

原著論文

コムギ *Thinopyron intermedium* 転座系統 YW642 の発育過程の子実を用いた比較プロテオーム解析によるストレス防御関連タンパク質の同定

Yuxia Lu¹⁾・Jisu Wu¹⁾・Ruomei Wang¹⁾・Yueming Yan^{1,2)}

¹⁾College of Life Science, Capital Normal University, P.R. China, ²⁾Hubei Collaborative Innovation Center for Grain Industry (HCICGI), Yangtze University, P.R. China)

Thinopyrum intermedium (2n=6x=42, E₁E₁E₂E₂XX) は、コムギのストレス耐性改良のための重要な遺伝資源である。本研究では、登熟中の子実におけるストレス防御関連タンパク質を同定し、コムギ育種における有用性を調べる目的で、コムギ品種 Zhongmai 8601 の 7DL 染色体が *Thinopyrum intermedium* の 7XL に組換わった転座系統 YW642 を供試して比較プロテオーム解析を行った。二次元電気泳動により蓄積量が異なる 124 個のスポット、100 種類のユニークなタンパク質を同定した。これらはストレス防御、エネルギー代謝、タンパク質代謝、フォールディングタンパク質、貯蔵タンパク質に関わるものであった。これらのうち 16 種類は YW642 に特異的であり、35 は YW642 において上方制御されていた。上方制御されていた DAPs は生

物的および非生物的ストレス防御に関わるものが多かった。さらに、これらストレス関連 DAPs 遺伝子のシスエレメント解析により、ABREs, G-box, CGTCA-motif and TGACG-motif などの植物ホルモン応答因子や As-1 などの環境応答因子が多く、これらがストレス応答に重要な役割を果たしている可能性が考えられた。RNA-seq と RT-qPCR による発現解析の結果、ストレス関連 DAPs 遺伝子の多くが子実発育の初期から中期において発現上昇していた。以上の結果より、*Thinopyrum intermedium* には多くのストレス応答タンパク質があること、そしてこれらがコムギの不良環境耐性に貢献しうることが明らかになった。

Breeding Science 70: 517–529 (2020)

次世代シーケンシングを用いたタモギタケ 108Y2D 変異体の孢子欠損性に関する SNP の同定とアレル特異的な PCR マーカーの開発

米山彰造¹⁾・白井伸生²⁾・安東夏都美²⁾・東 智則¹⁾・津田真由美¹⁾・松本晃幸²⁾

¹⁾北海道立総合研究機構林産試験場, ²⁾鳥取大学・農学部菌類きのこ遺伝資源研究センター

食用きのこ類の栽培中に起こる大量の孢子飛散は栽培従事者のアレルギー症状などの深刻な問題を引き起こす。孢子欠損性変異品種はこれらの問題を防ぐために非常に有用である。私たちは次世代シーケンシング (NGS) と TILLING 法を用いて、タモギタケ 108Y2D 変異体の顕性一因子性の孢子欠損性変異の原因となっている一塩基多型 (SNP) の同定と、孢子欠損性育種用のアレル特異的な PCR マーカーの開発を目指した。野生型と変異型ゲノムの配列を比較することにより、685 個の変異遺伝子座を特定し、105 株の分離集団の孢子欠損性の表現型と唯一一致する 1 つの SNP を特定した。この SNP は真菌類の推定転写因子のエクソン領域の 1,950 番目に位置し、野生型 C が

変異型 T に置換されることで停止コドンが生じるものである。私たちは同定した SNP に基づいてアレル特異的な PCR マーカーを開発し、その高い実用性はいくつかの交配株や地理的起源の異なる野生分離株を供試した調査で検証された。以上より、本研究で開発された SNP 特異的マーカーはきのこの孢子欠損性変異品種育成におけるマーカー利用選抜に有効と考えられる。さらに、NGS ゲノムデータに基づいた SNP の同定とマーカー開発の技術的成果は、きのこ類における効率的な突然変異育種達成の一助となるものである。

Breeding Science 70: 530–539 (2020)

ニンジンの EMS 変異体ライブラリーの構築と変異体の遺伝解析事例

Zhe Wu • Zhenzhen Liu • Shuangfeng Chang • Yuxuan Zhao

(College of Horticulture, Shanxi Agricultural University, China)

