

総説 (招待)

100 種を超える植物での染色体規模のゲノム配列情報

白澤健太¹⁾・原田大士朗²⁾・平川英樹¹⁾・磯部祥子¹⁾・コーレ チッタランジャン²⁾

(¹⁾かざさ DNA 研究所, ²⁾インド農業研究委員会国立植物バイオテクノロジー研究所)

高等植物のゲノム配列分析は、シロイヌナズナの全ゲノム配列決定から始まった。次世代シーケンシング (NGS) 技術による塩基配列決定法の大きな進歩により、これまでに 400 を超える植物種でゲノム配列が決定された。ロングリード技術とスキップフォールディング法により、染色体規模での新規ゲノム解読が可能になったことで、複数の植物のゲノム構造が比較分析できるようになり、植物の進化の過程が解明できる。ただし、染色体規模のゲノム配列のクオリティは、植物種によって異なる。この総説では、125 Mb から 16.9 Gb までの様々なゲノムサイズをもつ 114 種の植物での染色体規模のゲノム配列情報を

紹介する。構築された配列の平均ゲノムカバレッジは 89.1% に達したのに対し、染色体規模の配列の平均カバレッジは 73.3% だった。ギャップのないテロメアからテロメアまでのゲノム配列を構築するためには、ゲノム解析技術のさらなる改良が必要だろう。そのような新技術により、種がもつ全ての遺伝子や変異を明らかにしようとするパンゲノム解析や、1,000 や 100 万を超える種を対象としたゲノムプロジェクトが高等植物でも行われるようになり、ゲノム研究は新しい局面を迎える。

Breeding Science 71: 117–124 (2021)

原著論文

イネ品種育成過程における継続的な表現型選抜に関する遺伝子型による解釈

藤野賢治¹⁾・川原善浩^{2,3)}・小柳香奈子⁴⁾・白澤健太⁵⁾

(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, ³⁾農研機構・高度解析センター, ⁴⁾北海道大学大学院・情報科学研究院, ⁵⁾かざさ DNA 研究所)

地域集団間の遺伝的多様性を理解することは、現代の作物育種プログラムの主要な目標である。本論文では、世界の稲作の北限のひとつである北海道におけるイネ品種の遺伝的関係を明らかにした。さらに、イネ育種プログラムで行われた人為選抜を、genotype-by-sequencing と全ゲノム解読により特徴付けた。我々はゲノム全体に分布する 8,565 個の一塩基多型と挿入/欠失マーカーを遺伝的多様性分析に利用した。系統学、遺伝的集団構造、および主成分分析によって、合計 110 の品種を地理的

および歴史的に異なる 4 つの異なるクラスターに分類した。さらに、各クラスターにおける北海道の 19 のイネ品種のゲノム配列の変異、塩基多様度および F_{ST} 値は、優良表現型の人為選抜がいくつかの染色体領域に生じたことを示した。これらの結果は、農業形質に対する選択が北海道の現在のイネ品種のゲノム配列に形跡を残したことを明確に示した。

Breeding Science 71: 125–133 (2021)

アブラヤシ *Pisifera* 変種の優良親系統の起源に基づいた *Dura* 系品種と *Pisifera* 変種との (DxP) 交雑後代集団の遺伝的多様性解析と由来識別

Upit Sarimana¹⁾・Javier Herrero²⁾・Pratiwi Erika¹⁾・Nurchayono Indarto¹⁾・Fahmi Wendra¹⁾・Baitha Santika¹⁾・Enrique Ritter²⁾・Zulhermana Sembiring¹⁾・Dwi Asmono¹⁾

(¹⁾Department Research and Development, Indonesia, ²⁾NEIKER - Basque Institute for Agricultural Research and Development, Basque Research and Technology Alliance (BRTA), Spain)

体の交雑後代合計 251 個体について、19 種類の SSR (Simple Sequence Repeat) マーカーによる解析を行った。合計 110 の対立遺伝子が認められ、SSR マーカーあたり 3 から 8 種類、平均 5.8 種類の対立遺伝子変異が認められた。これらのうち、68.5% は複数の集団で共通した対立遺伝子であり、残りの 31.5% は集団特異的な対立遺伝子であった。全集団では 6 から 21 種類のハプロタイプ、SSR マーカーの種類によっては、集団内で 1 から 10 種類のハプロタイプが認められた。供試集団の遺伝的変異性、遺伝的な分化程度および遺伝構造に関する各種パラメータ

