

原著論文

インド型水稻品種 PTB33 由来のトビイロウンカ抵抗性遺伝子の置換マッピングと特性評価

Nguyen Dinh Cuong<sup>1,2)</sup>・鄭 紹輝<sup>3)</sup>・真田幸代<sup>4)</sup>・松村正哉<sup>5)</sup>・安井 秀<sup>6)</sup>・藤田大輔<sup>3)</sup>

<sup>1)</sup>鹿児島大学大学院・連合農学研究科, <sup>2)</sup>College of Food Industry, Vietnam, <sup>3)</sup>佐賀大学・農学部, <sup>4)</sup>農研機構・九州沖縄農業研究センター, <sup>5)</sup>農研機構・植物防疫研究部門, <sup>6)</sup>九州大学・農学部

アジア全域に分布するトビイロウンカ (*Nilaparvata lugens* Stål) は、イネ (*Oryza sativa* L.) の生産性を大幅に減少させる。イネのトビイロウンカ抵抗性を高めることは、被害を軽減するひとつの方法である。以前の報告で、強度抵抗性であるインド型品種 PTB33 は、3つのトビイロウンカ抵抗性遺伝子 (*BPH2*, *BPH17-ptb*, *BPH32*) を保有することが示された。しかしながら、これらのトビイロウンカ抵抗性遺伝子の染色体上の位置は明らかにされておらず、抵抗性機構 (抗生作用, 抗寄生性, 耐性) についても不明であった。

本研究では、*BPH2*, *BPH17-ptb*, *BPH32* の染色体上の位置を特定するため、感受性品種「台中 65 号」と準同質遺伝子系

統 (*BPH2*-NIL, *BPH17-ptb*-NIL, *BPH32*-NIL) の交配に由来する分離集団を用いた。*BPH2* は、染色体 12 の RM28449 と ID-161-2 の間、約 247.5 kbp の位置に特定した。*BPH17-ptb* は、染色体 4 の RM1305 と RM6156 の間に、*BPH32* は染色体 6 の RM508 と RM19341 の間に位置づけた。また、*BPH2*-NIL, *BPH17-ptb*-NIL, *BPH32*-NIL を用いて、抗生作用, 抗寄生性, 耐性に関して評価した。*BPH2* と *BPH17-ptb* は、抗生作用と抗寄生性を示し、*BPH17-ptb* と *BPH32* は耐性を示した。本研究の結果から、今後、PTB33 由来の 3 つの抵抗性遺伝子を導入したトビイロウンカ強度抵抗性系統の開発が期待される。

**Breeding Science** 71: 497-509 (2021)

イネ (*Oryza sativa* L.) における擬似病班変異体 *spl36* の同定とファインマッピング

LinJun Cai・Meng Yan・Han Yun・Jia Tan・Dan Du・Hang Sun・YunXia Guo・XianChun Sang・ChangWei Zhang  
(Key Laboratory of Application and Safety Control of Genetically Modified Crops, Rice Research Institute of Southwest University, P. R. China)

病原微生物の攻撃なしに擬似病班変異体 (LMM) は自発的な細胞死を経て、過敏反応の病徴と類似したネクロシスもしくはアポトーシス様の病班を葉や葉鞘に呈する。特にプログラム細胞死と病害抵抗性につながる分子機構について LMM に関する詳細な研究が行われてきている。この研究では、*spotted leaf 36* (*spl36*) 変異体を葉身と葉鞘の両方に病班を呈する典型的な LMM として同定した。病班の形成は過酸化水素の蓄積と葉緑体の分解を伴う細胞死によって起きることがわかった。野生型と比較して、*spl36* の草丈, 有効穂数, 穂長, 穂あたり粒数,

着粒率, 千粒重といった主要農業形質は有意に低下していた。病原菌の攻撃なしに、防御と病原性に関連する遺伝子群である *PR1a*, *PR1b*, *PR10* と *NPR1* の転写は *spl36* 変異体において活性化していた。遺伝学的解析により、突然変異表現型が第 11 番染色体の長腕末端から 260 kb の領域にマップされた *SPL36* 遺伝子によって支配されていることが示された。病原菌接種試験により、イネ紋枯病, イネいもち病とイネ白葉枯病に対しての抵抗性が上昇していることが明らかにされた。