ニンジンは経済的に重要な世界 10 大野菜の一つである。中国では栽培ニンジンの遺伝子プールは狭く、その遺伝資源の収集と保存は限られている。本研究では、ニンジンの近交系統 17005 に EMS 処理を行い、変異体ライブラリーを構築した。17005 系統への EMS 処理条件を最適化し、0.5%、6 時間処理を行った。その結果、栄養成長過程では子葉、成長点、葉、直根に M₂ から M₃ 世代へと遺伝する形態変異が、生殖成長過程では抽台時期、主枝の高さと色、二次分枝、種子に M₂ から M₃

世代へと遺伝する変異が認められた。野生型と黄色の直根系統もしくは赤紫の表皮を有する系統を交配し得られた F₂ 分離集団の解析から、これらの変異形質は単一の劣性遺伝子によって制御されていることが示された。得られた遺伝変異はニンジン遺伝資源の拡大のみならずニンジン遺伝子の機能解析の材料としても期待される。

Breeding Science 70: 540–546 (2020)

ペルシアグルミ品種 ‘Liaoning 4’ の育種と生産力

Baojun Zhao¹⁾ • Feng Liu¹⁾ • Yonghong Gong¹⁾ • Xueguang Zhang²⁾ • Xumei Wang²⁾ • Yunfei Wang³⁾

(¹⁾Liaoning Institute of Economic Forestry, China, ²⁾Shuikou Forest Farm of Suizhong County, China, ³⁾Forestry Technology Extension Station of Jianchang County, China)

クルミは高い経済的価値があり、中国で広く栽培されている果樹である。本研究の目的は高収量で、中国でのクルミ産業の需要にかなう堅果と樹木の品質を有するクルミを育種することであった。クルミ品種 ‘Liaoning 4’ はペルシアグルミ (*Juglans regia*) の選抜系統 ‘Liaoning Chaoyang big and rough walnut’ と ‘11001’ 間の人為交配に由来する、水平に果実をつける品種で

ある。長期間にわたる評価と研究により、‘Liaoning 4’ が高い生産力を示すことがわかり、2018 年 10 月 15 日に新品種として普及が開始された。‘Liaoning 4’ は高収量で堅果の品質が優れているため、中国の北部で広く栽培されている。

Breeding Science 70: 547–550 (2020)

イネ品種 Paw San Hmwe の調理中における高い粒長-粒幅相対膨張比に関する QTL のマッピング

Khin Mar Thi^{1,2)} • Yan Zheng^{1,2,3)} • Ei Ei Khine^{1,2)} • Ei Ei Nyein^{1,2)} • Min Htay Wai Lin⁴⁾ • Khin Than Oo⁴⁾ •

Win Win New⁴⁾ • Moe Zin Zi Thet⁴⁾ • Moe Moe Khaing⁴⁾ • Myat Myat Moe⁵⁾ • San San Aye⁴⁾ • Weiren Wu^{1,2)}

(¹⁾Fujian Provincial Key Laboratory of Crop Breeding by Design, Fujian Agriculture and Forestry University, China, ²⁾Key Laboratory of Genetics, Breeding and Multiple Utilization of Crops, Ministry of Education, Fujian Agriculture and Forestry University, China, ³⁾College of Life Sciences, Fujian Agriculture and Forestry University, China, ⁴⁾Department of Botany, Mawlamyine University, Myanmar, ⁵⁾Department of Botany, Dagon University, Myanmar)

Paw San Hmwe (PSH) は、ミャンマーの高品質のイネ品種である。PSH は短くて幅の広い粒だが、調理後に粒が細くなる。この望ましい特徴は、粒の長さとの相対膨張指数 (GREI) の高い値で記述される。PSH の高 GREI の遺伝的基盤を理解するために、我々は PSH と GREI が低い中国のイネ品種 Guang 8B (G8B) とを交配し、F₂ 集団とその後の F_{2,3} 集団を育成した。2 年間で測定されたこれらの 2 つの集団の表現型に基づいて、塩基配列解読に基づいたバルク分離分析を行ったのち、従来の連鎖地図に基づく QTL マッピング法による検証を行い、