は GenAlEx, Structure および Darwin ソフトウェアを用いて解析した。これらの結果から、SSR マーカーを使用したアブラヤシ系統の起源の追跡は、堅実で実現可能かつ信頼性が高い方法であることが確認された。供試系統の出所起源の信頼性と所有権の正当性の問題を解決する観点では、各集団に属する系統は SSR マーカーによって区別することができたものの、さらなる改善のためにはより多くの SSR のスクリーニングが必要である。

Breeding Science 71: 134–143 (2021)

イネ品種 IR24 に誘発された突然変異体 XM6 のもつイネ白葉枯病抵抗性遺伝子 *xa20* の連鎖解析

Jessey Anderson Msami¹⁾・川口祥輝²⁾・一谷勝之^{1,2,3)}・田浦 悟^{1,4)}

(¹⁾ 鹿児島大学・農学部農林水産学研究所, ²⁾ 鹿児島大学・農学部, ³⁾ 鹿児島大学大学院・連合農学研究科, ⁴⁾ 鹿児島大学・遺伝子実験施設)

Xanthomonas oryzae pv. *oryzae* によるイネ白葉枯病は世界のイネの生産に影響を及ぼす重要な病気である。突然変異体 XM6 は、フィリピン産および日本産イネ白葉枯病菌に対して感受性を示すイネ品種 IR24 から N-メチル-N-ニトロソウレアにより誘発された。XM6 はフィリピン産の 6 菌および日本産の 5 菌に対して抵抗性を示す劣性の遺伝子 *xa20* を有していた。この遺伝子の染色体座乗位置は、感受性のコシヒカリに XM6 を交配した 298 個体の F₂ 集団の中で最も短い病斑長をもつ 10 個体を用いて決定した。イネゲノムを網羅する PCR ベースの DNA マーカー解析により、この遺伝子は第 3 染色体長腕の末端部分

に座乗することが判明した。IKC3 は、IR24 の遺伝背景に、抵抗性遺伝子が座乗すると予測される第 3 染色体にコシヒカリの断片をもつ。IKC3 × XM6 由来の F₂ 集団は抵抗性個体と感受性個体を分ける明瞭な二頂分布を示した。この F₂ 集団を用いたさらなる連鎖解析により、*xa20* は DNA マーカー KIC3-33.88 (33.0 Mb) と KIC3-34.06 (33.2 Mb) に近接する 0.8 cM の領域に位置づいた。この研究はイネ白葉枯病菌に対する抵抗性育種と遺伝学的なメカニズムにとって重要な知見である。

Breeding Science 71: 144–154 (2021)

コムギの種子休眠性低下突然変異系統 RSD32 の発達中種子におけるトランスクリプトーム解析

力石和英・杉本 学・前川雅彦

(岡山大学・資源植物科学研究所)

コムギ栽培に甚大な経済的損失を引き起こす穂発芽の主要な制御因子は種子休眠性である。Reduced Seed Dormancy 32 (RSD32) は穂発芽耐性品種である普通系コムギ農林 61 号より作成された種子休眠性低下突然変異系統で、種子特異的に発現する単因子劣性の変異である。農林 61 号と RSD32 の異なる発達段階 (開花後 20 日, 30 日, 40 日; DAP20, DAP30, DAP40) の種子胚における遺伝子発現を RNA-seq により比較した。RSD32 で発現が上昇した遺伝子の数は、発達段階の間で差がなかった。それに対して、RSD32 で発現が低下した遺伝子の数は、DAP40 に比べて DAP20 および DAP30 で多かった。

概日時計制御に関わる朝発現型の遺伝子は、農林 61 号に比べて RSD32 で発現が低下したが、夜発現型の遺伝子は RSD32 で発現が上昇した。Ca²⁺ シグナル伝達関連遺伝子は、農林 61 号では DAP20 で特異的に発現したが、RSD32 ではこれら遺伝子の発現が低下した。以上の結果は、RSD32 変異遺伝子が DAP20 もしくはそれより早い発育ステージで発現することを示唆する。また、コムギの種子休眠性の制御には概日時計制御および Ca²⁺ シグナル伝達に関わると考えられた。

Breeding Science 71: 155–166 (2021)

画像解析によるイチゴ果実形態の定量化およびゲノムワイド関連解析による QTL 同定

永松志朗¹⁾・坪根正雄¹⁾・和田卓也¹⁾・奥幸一郎¹⁾・森 美幸¹⁾・平田千春¹⁾・林 篤司²⁾・七夕高也²⁾・磯部祥子²⁾・高田衣子¹⁾・下村克己¹⁾

(¹⁾福岡県農林業総合試験場, ²⁾かずさ DNA 研究所)