**Breeding Science** 71: 510-519 (2021)

コムギ育種において収量性の間接指標として群落表面温度を用いる場合の標準化方法

大西志全<sup>1)</sup>・粕谷雅志<sup>1,2)</sup>・其田達也<sup>1)</sup>・神野裕信<sup>1,3)</sup>

<sup>1)</sup>北海道立総合研究機構北見農業試験場, <sup>2)</sup>現:北海道立総合研究機構上川農業試験場, <sup>3)</sup>現:北海道立総合研究機構中央農業試験場

作物の群落表面温度 (Canopy temperature, CT) は、様々な育

種事業において、潜在的な収量性の選抜指標として検討されて

いる。一方で、CTの測定は、環境の影響を非常に強く受けることから、育種事業のように多数の品種・系統を扱う場合、CTを正確に測定し、品種・系統間差を明らかにすることは難しい。本研究では、CTの品種・系統間差を正確に評価するために、CTに影響する環境要因を明らかにするとともに、環境要因の影響を最小限にするための補正方法を提案した。具体的には、CTに差がある品種系統について、様々な環境条件下でCTを測定し、太陽が雲に隠れるかどうかにより数秒のうちにCTが変化すること、圃場における試験区の位置によりCTは

大きく異なることを見出した。一方で、周辺の試験区のCTを使って標準化することで、これらの環境の影響に関わらず、CTの品種・系統間差は検出可能であることを明らかにした。さらに、CTの品種間差を明瞭にするためには、一日のうち、12:00から15:00の間の測定が適することを示した。本研究で示したCTの補正方法と測定条件は、CTを使った多収系統の選抜を行う上で非常に有益な情報であると考えられる。

**Breeding Science** 71: 520–527 (2021)

## マーカー選抜を用いた日本国内の根こぶ病菌株に対して抵抗性をもつ新たなセイヨウナタネ系統の開発

川崎光代<sup>1,2,6)</sup>・小原隆由<sup>3)</sup>・石田正彦<sup>3,7)</sup>・高畑義人<sup>4,5)</sup>・畠山勝徳<sup>4)</sup>

(<sup>1)</sup>農研機構・東北農業研究センター, <sup>2)</sup>岩手大学大学院・連合農学研究科, <sup>3)</sup>農研機構・野菜花き研究部門, <sup>4)</sup>岩手大学・農学部, <sup>5)</sup>岩手手生物工学研究センター, <sup>6)</sup>現:農研機構・野菜花き研究部門, <sup>7)</sup>現:農研機構・本部)

根こぶ病はアブラナ科植物に感染する重要病害であり、日本のセイヨウナタネ生産において主要な脅威のひとつである。しかし、これまでに国内で根こぶ病抵抗性の油糧用セイヨウナタネ品種は育成されていない。セイヨウナタネ生産圃場から採取した6菌株の病原型を調査したところ、日本のハクサイF<sub>1</sub>品種を用いた判別方法によりグループ2とグループ4の病原型に分類することができた。そこで、*Crr1*と*Crr2*の抵抗性遺伝子座をもつ合成ナスを種間交雑により作出し、マーカー選抜と戻し交配により温暖地向きおよび寒冷地向きの根こぶ病抵抗性セイヨウナタネ系統を開発した。*Crr1*と種子中の高エルカ酸

含量とのリンケージドラッグを解消するため、エルカ酸含量についてのDNAマーカーを改良し、エルカ酸を含有しない寒冷地向きの根こぶ病抵抗性系統の選抜に成功した。新たな温暖地向き系統「東北106号」は6菌株に対して安定した抵抗性を示し、病原菌汚染圃場においても優れた特性を発揮した。*Crr1*および*Crr2*はセイヨウナタネの根こぶ病抵抗性育種において重要な遺伝子座であり、マーカー選抜は根こぶ病抵抗性の改良に効果的な手法であると結論できる。

**Breeding Science** 71: 528–537 (2021)

## Tribenuron-methylによって誘導される *Brassica juncea* L. の雄性不稔の特性

Yuan Guo・Huhu Gao・Huaiying Ma・Chunlei Du・Dongsuo Zhang・Xiaoyue Wang・Shengwu Hu

(State Key Laboratory of Crop Stress Biology in Arid Areas and College of Agronomy, Northwest A&F University, China)