GREI に関する 3 つの QTL をマッピングした。3 つの QTL は、それぞれ第 3, 5, 12 染色体に座乗し、PSH に由来するすべての対立遺伝子は形質値を増加させる方向に作用し、表現型分散の合計 62.5% および相加的遺伝分散の 84.1% を説明できた。本結果は、3 つの QTL はイネの GREI の遺伝的改善に有用であることを示唆しており、連鎖マーカーは育種において PSH 由来の好ましい対立遺伝子の選抜を促すであろう。

Breeding Science 70: 551–557 (2020)

ベニバナ (*Carthamus tinctorius* L.) の脂質含量および脂肪酸組成のための選抜ツールAlfonso Cerrotta¹⁾・Lilia Ivone Lindström²⁾・Viviana Echenique^{1,2)}¹⁾Departamento de Agronomía, Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS-CONICET, CCT, Bahía Blanca), Universidad Nacional del Sur, Argentina, ²⁾Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Argentina)

農業の拡大にはベニバナ (*Carthamus tinctorius* L.) のようなストレス耐性作物の活用を必要とする。ベニバナの育種では、初期世代の脂質の改良には、単純な遺伝形質による間接的な選抜が必要である。脂質の品質は、主として OL 遺伝子座によって決定される脂肪酸プロファイルに関連する。この研究の目的は、脂質含量の多様性とその収量構成要素との相互作用を間接的に説明する簡単で測定しやすい形質を特定し、OL 遺伝子座のジェノタイプングのための効果的なツールを作成することである。収量構成要素および生物季節学的・形態学的特徴を含む 18 形質と脂質含量との関係を調べるために F₃ と純系を用いた圃場実験を行った。ctFAD2-1 遺伝子配列に従って設計したプ

ライマーを用いた KASP 技術を用いた OL 遺伝子座の遺伝子型分析に利用し、脂肪酸の表現型決定を通じて検証した。種皮容積、種子の縦横比および草丈が脂質含量を増加させるための最も有望な選抜ツールとして同定され、頭状花序あたりの種子は脂質含量を減らすことなく収量を増やすための最も優れた収量構成要素であった。KASP ジェノタイプングはオレイン酸とリノール酸の遺伝子型を同定するマーカー利用選抜ツールとして十分に活用できた。これらのツールは、ベニバナの育種のために、脂質含量および質を改良するための選択肢を強化する。

Breeding Science 70: 558–566 (2020)

「いただき」(*O. sativa* L.) と *O. rufipogon* を供与親とした CSSLs を用いた玄米の胴割れ耐性に関わる新奇 QTL の検出中込弘二¹⁾・重宗明子¹⁾・笹原英樹¹⁾・新井 亨¹⁾・平林秀介²⁾・山内歌子²⁾・出田 取³⁾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⁾農研機構・管理本部)

玄米の胴割れ耐性に関わる新奇の QTL を見出すため、胴割れ耐性が“中”程度の「いただき」と *O. rufipogon* を供与親とした 50 系統の CSSLs を用いて胴割れ耐性の評価を行った。その結果、胴割れ耐性が“強”の系統として「IRSL30」および「IRSL37」の 2 系統が選抜された。また、交配組合せ「いただき/IRSL30」および「いただき/IRSL37」に由来する F₄ 個体を用いた胴割れ率の QTL 解析により、両集団ともに第 8 染色体の同じ位置に胴割れ耐性 QTL “qCR (*Cracking Resistance*) 8-2” が検出され、「IRSL30」および「IRSL37」の遺伝子型で胴割れ率

が低下した。このことから、qCR8-2 は胴割れ耐性に関わる重要な QTL であると考えられた。一方で、「IRSL30」および「IRSL37」はともに qCR8-2 に連鎖した長い芒を有するが、交配組合せ「いただき/IRSL37」の後代より芒の発生が少ない「中系 19301」が選抜されたことから、芒の発生に関わる遺伝子と qCR8-2 は異なる。qCR8-2 は胴割れ耐性育種と胴割れの生理的機構の解明に役立つものと考えられる。

Breeding Science 70: 567–575 (2020)

カンボジアイネ遺伝資源の遺伝的変異

Chhourn Orn¹⁾・斎藤大樹²⁾・Mohammad Ashik Iqbal Khan³⁾・Mohammad Rajiwan Nhuiyan³⁾・Thun Vathany¹⁾・Sathaya Khay¹⁾・Ouk Makara¹⁾・福田善通²⁾¹⁾カンボジア農業開発研究所, ²⁾国際農林水産業研究センター・熱帯・島嶼研究センター, ³⁾バングラデシュ稲研究所)