栽培イチゴ (*Fragaria × ananassa* Duch.) の果実形態は重要な育種対象形質である。果実形態に関わるゲノム領域を検出するためには、形態の定量評価が必要とされる。これまでに我々は、6 品種のイチゴを親とした多元交雑集団を作成した。本研究では、この集団から得た 2,969 個の果実について二次元形態を定量評価した。二値化された画像から楕円フーリエ記述子 (EFD) を生成し、主成分 (PC) スコアを算出した。PC1 から PC3 によって果実形態の変動の 96% が説明され、適切な定量評価ができた。

ゲノムワイド関連解析の表現型として PC スコアを用いた。混合線形モデルを用いたゲノムワイド関連解析では、果実形態に関する 2 つの QTL が検出された。この結果は、イチゴの果実形態を解析するための新規かつ効果的な手法を提供するものである。さらに、検出された QTL と提案した評価手法は、果実形態改良を目的としたイチゴ育種においてマーカー選抜を可能にする。

Breeding Science 71: 167–175 (2021)

SSR マーカーによるタイのフジマメ (*Lablab purpureus* (L.) Sweet) 品種の遺伝的多様性と集団構造の解明

Kitiya Amkul¹⁾・Jidapa Moongkanna Sukbang²⁾・Prakit Somta^{1,3)}

(¹⁾Department of Agronomy, Faculty of Agriculture at Kamphaeng Saen, Kasetsart University, Kamphaeng Saen Campus, Thailand, ²⁾Scientific Equipment and Research Division, Kasetsart University Research and Development Institute, Kasetsart University, Thailand, ³⁾Center of Excellence on Agricultural Biotechnology: (AG-BIO/PERDO-CHE), Thailand)

フジマメ (*Lablab purpureus* (L.) Sweet) はアフリカおよびアジアの熱帯および亜熱帯地域で広く栽培されているマメ科作物である。我々は 13 種類の SSR マーカーを用いてタイのフジマメ亜種 *purpureus* および *bengalensis* の 299 個体に関する遺伝的多様性と集団構造の解析を行った。SSR マーカーは各遺伝子座につき平均 2.6 種類の対立遺伝子、合計ではわずか 34 種類の対立遺伝子しか検出できなかった。全体の遺伝子多様度は 0.36、異なる地域における遺伝子多様度 (H_E) や対立遺伝子多様度 (A_R) は同程度であった。同様に、フジマメ亜種 *purpureus* の H_E や A_R は *bengalensis* と同程度であった。STRUCTURE や近

隣結合法 (NJ) による解析では、299 個体は大きく 2 つの群に分類された。一方、主座標分析 (PCoA) ではフジマメ遺伝資源の混合状態が明らかになった。STRUCTURE, NJ および PCoA 解析からは、*purpureus* と *bengalensis* は遺伝的に分化していないことが明らかになった。タイ西部の解析個体数は少なく、全て同じ州から採取されたものであったが、他の地域の個体群と同程度の遺伝子多様性を有していた。これらの結果から、タイではフジマメの遺伝的多様性が中程度に低く、西部では高い多様性をもつことが明らかになった。

Breeding Science 71: 176–183 (2021)

高温ストレス条件下のパンコムギにおける穀粒形質と小麦粉品質の維持に關与する種子貯蔵タンパク質の発現

田中裕之¹⁾・Yasir S. A. Gorafi^{2,3)}・藤田基寛¹⁾・佐々木悠¹⁾・Izzat S. A. Tahir³⁾・辻本 壽²⁾

(¹⁾鳥取大学・農学部, ²⁾鳥取大学・乾燥地研究センター, ³⁾スーダン共和国・農業研究機構)

種子登熟期の高温ストレスは、世界の乾燥地域でコムギの穀物収量と品質を低下させることが報告されている。私たちは、高温ストレスが小麦粉品質に与える影響を明らかにし、高温耐性と優れた小麦粉品質を合わせもつ品種を同定するために、高温耐性品種において高温ストレスが小麦粉品質に与える影響を

研究した。私たちは、穀粒形質、種子貯蔵タンパク質 (SSPs) の発現、およびその結果として得られる小麦粉の品質を高温ストレス条件下と通常条件下で調査した。高温ストレス条件下では、通常条件下で栽培された場合に比べて、全ての品種において細長い形状の種子となりタンパク質含量が増加した。グルテ

