brassica carinata*) 品種 ‘White flower’ が圃場と温室の両方で PM に抵抗性があることを見出した。除雄剤トリベスロンメチルを母方の交配親である ‘White flower’ に処理した上で交雑を行い、*B. napus* の優良品種 ‘Zhongshuang11’ との遠縁交雑の雑種種子を得た。*B. carinata* 細胞質を持つ3つの一代雑種は、胚培養を使用せずに取得した。雑種植物と戻し交配に由来する子孫は、形態学的特性、種子の品質、および分子マーカーを使用して検証した。‘W7-1’、

‘W7-4’、‘W7-6’、‘W8-1’、および‘W8-3’と名付けた若葉が黄緑色の BC₁F₃ 世代の5系統と、BC₂F₂ の1系統 ‘W3PS-1’ は、PM に抵抗性または中程度に抵抗性であることが確認された。これらの系統の種子の品質といくつかの形態的特徴は親の ‘Zhongshuang11’ に似ており、抵抗性遺伝子は恐らく *B. napus* に導入されたことを示唆している。

Breeding Science 70: 387–395 (2020)

ノート

IonBreeders: ゲノム選抜育種に向けたバイオインフォマティクスプラグイン

小木曾 (田中) 映里・矢部志央理・田中 剛
(農研機構・次世代作物開発研究センター)

次世代シーケンス (NGS) 技術から得られる多型情報は育種で利用されるゲノムワイドマーカーとして利用される。しかし、実験研究者や育種家が膨大な情報を扱うことは未だ難しく、汎用的に且つ簡便に利用できる NGS 情報解析ツールの開発が課題となっている。我々は遺伝子型評価からゲノム予測までの一般的な解析を行えるバイオインフォマティクスプラグインとして “IonBreeders” を開発した。IonBreeders には3つのプラグインがあり、遺伝子型情報の形式変換のための “ABH”、遺伝子型情報の処理と補完のための “IMPUTATION”、ゲノム予測のための “GENOMIC PREDICTION” から構成されている。“ABH” は NGS から得られた遺伝子型情報を他のプラグインや

R/qtl, MapMaker, AntMap といった他の育種ソフトウェアでも利用可能な ABH 形式に変換する。“IMPUTATION” は解析精度を落とすマーカーを除去したり、欠失情報を補完したりすることができる。“GENOMIC PREDICTION” では、利用者の標的形質や QTL 効果、マーカー数などにに基づき4つの統計手法を利用することで、ゲノム選抜のための予測モデルを構築することができる。IonBreeders は Torrent Suite 上で動作するが、VCF 形式などの一般的な遺伝子型情報についても無料のソフトウェアや我々が提供するプログラムを用いて解析することができる。

Breeding Science 70: 396–401 (2020)

稲品種「密陽 44 号」の籾殻が斑点米カメムシの抵抗性に果たす役割

中村 充^{1,2)}・鈴木太郎^{1,3)}・吉田朋史¹⁾・加藤恭宏^{1,2)}・大井崇生⁴⁾・三屋史朗⁴⁾・犬飼義明⁵⁾

(¹⁾愛知県農業総合試験場山間農業研究所、²⁾現：愛知県農業総合試験場、³⁾現：尾張農林水産事務所、⁴⁾名古屋大学大学院・生命農学研究科、⁵⁾名古屋大学・農学国際教育研究センター)

水稲品種「密陽 44 号」の斑点米カメムシに対する抵抗性機作を明らかにするため、クモヘリカメムシとホソハリカメムシの加害によって籾に付着した口針鞘、籾殻の穿孔および玄米表面の加害痕の数について、「密陽 44 号」と対照品種「あいちのかおり SBL」との比較を行った。また、籾殻の断面構造の調査も行った。その結果、「密陽 44 号」はホソハリカメムシでの1ヶ年の試験を除き、カメムシ両種による穂あたりの口針鞘数が「あいちのかおり SBL」よりも多かった。しかし、口針鞘数あたり