カンボジア産イネ 179 系統の遺伝的変異を出穂性、染色体構成、いもち病抵抗性に基づいて分類した。日本の石垣島で出穂性を調査したところ、メコン川流域 3 地域のそれぞれの優占系統は、北東地域では早生、中央地域は中生、南東地域では晩生であった。一方、トンデサップ湖周辺の南西および北西の 2 地域では出穂性の大きな変異が認められた。SSR マーカーの多型

データからは、カンボジアの系統は日本型の Ib、インド型の IIa と IIb の 3 つの群に分類された。北西と南西地域の系統ではこれら 3 群が見られたが、北東、中央、南東地域の系統では 1 もしくは 2 群のみであった。いもち病抵抗性に関しては、高度の抵抗性を有する A1 と中間的な抵抗性の A2 の二群に分類された。これら A1 および A2 の二群の比率で顕著な違いが認めら

れたのは南東、南西、北西地域で、北東と中央地域は同程度の比率であった。カンボジアのイネ遺伝資源の遺伝変異は5地域間で異なり、特にメコン川流域の地域とトンデサップ湖周辺の

地域の間で顕著な差異が認められた。

Breeding Science 70: 576–585 (2020)

形態形質および SSR マーカーを用いたユチャ系統の遺伝的多様性の評価

Zhilong He^{1,2,3} • Caixia Liu^{1,2} • Xiangnan Wang^{1,2} • Rui Wang^{1,2} • Yongzhong Chen^{1,2} • Yun Tian³

(¹Hunan Academy of Forestry, China, ²National Engineering Research Center for Oil Tea Camellia, China, ³Hunan Agricultural University, China)

ユチャ (*Camellia oleifera* Abel.) は重要な経済的価値を有する栽培可能な植物である。遺伝的多様性を評価することにより、遺伝資源の科学的利用、栽培および保全に非常に役立つ。本研究では、SSR マーカーとともに、形態形質および経済形質を用いて、ユチャ 150 系統の遺伝的関係を推定した。17 の形態および経済形質の変異とクラスター解析を通じて、遺伝資源を、高い経済形質を有するコア育種群と高い形態形質を有するコア育種群とに分けることができた。SSR マーカーの遺伝的な類似

係数は 0.05 ~ 0.91 の範囲であり、遺伝資源を 5 群に分けることができた。これらの結果は、ユチャの遺伝資源が豊富な遺伝的変異を有すること示していた。SSR マーカーとともに形態特性および経済特性を用いて様々なユチャの遺伝資源の遺伝的多様性を評価した最初の報告であり、その結果から品種の起源の証拠を見つけ、コア育種群とその特徴を確立することができた。

Breeding Science 70: 586–593 (2020)

遺伝的改良の高速化と近交弱勢の防止の両立を目指したシミュレーションに基づくタマネギのゲノミックセレクション工程の最適化

関根大輔¹ • 矢部志央理²

(¹農研機構・野菜花き研究部門, ²農研機構・次世代作物開発研究センター)

ゲノミックセレクション (GS) は、経済的に重要な農業形質の遺伝的改良を高速化する手法として植物育種に用いられている。一方で、作物によって生殖様式や育種方法が異なるため、その効率は作物種によって大きく異なる。タマネギ (*Allium cepa* L.) は、他殖性作物であるが、容易に自殖する。タマネギの育種では、強い近交弱勢の発生や自殖種子の混入は避けることができない。本研究では、これらの特徴を考慮した上で、GS と従来法による 10 年間の育種選抜をシミュレーションした。また、一般的な GS に加えて、遺伝的に類似した個体同士の選抜を避けることで近交弱勢の発生を防止する GS 手法を提案し、それらを世代短縮やモデル更新と組み合わせた。育種シミュ

レーションの結果、選抜期間の前半では、「一般的な GS と世代短縮を組み合わせた選抜工程」は全ての選抜工程の中で最も高い遺伝的獲得量を示した。しかし、この選抜工程の近交性は急激に上昇し、選抜期間の後半には非常に高い値を示した。「新規提案 GS 手法と世代短縮・モデル更新を組み合わせた選抜工程」は、近交性を低い状態に保持したまま高い遺伝的獲得量を得ることができ、選抜期間の後半では、比較対象とした他の選抜工程よりも優れていた。これらの結果から、タマネギ育種において GS は有益であること、また、最適な選抜工程は選抜期間に応じて選択する必要があることが示唆された。