ンの品質を推定するために用いた比沈降値は、品種間でばらつきがあった。私たちは、高温ストレス条件下でも優れた小麦粉品質を維持できる品種として、製パンに適した *Glu-D1d* 対立遺伝子をもつ ‘Imam’、高い SSPs 発現量を示す ‘Bohaine’、および

各 SSP 発現比の変動が小さい ‘Condor’ を同定した。これらの品種の望ましい形質を組み合わせることで、高温耐性があり、小麦粉品質が優れた品種を育成できる可能性がある。

Breeding Science 71: 184–192 (2021)

Nicotiana tabacum L. の翻訳開始因子 eIF4E1-S と eIF(iso)4E-T の機能喪失は *Potato virus Y* (PVY) と抵抗性打破 PVY の両方に高いレベルの抵抗性を相乗的にもたらす

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)

植物の翻訳開始因子 eIF4E と eIF(iso)4E は植物 RNA ウィルス、特にポチウイルスによる感染に重要な役割を果たす。これらの因子をコードする遺伝子の突然変異はウィルスへの感受性を低減させる。複二倍体植物のタバコ (*Nicotiana tabacum* L.) では、*eIF4E1-S* 欠失変異体は *Potato virus Y* (PVY) に抵抗性となるが、その抵抗性を打破する PVY 系統 (RB-PVY) が出現してきた。先の研究において我々は *eIF(iso)4E-T* の機能喪失が RB-PVY への感受性を低減させることを示した。本研究において我々は *eIF4E1-S* と *eIF(iso)4E-T* の同時機能喪失が宿主 (タバコ) の成長と発生への悪影響なしに、PVY と RB-PVY の両方に対する抵抗性の向上を相乗的にもたらすことを明らかにした。*eIF4E1-S* を欠失したタバコ系統における PVY の病徴と蓄

積は接種 14 日後に検出され、*eIF(iso)4E-T* の機能が喪失した系統における RB-PVY の病徴は接種 24 日後に観察された。また、PVY を接種した *eIF4E1-S* 欠失タバコ系統では RB-PVY が出現した。対照的に、*eIF4E1-S* と *eIF(iso)4E-T* の両方の機能が喪失した系統は PVY と RB-PVY に対してほぼ免疫であり、接種 56 日後においても、どちらのウィルスの蓄積もほとんど検出されなかった。したがって、この系統は PVY 抵抗性育種の母本として有望である。本研究は PVY と RB-PVY に対して高度な抵抗性をもつタバコを開発するための新しい戦略と、その抵抗性をもたらす機構について洞察を提供する。

Breeding Science 71: 193–200 (2021)

Y2 遺伝子座により生じる白根ニンジンの混入を検出する PCR ベースの DNA マーカーの開発

柴谷多恵子¹⁾・黒田千賀¹⁾・中山しのぶ²⁾・南 千春²⁾・小原亜希子²⁾・藤井敬士¹⁾・磯部祥子²⁾

(¹⁾株式会社フジイシード, ²⁾公益財団法人かずさ DNA 研究所)

ニンジン (*Daucus carota* L.) におけるオレンジ、黄、白の根色は主に Y, Y2, および Or の遺伝子座により決定される。ニンジンの種子生産における大きな問題のひとつに、野生種の白根ニンジンの混入がある。その混入割合を評価するため、白根を検出する簡便な DNA マーカーが必要とされている。Y2 遺伝子近傍の DNA マーカーを開発するため、弊社 ((株) フジイシード) のオレンジ根ニンジン 2 品種および生産種子に混入していた白根ニンジン 6 個体、薄オレンジ根ニンジン 1 個体のリシーケンスを行った。既報の Y2 遺伝子の候補領域内において、ひとつの DNA マーカー Y2_7 のみがリシーケンスサンプルにお

いて白根ニンジンを検出した。国内の主要 F₁ オレンジ根ニンジン 12 品種および ‘Nantes’、‘Chantenay Red Cored 2’ について調査したところ、Y2_7 は ‘ベータ 441’ 以外の調べた全てのオレンジ根品種においてオレンジ型の遺伝子型を示した。白根と判定される擬陽性はオレンジ根の ‘ベータ 441’ で見出された。Y2_7 は日本の固定種である ‘中村鮮紅太’ に混入していた白根ニンジンを検出した。Y2_7 はいくつかの栽培品種においてニンジン種子の品質管理に有用である。