農業上重要な油糧種子、野菜、調味料作物として栽培される *Brassica juncea* L. には、顕著なヘテロシスが発現することが報告されている。化学合成剤による雄性不稔の誘導は、作物のハイブリッド育種における重要な受粉制御システムである。ここでは、スルホニルウレア系除草剤である Tribenuron-methyl (TBM) がごく少量で *B. juncea* の効果的な除雄剤となることを示している。本研究では、TBMを様々な割合で葉面散布したところ、*B. juncea* の花粉不稔性が有意に増加した (90.57–100%)。TBMを処理した植物では、花器官の大きさや収量構成要素の減少が認められたが、微量の TBM (0.075 g a.i. ha<sup>-1</sup>) では、個体あたりの子実収量は有意に減少しなかった。TBMを処理した植物

のタベート細胞は肥大化と退化が早まり、減数分裂期に異常が見られた。0.10 g a.i. ha<sup>-1</sup> の TBM を処理した個体の蕾では、アセトヒドロキシアシドシンターゼ (AHAS) 活性の有意な低下が認められた。RT-qPCR 分析からは、TBM にさらされることで小さな蕾における AHAS の発現が阻害され、TBM は AHAS の発現を標的として *B. juncea* の雄性不稔を誘導することが示唆された。我々の結果は、TBM は *B. juncea* の効率的な化学合成剤として使用できることを示唆しており、これは *B. juncea* のハイブリッド育種への実用的な意味をもっている。

**Breeding Science** 71: 538–549 (2021)

## *Pinus sibirica* の低温ストレス下におけるトランスクリプトームの塩基配列解読と遺伝子発現プロファイリング

Fang Wang<sup>1,2)</sup> • Song Chen<sup>3)</sup> • Kewei Cai<sup>3)</sup> • Zhimin Lu<sup>2)</sup> • Yuchun Yang<sup>2)</sup> • Mulualet Tigabu<sup>4)</sup> • Xiyang Zhao<sup>1,3)</sup>

(<sup>1)</sup>College of Forestry and Grassland, Jilin Agricultural University, China, <sup>2)</sup>Jinlin Provincial Academy of Forestry Sciences, China, <sup>3)</sup>State Key Laboratory of Tree Genetics and Breeding, Northeast Forestry University, China, <sup>4)</sup>Southern Swedish Forest Research Centre, Swedish University of Agricultural Sciences, Sweden)

低温ストレスは植物の成長と地理的分布に影響を及ぼす主要な非生物学的ストレスである。*P. sibirica* の低温耐性の分子機構を理解するために、低温ストレスをかけた植物の生理学的反応を分析し、トランスクリプトームのプロファイリングを行った。生理学的データによって膜透過性相対コンダクタンス (REC)、活性酸素 (ROS)、マロンジアルデヒド (MDA) 含量、ペルオキシダーゼ (POD) とカタラーゼ (CAT) 活性、可溶性糖類、可溶性タンパク質とプリン含量が低温ストレスに反応して 5% 水準で有意に上昇していることがわかった。トランスクリプトーム解析によって、 $-20^{\circ}\text{C}$  での 6, 24, 48 時間の低温処理後、それぞれ合計 871, 1397, 872 の差別的発現遺伝子 (DEGs)

を同定した。シグナル分子としての  $\text{Ca}^{2+}$  に媒介されるシグナル経路とアブシジン酸経路が *P. sibirica* の主な低温シグナル伝達経路であった。APETALA2/Ethylene-Responsive Factor (AP2/ERF) と MYB 転写因子ファミリーも *P. sibirica* の転写制御において重要な役割を果たす。さらに、低温ストレス下では光合成に関連する多くの遺伝子が差別的に発現していた。我々は、量的 real-time PCR でトランスクリプトームデータの信頼性を確認した。本研究は *P. sibirica* の低温反応に関与する分子機構を理解する基盤を提供する。

**Breeding Science** 71: 550–563 (2021)

## ベトナムの在来メロンは 2 つの品種群および品種群間雑種の存在により多様化している

Thanh-Thuy Duong<sup>1,2)</sup> • Tran Phuong Dung<sup>1)</sup> • 田中克典<sup>3)</sup> • Phan Thi Phuong Nhi<sup>2)</sup> • 嶋田玄太郎<sup>1)</sup> •