Breeding Science 70: 594–604 (2020)

ソルガム一代雑種の遺伝的能力のゲノミック予測における優性効果の影響

石森元幸¹ • 服部智宏¹ • 山崎清志¹ • 高梨秀樹¹ • 藤本 優¹ • 鐘ヶ江弘美¹ • 米田淳一² • 徳永 毅² • 藤原 徹¹ • 堤 伸浩¹ • 岩田洋佳¹

(¹東京大学大学院・農学生命科学研究科, ²(株)アースノート)

非相加効果 (優性およびエピスタシス) は、例えば、ヘテロシスを介して一代雑種の遺伝的能力に大きな影響を有する。しかし、ゲノミック予測 (GP) では、相加効果のみが考慮され

ることが多い。本研究では、バイオエネルギー用ソルガム [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] の一代雑種の遺伝的能力の予測において優性効果が重要であることを示した。解析には、200 系

統の近交系と2検定系統間の交配から得られた一代雑種400系統以上のデータセットを用いた。一代雑種は稈径および新鮮重に関して際立ったヘテロシスを示し、ヘテロシスの程度はそれぞれの検定親からの遺伝距離と一致した。さらに、ヘテロシスの程度は分集団の間でも異なっていた。対照的に、糖度ではヘテロシスの寄与は限られていた。GPでは、3つの統計モデルおよび4つの訓練データセットを解析した。多くの訓練データにおいて、相加効果のみを考慮するゲノミック最良線形不偏予測量(GBLUP)モデルは、相加・優性効果の両者を考慮する

GBLUP (GBLUP-AD) モデルとガウスカーネル回帰 (GK) モデルよりも低い予測精度を示した。GBLUP-AD および GK モデルの優位性は優性効果の大きさに依存し、その寄与率は稈径および新鮮重で高く、糖度では低かった。分集団を考慮した場合は、優性効果の影響は非常に複雑であった。これらの結果は、ソルガム一代雑種育種のための GP において、優性効果を考慮することの重要性を強調するものである。

Breeding Science 70: 605–616 (2020)

オオムギにおけるムギ類萎縮ウイルス (*Soil-borne wheat mosaic virus*) 抵抗性の遺伝分析

岡田香織¹⁾・加藤常夫¹⁾・及川鉄男²⁾・小松田隆夫^{2,3)}・生井 潔¹⁾

(¹⁾ 栃木県農業試験場, (²⁾ 農研機構・次世代作物開発研究センター, (³⁾ 千葉大学大学院・園芸学研究科)

ムギ類萎縮ウイルス (SBWMV) は北半球の温帯地域に広く存在する病原体であり、経済的に重要な穀物、特にコムギやオオムギに被害を与える。SBWMV を媒介するケルゴゾア門ネコブカビ科の一種 *Polymyxa graminis* が何十年もの間土壌で生存できることから、実施可能な唯一のウイルス制御手段は抵抗性品種を活用することである。ここでは、オオムギ品種はるな二条が有する SBWMV 抵抗性の遺伝的基礎の特徴付けをおこなうため量的形質遺伝子座 (QTL) のアプローチが取られた。こ

の分析により、抵抗性を表すために選択された形質値の全表現型分散の 33% から 41% は、2H 染色体短腕末端の領域にマップされる遺伝子の制御下にあることが明らかになった。土壌伝染性モザイクウイルスに対する抵抗性をコードするほとんどの既知遺伝子とは対照的に、この抵抗性の対立遺伝子は感受性の遺伝子型に対して優性であった。

Breeding Science 70: 617–622

ノート

ガンマ線照射による半矮性で耐倒伏性のダットンソバ品種「ダルマだったん」の育成

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

(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)

ダットンソバ品種「ダルマだったん」を育成した。これはガンマ線照射による突然変異育種によって育成された初めての半矮性ダットンソバ品種である。1999年にダットンソバの主要品種である「北海 T8 号」(当時の系統名: 北系 1 号) の乾燥種子 100 粒にガンマ線を 500 Gy (25 Gy/h × 20 h) を放射線育種場で照射した。同年 8 月に播種して生存した 8 個体から個体別に M₂ 種子を採種した。2000 年 8 月に 240 粒の M₂ 種子を播種し 1 個体の半矮性変異体を発見した。選抜した個体を系統化して「IRBFT-20」として 2001 年から 2005 年にかけて半矮性の