Breeding Science 71: 201–207 (2021)

アズキ (*Vigna angularis*) の上胚軸長を制御する QTLs のマッピング

森 正彦¹⁾・牧 健斗¹⁾・川畑 翼¹⁾・河原大悟¹⁾・加藤裕太¹⁾・吉田 透¹⁾・長澤秀高²⁾・佐藤 仁^{2,3)}・永野 惇⁴⁾・Paul C. Bethke^{5,6)}・加藤清明¹⁾

¹⁾帯広畜産大学・環境農学研究部門, ²⁾北海道立総合研究機構・十勝農業試験場, ³⁾北海道立総合研究機構・中央農業試験場, ⁴⁾龍谷大学・農学部, ⁵⁾アメリカ合衆国・農務省, ⁶⁾ウイソコンシン大学・マディソン校)

アズキ (*Vigna angularis*) の上胚軸長 (ECL) は機械化された除草や収穫の作業効率に影響を与える。本研究では、アズキの ECL の制御に関わる遺伝的要因を調査した。長胚軸系統の「十系 1121 号」と普通胚軸品種の「エリモ 167」の交配に由来する F₂ 集団の上胚軸長を調査するとともに、単純配列反復 (SSR) マーカーと一塩基多型 (SNP) マーカーを使用して各個体の遺伝子型を決定した。その結果、27 個の SSR マーカーと 25 個の SNP マーカーの合計 52 個のマーカーからなる 7 つの連鎖群の遺伝地図を構築した (LOD 閾値 > 3.0)。ECL に関わる 4 つの量的形質遺伝子座 (QTLs) を連鎖群 (LG) 2, LG4,

LG7 および LG10 に特定した。各 QTLs の LOD 値はそれぞれ 4.0 (LG2), 3.4 (LG4), 4.8 (LG7) および 6.4 (LG10) であり、これら QTLs は表現型分散の 49.3% を説明した。F₅ 残余ヘテロ接合体系統で観察した *qECL10* の分離様式から、「十系 1121 号」由来の単一劣性遺伝子が長胚軸性に寄与することを明らかにした。5 個の挿入・欠失マーカーを用いて、*qECL10* を LG10 の末端から約 255 kb の領域内にマップした。本研究の成果は、アズキのマーカー選抜育種の促進に加えて、上胚軸の伸長メカニズムの解明に貢献する。

Breeding Science 71: 208–216 (2021)

トウモロコシ収量関連形質の一般組合せ能力における量的形質遺伝子座の同定

Xiaogang Liu¹⁾・Xiaojiao Hu¹⁾・Kun Li¹⁾・Zhifang Liu¹⁾・Yujin Wu¹⁾・Guang Feng²⁾・Changling Huang¹⁾・Hongwu Wang¹⁾

¹⁾Institute of Crop Science, National Key Facility of Crop Gene Resources and Genetic Improvement, Chinese Academy of Agricultural Sciences, China, ²⁾Liaoning Dandong Academy of Agricultural Sciences, China)

トウモロコシは世界的に最も重要な食用作物である。トウモロコシの農業形質の多くは高いレベルのヘテロシスを示す。組合せ能力はヘテロシスの発現様式を活用するために提案され、一般組合せ能力 (GCA) は交配親の能力を評価する重要な尺度となっている。本研究では、組換え近交系集団を用いて、ノースカロライナデザイン II に基づき 4 つのテスター品種との交配により検定交雑集団を構築した。6 つの収量関連形質が表現型データとして調査された。GCA の効果はテスター品種のヘテロティックグループ属性とその数に基づく 3 つのシナリオにおいて推定された。そして、これらの効果は GCA の量的形質遺伝子座 (QTL) の同定と遺伝的基盤の解明に用いられた。それぞれの形質において、GCA の遺伝率は高かった。したがって、

育種過程の早期世代の検定によって、比較的優良な GCA 能力を備えた候補系統が効率的に選抜される。それぞれのシナリオにおいて検出された GCA に関する QTL は、連鎖マッピングによるとわずかに位置が異なっていた。GCA に関連した遺伝子座の多くは 3 つの (シナリオに対応する) データセットで同時に検出された。それゆえ、遠縁の自殖系統がテスター品種として選択されたにもかかわらず、GCA の遺伝的基盤はほぼ共通であった。さらに、GCA に関する望ましいアリルはマーカー選抜によって集積可能であり、トウモロコシのヘテロシスを対象とする育種に利用可能であった。

Breeding Science 71: 217–228 (2021)