の加害痕数が「あいちのかおり SBL」よりも有意に少なく、このことが斑点米率の低い要因となっていた。興味深いことに、籾殻の3分の1を切除すると2品種間に斑点米率に差異は認められなかった。組織学的な分析から、「密陽 44 号」はリグニンを含有する籾殻の厚壁細胞の細胞壁が「あいちのかおり SBL」よりも厚いことが明らかになり、籾殻が斑点米カメムシ2種に対する抵抗性に重要な役割を果たしていることが示唆された。

Breeding Science 70: 402–408 (2020)

難消化性デンプンを多く含むジャポニカ型三系雑種イネの分子マーカー選抜による育成

Ruifang Yang¹⁾・Zhongze Piao¹⁾・Changzhao Wan¹⁾・Gangseob Lee²⁾・Xinmin Ruan³⁾・Jianjiang Bai¹⁾

¹⁾Crop Breeding and Cultivation Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, China, ²⁾National Academy of Agricultural Science (South Korea), Korea, ³⁾Rice Research Institute, Anhui Academy of Agricultural Sciences, China)

難消化性デンプン (RS: resistant starch) は、ヒトの健康、特に糖尿病に効果がある。RS を多く含むイネ品種「Jiangtangdao 1」の栽培コスト高や低生産性を考えると、RS が多く生産性の高いイネ品種の育成が必要とされる。三系雑種イネ品種の RS 含有量を増加させるために、分子マーカーを利用して選抜した。RS 含有量を制御する *sbe3-rs* (第2染色体) を持つイネ品種「Jiangtangdao 1」を、RS を多くする交配供与親として使用した。続いて、ホモ接合の *sbe3-rs* を持つ雄性不稔維持系統および稔性回復系統を、従来法と分子マーカー選抜を組み合わせる育成し

た。RS 含有量が最多となる交配組み合わせを特定するために、雄性不稔系統を稔性回復系統に交雑した。その結果、対照の「Jiangtangdao 1」に比べて収量が 50% 以上高い4つの交配組み合わせを見出した。さらに、それらの雑種個体と「Jiangtangdao 1」の間で RS 含有量に有意差は見られなかった。RS の多い雑種イネは農業特性が良好であるため、実用化についても大きく期待できる。

Breeding Science 70: 409–414 (2020)

パイナップルにおける次世代シーケンス技術を利用した SSR マーカー開発

奈島賢児¹⁾・保坂ふみ子²⁾・寺上伸吾²⁾・國久美由紀²⁾・西谷千佳子²⁾・諸見里知絵³⁾・竹内誠人³⁾・正田守幸⁴⁾・太郎良和彦⁴⁾・浦崎直也⁴⁾・山本俊哉²⁾

¹⁾日本大学・生物資源科学部, 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)

単純反復配列 (SSR) マーカーは、共優性遺伝の性質を有する信頼性のあるマーカーであり、品種識別や連鎖地図構築に利用される。本研究では、Roche 454 GS FLX+ を用いた次世代シーケンス解析により新規 SSR マーカーの開発を行った。2, 3, 4, 5, 6塩基の各 SSR モチーフにつき 100 個ずつ、計 500 個の SSR マーカーを設計し、パイナップルの品種識別に供試した。合計 160 個の SSR マーカーで断片増幅し、品種間多型を得ることができた。これらの SSR マーカーの各遺伝子座のアリル数は 2–13、ヘテロ接合度期待値は 0.041–0.823、ヘテロ接合度実測値

は 0–0.875 であった。また 3 塩基以上の反復モチーフを有する 117 個の SSR マーカーは、正確なジェノタイピングに適していると考えられた。開発された SSR マーカーを利用することで、‘MD-2’–‘Yonekura’ 間を除き、供試 25 品種を遺伝的に識別することができた。開発された SSR マーカーは、今後効率的で正確な品種識別システムの開発や連鎖地図の構築に貢献することが期待される。

Breeding Science 70: 415–421 (2020)