特性と遺伝的安定性を調査した。2011年に「IRBFT-20」は品種登録出願され、2013年に「ダルマだったん」として品種登録された。「ダルマだったん」の「ダルマ」は草型が人形のダルマに似ていることから、「だったん」は“Tartary”の日本語から命名された。「ダルマだったん」は耐倒伏性が強く高収量であることから、直接品種としての利用のみでなく交配親としての間接的な利用も期待される。

Breeding Science 70: 623–630 (2020)

カドミウム高集積イネ系統「秋田 119 号」の育成と主要特性

高橋竜一¹⁾・伊藤正志¹⁾・加藤和直¹⁾・小玉郁子¹⁾・柴田 智¹⁾・佐藤健介¹⁾・高橋里矢子^{1,2)}・松本眞一¹⁾・川本朋彦¹⁾

(¹⁾秋田県農業試験場・²⁾現：秋田県庁)

カドミウム (Cd) は有害な重金属であり、カドミウム汚染地で生産された農作物を通して主に摂取される。ファイトレメディエーションは土壌中のカドミウム濃度を下げる最も有効な方法の一つである。本研究において、我々はカドミウムファイトレメディエーション用の新たな系統として「秋田 119 号」を育成した。「秋田 119 号」は、カドミウム高集積品種である「長香穀」に軟 X 線を照射した突然変異体から得た系統である。「秋田 119 号」の出穂日は、秋田県の主要品種である「あきたこまち」より約 2 週間遅い。「秋田 119 号」は稈長が短く、穂数が多い。「秋田 119 号」は「長香穀」と比較して、脱粒性と耐倒

伏性が改善されている。「秋田 119 号」の千粒重は「あきたこまち」よりかなり軽く、玄米は他の一般的なジャポニカ品種と簡単に区別できる。「秋田 119 号」をカドミウム汚染ほ場で生育させたところ、茎葉の乾物重およびカドミウム濃度は「長香穀」と同等であった。以上の結果から、「秋田 119 号」は「長香穀」の高いカドミウム取奪能力を維持し、栽培特性を改善した系統であることが示された。したがって「秋田 119 号」は、北日本において、水田のカドミウムファイトレメディエーションに実用的なイネ系統であると考えられる。

Breeding Science 70: 631–636 (2020)

Raphanus raphanistrum と *Raphanus sativus* の交雑後代における雄性不稔ダイコンとクロダイコンの出現

山岸 博¹⁾・橋本絢子²⁾・福永明日美¹⁾・寺地 徹¹⁾

(¹⁾京都産業大学・生命科学部、²⁾京都産業大学・植物科学研究センター)

アブラナ科作物の F₁ 種子生産に広く利用されるオグラ型の細胞質雄性不稔性 (CMS) の他に、NWB CMS と DCGMS の 2 つの CMS が知られている。後者の 2 つの CMS において細胞質雄性不稔を誘起するミトコンドリアの遺伝子として、新規のキメラ遺伝子 *orf463* が同定されている。我々はこれまでに *orf463* がクロダイコンの品種群に特有であること、ダイコン属野生種 *Raphanus raphanistrum* の 1 系統 'RS-5' に存在するが、'RS-5' の *orf463* の塩基配列はクロダイコンのそれと異なることを報告した。しかし、最近クロダイコンに存在する *orf463* と同じ塩基配列の *orf463* をもつ *R. raphanistrum* も見いだされた。

そこで、'RS-5' の *orf463* がダイコンにおいて雄性不稔の原因となるかどうかを確かめようとした。'RS-5' を種子親として、栽培ダイコンの '打木源助' を花粉親とする交雑を行い、得られた後代系統の形態と花粉稔性を調査した。F₂ 集団には雄性不稔の個体と黒い根をもつ個体が出現した。これらの結果は、*R. raphanistrum* には CMS を誘導する 2 つのタイプの *orf463* が存在すること、クロダイコンは *orf463* をもつ *R. raphanistrum* に起源したことを示している。

Breeding Science 70: 637–641 (2020)