Genotype-by-sequencing 法によるヒヨコマメ (*Cicer arietinum* L.) 種間交雑集団における褐斑病と灰色かび病抵抗性に関する量的形質遺伝子座の分子マッピング

Ashutosh Kushwah¹⁾・Dharminder Bhatia¹⁾・Upasana Rani¹⁾・Inderjit Singh Yadav³⁾・Inderjit Singh¹⁾・C Bharadwaj²⁾・Sarveet Singh¹⁾

¹⁾Department of Plant Breeding and Genetics, Punjab Agricultural University, India, ²⁾ICAR-Indian Agricultural Research Institute, India, ³⁾School of Agricultural Biotechnology, Punjab Agricultural University, India)

褐斑病 (AB; ascochyta blight) と灰色かび病 (BGM; botrytis grey mould) は世界中で最も壊滅的なヒヨコマメの糸状菌病害である。ヒヨコマメの近縁野生種 *C. reticulatum* acc. ILWC 292 は BGM に抵抗性で、*C. arietinum* L. の GPF2 系統は AB に抵抗性である。GPF2 と *C. reticulatum* acc. ILWC 292 の種間交配から育成された合計 187 の F₈ 世代組換え近交系統 (RIL) を AB および BGM に対する抵抗性を付与する量的形質遺伝子座 (QTL) を特定するために使用した。両親系統とともに RIL を、人工的な感染圃場/実験室条件下で 2 年間評価した。両年とも、どちらの病原菌に対しても極めて有意な差 ($P < 0.001$) が観察された。ゲノムワイドな一塩基多型 (SNP) を見つけるために、RIL と

両親系統を genotype by sequencing した。合計 1365 のフィルタリングされた両親間の SNP が連鎖地図の構築に使用され、そのうち 673 の SNP が 8 つの連鎖グループに配置された。composite interval mapping により、AB に対して 3 つの、BG に対して 4 つの抵抗性 QTL が明らかになった。そのうち、AB の 2 つの QTL と BGM の 3 つの QTL は、両年で共通していた。マーカーアシスト選抜によって AB および BGM 抵抗性の優良なヒヨコマメ品種を育成する目的で、これらの QTL はさらにファイナマッピングをする対象となり得る。

Breeding Science 71: 229–239 (2021)

ニホンナシ育種における黒斑病抵抗性実生の効率的な選抜を可能とする SSR マーカーセットの開発

寺上伸吾・足立嘉彦・竹内由季恵・高田教臣・西尾聡悟・齋藤寿広・山本俊哉
(農研機構・果樹茶業研究部門)

ニホンナシ黒斑病は、糸状菌である *Alternaria alternata* (Fries) Keissler によって引き起こされる、ニホンナシ栽培における主要病害のひとつである。殺菌剤による防除は消費者の健康や環境に悪影響を及ぼす可能性があるため、抵抗性品種の育成が望まれている。本研究では、ニホンナシにおける効率的な DNA マーカー選抜育種を可能にするために、207 品種のナシ遺伝資源を用いた網羅的な接種試験を行うとともに、黒斑病抵抗性の DNA マーカー選抜に適したマーカーセット (Mdo.chr 11.27 および Mdo.chr 11.34) を選定した。ほとんどの黒斑病罹病性品種において、Mdo.chr11.27 は 220 bp のバンドを増幅し、Mdo.chr11.34 は

259 bp のバンドを増幅した。ニホンナシにおける Mdo.chr11.34 の遺伝子型は、黒斑病罹病性の推定遺伝子型と完全に一致していた。連鎖解析により、チュウゴクナシの黒斑病罹病性遺伝子の座乗位置を同定した。Mdo.chr11.27 と Mdo.chr11.34 はチュウゴクナシの罹病性遺伝子と強く連鎖しており、罹病性遺伝子はニホンナシと同様に第 11 連鎖群の上部末端に座乗していた。これらのマーカーセットと形質データの蓄積は、ナシ育種における黒斑病抵抗性実生のマーカー選抜育種の効率化を可能にする。

Breeding Science 71: 240–252 (2021)

ギニアアブラヤシ (*Elaeis guineensis* Jacq.) 品種の育種的交配における誤った子孫群を検出するために必要となるマイクロサテライトマーカーの最適なセット

Siti Hazirah Zolkafli¹⁾・Maizura Ithnin¹⁾・Kuang-Lim Chan¹⁾・Mohd Isa Zainol Abidin²⁾・Ismanizan Ismail^{3,4)}・Ngoot Chin Ting¹⁾・Leslie Cheng-Li Ooi¹⁾・Rajinder Singh¹⁾

¹⁾Advanced Biotechnology and Breeding Centre, Malaysian Palm Oil Board, Malaysia, ²⁾Plant Breeding and Services Department, KULIM Plantations Berhad, Malaysia, ³⁾School of Bioscience and Biotechnology, Faculty of Science and Technology, Universiti Kebangsaan Malaysia, Malaysia, ⁴⁾Institute of Systems Biology (INBIOSIS), Universiti Kebangsaan Malaysia, Malaysia)

ギニアアブラヤシは、持続的な収量と生産性を確保するために、厳選された品種間の交配を制御することによって改良が続けられている。誤った交配親の存在は改良の進展を損なうため、正しい交配親の選択が重要である。本研究では、品種交配において、高い信頼性で誤りを検出するためのマイクロサテライト (SSR) マーカーの最適な数を決定した。親を特定するための最適なマーカーの数の決定はギニアアブラヤシの育種プログラムにおける品質管理ツールとして日常的に DNA フィンガープリントを使用する際の費用対効果を確保することができる。こ

こでは、野生遺伝資源に由来する交配を含む幅広い交配を評価した。その結果、PIC の高いマーカーは情報量が多く、誤った交配を含め、交配親に存在するほとんどの対立遺伝子を検出できることが明らかとなった。より遺伝的多様性の高い品種間の交配では、全ての誤りを検出するためには、より多くの最適なマーカーセットが必要となる。本研究で決定した多型的 SSR マーカーの最適な数は、ギニアアブラヤシ品種の育種プログラムにおいて適切な品質管理を確実なものにすることができる。

Breeding Science 71: 253–260 (2021)

キク (*Chrysanthemum morifolium* Ramat.) 品種サザンペガサスのキク白さび病菌抵抗性を判別する DNA マーカー

住友克彦¹⁾・白澤健太²⁾・磯部祥子²⁾・平川英樹²⁾・原田陽帆^{3,4)}・川部眞登¹⁾・八木雅史¹⁾・大坂正明⁵⁾・國久美由紀⁶⁾・谷口郁也⁶⁾

¹⁾農研機構・野菜花き研究部門, ²⁾かずさ DNA 研究所, ³⁾鹿児島県農業開発総合センター, ⁴⁾現: シーシーエス株式会社, ⁵⁾宮城県農業・園芸総合研究所, ⁶⁾農研機構・果樹茶業研究部門)

キク白さび病はキク白さび病菌 (*Puccinia horiana*) によって引き起こされるキク (*Chrysanthemum morifolium* Ramat.) の主要病害である。本病の防除には抵抗性品種の開発が有効である。本研究では、キク白さび病菌の強度抵抗性を判別する DNA マーカーの開発を目指した。強度抵抗性キク品種サザンペガサスおよび罹病性品種の F₁ 集団を用いて、ゲノムワイド関連解析 (GWAS) および連鎖解析を行った。本解析集団では一塩基多型 (SNP) のアレル頻度が予測可能であるので、ddRAD-Seq データより抽出された SNP 候補の中から、両親のアレル遺伝子型組み合わせが同質六倍体における単式遺伝子型 (simplex) × 零式遺伝子型および simplex × simplex であると予測される SNP

を選択し、GWAS に用いた。F₁ 集団では、抵抗性と罹病性が 1:1 の割合で分離した。また GWAS では抵抗性と有意に関連する 21 SNP が同定され、これらは連鎖解析によって単一の連鎖群となった。これらの結果は、品種サザンペガサスには単一の抵抗性遺伝子座が存在することを示している。連鎖解析によって抵抗性遺伝子座から 2.2 cM に位置する最近傍 SNP マーカーを同定し、この SNP マーカーの有効性を独立集団を用いて検証した。本研究は、キクにおいてキク白さび病抵抗性遺伝子に連鎖する DNA マーカーに関する初めての報告である。

Breeding Science 71: 261–267 (2021)

temperature sensitive hybrid breakdown 1 がイネの品種間交雑後代の低温感受性の雑種崩壊に関わる

米谷侑樹・若林妙恵・加藤清明

(帯広畜産大学・環境農学研究部門植物生産科学分野)

雑種崩壊 (HB) は、交雑育種での雑種の作出を妨げる重要な接合後隔離の一種である。本研究では、イネのジャポニカ品種「ゆきひかり」と「きらら 397」の交雑から作出した染色体部分置換系統に新たな低温依存的な雑種崩壊が生じていることを見出した。ターゲットの染色体部分置換系統の生育不良形質群は 23°C で観察されたが、27°C あるいは 30°C では復帰した。次にターゲットの染色体部分置換系統への「きらら 397」の戻し交雑 F_{2,3} 集団を用いた HB の遺伝解析から、「ゆきひかり」に由来する単一劣性の temperature sensitive hybrid breakdown 1 (*thb1*) 遺伝子が、「きらら 397」の遺伝的背景で雑種崩壊を誘

導することがわかった。また、分子マッピングにより、*thb1* は第 6 染色体の 199 kb 内に座乗することがわかった。また、「ゆきひかり」と「きらら 397」との相互交配による F₂ 集団の遺伝解析により、この HB は 2 つの劣性遺伝子の相互作用によって誘発されることが確認された。これらの成果は、新規の温度感受性の種内雑種崩壊のメカニズム解明のための重要な手がかりを提供するとともに、*thb1* と連鎖した DNA マーカーはイネ育種に活用できることを示唆している。

Breeding Science 71: 268–276 (2021)

ノート

カナダにおけるリポキシゲナーゼ-1 欠失ビール大麦品種「CDC Goldstar」の育成と醸造特性

七森理仁¹⁾・時園佳朗¹⁾・保木健宏¹⁾・斉藤 渉¹⁾・有友亮太²⁾・八巻 勉³⁾・廣田直彦¹⁾・須田成志¹⁾・Aaron Beattie⁴⁾

(¹⁾サッポロビール株式会社 原料開発研究所, (²⁾サッポロビール株式会社 商品・技術イノベーション部, (³⁾サッポロビール株式会社 北海道工場, (⁴⁾Crop Development Centre, University of Saskatchewan, Canada)

北米醸造業界向けとして種々の麦芽品質プロファイルが探索されてきたが、今回、LOX-1 欠失 (LOX レス) 大麦新品種「CDC Goldstar」の開発とその醸造特性について紹介する。本品種はビールの香味耐久性を改善する新たな麦芽品質を提供するものである。2013–2014 年においてカナダの公的試験 (the Western Cooperative Two Row Barley Registration Trials) で農業性に関する試験が実施され、本品種は現在の主要品種である CDC Copeland よりも 6% 高い収量を示し、また耐倒伏性にも優れる結果であった。麦芽品質では、CDC Copeland と比較し、酵素力が高く、麦汁中 β グルカンが低いことが特徴で、可溶性

窒素はコントロール可能な範疇であった。パイロットスケール (100 L) および商業スケール (5,000 L) での醸造試験は、同じく LOX レス品種である CDC PlatinumStar を対照として実施した。LOX レス効果により CDC Goldstar は保存ビールにおいても低い T2N 水準を維持しつつ、エステルやアルデヒド、泡品質といった他の主要分析項目にはほとんど影響を及ぼさなかった。新品種 CDC Goldstar はビール産業および消費者に高付加価値を提供するものである。

Breeding Science 71: 272–282 (2021)

イネ品種「きらら 397」を遺伝的背景とする「ゆきひかり」の染色体部分置換系統の作出と農業特性の評価

加藤清明¹⁾・平山裕治²⁾

(¹⁾帯広畜産大学・環境農学研究部門植物生産科学分野, ²⁾北海道立総合研究機構・農業研究本部上川農業試験場)

イネ品種にとって、玄米収量と玄米品質に関連する形質は重要である。これらの形質の自然変異に関わる量的形質遺伝子座 (QTL) は、近縁な品種間については、十分に明らかにされていない。本研究では、イネの栽培北限地の北海道で栽培されている温帯ジャポニカ品種の「ゆきひかり」と「きらら 397」間の交雑から新たに染色体部分置換系統を作出し、出穂日、稈長、穂長、穂数、玄米収量、玄米千粒重、玄米長、玄米幅、玄米厚、アミロース含量、タンパク質含量を評価した。両親間に

は、穂長と玄米長とアミロース含量に差異が見られた。のべにして 35 の染色体部分置換系統の形質値が、遺伝的背景の「きらら 397」とは異なった。これによって、合計 28 種の QTL が、第 1, 2, 3, 4, 5, 6, 8, 9, 10, 11, 12 染色体に特定された。本研究の成果は、栽培北限地のイネ品種の育種にとって有用である。

Breeding Science 71: 283–290 (2021)