Odirichi Nnennaya Imoh<sup>1)</sup> • 西田英隆<sup>1)</sup> • 加藤謙司<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>岡山大学大学院・環境生命科学研究科, <sup>2)</sup>Faculty of Agronomy, University of Agriculture and Forestry, Hue University, Vietnam, <sup>3)</sup>弘前大学・農学生命科学部)

ベトナムの在来メロン (*Cucumis melo* L.) における多様性および遺伝的分化を明らかにするために、ベトナム中部および南部の在来メロン 64 系統を収集し、SSR 多型および RAPD 多型を解析した。ベトナムのメロンは Dua le, Dua vang, Dua bo, Dua gang-両性雄花同株型, Dua gang-単性花型, Dua thom および Montok の 7 品種群と雑草メロンの Dua dai に分けられた。これらのうち Dua le, Dua vang, Dua bo および Dua gang-両性雄花同株型は平野部で栽培されており、遺伝的には Conomon および Makuwa の参照品種と一緒にクラスター II を形成した。遺伝的距離の解析により、Dua le と Dua vang は Makuwa であり、Dua bo と Dua gang-両性雄花同株型は Conomon と結論づけた。

一方、Dua thom と Montok は高地で栽培されており、ヒマラヤ東南麓地域の在来メロンと一緒にクラスター III を形成した。ベトナム南部で広く栽培されている Dua gang-単性花型は遺伝的多様性が最も大きかったが、その理由として本品種群が Dua gang-両性雄花同株型と Montok の間での群間雑種に起源する可能性が考えられた。平野部と高地で遺伝的に異なるメロンが栽培されていること、そして両地域群間での雑種が存在することが、ベトナム在来メロンの遺伝的多様化に貢献したことが明らかになった。

**Breeding Science** 71: 564–574 (2021)

## 乾燥耐性の異なるパンコムギ2系統とその戻し交配親のドライダウン条件下での蒸散反応

Michael O. Itam • Ammar Wahbi • 藤巻晴行 • 辻本 壽  
(鳥取大学・乾燥地研究センター)

乾燥地におけるコムギの生産性向上は、植物が限られた水資源をいかに管理するか大きく依存する。蒸散可能な土壌水分閾値 (FTSW<sub>Th</sub>) と乾燥ストレス応答機能を用いて、2つのコムギ多重成派系統 (MSD53 と MSD345) の保水形質を明らかにした。MSD53 と MSD345 は、いずれもタルホコムギ (*Aegilops tauschii*) から導入した染色体断片をもつが、異なる乾燥耐性を示す。これら系統とその戻し交配親である「農林61号」をドライダウン条件に供した。MSD53 は「農林61号」や MSD345 よりも、蒸散量を減少させる値である FTSW<sub>Th</sub> が高かった。乾燥ストレス応答機能としては、MSD53 が最も低い水吸収閾値を示し、MSD345 と比較して乾燥耐性能力が低いこ

とが示唆された。しかし、ドライダウン条件下では、MSD53 は水を有効に使う形質を示し、MSD345 は水を節約する形質を示した。これらの結果は、スーダンの干ばつストレス条件下において、MSD345 より MSD53 の収量が高いことと一致しており、高い FTSW<sub>Th</sub> が乾燥地での農業生産性向上のための効果的な水利用を支援することを示している。2つの MSD 系統間の節水形質の違いは、導入された染色体断片の違いに起因すると考えられるが、乾燥耐性育種のためにはさらなる検討が必要である。

**Breeding Science** 71: 575–583 (2021)

## 中国 Guangxi Province のチャ遺伝資源における遺伝学的関係の解析と分子フィンガープリントの同定

Rui Guo<sup>1)</sup> • Xiaobo Xia<sup>1)</sup> • Jia Chen<sup>2)</sup> • Yanlin An<sup>1)</sup> • Xiaozeng Mi<sup>1)</sup> • Rui Li<sup>1)</sup> • Cao Zhang<sup>1)</sup> • Minyi Chen<sup>1)</sup> • Chaoling Wei<sup>1)</sup> • Shengrui Liu<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup>State Key Laboratory of Tea Plant Biology and Utilization, Anhui Agricultural University, People's Republic of China, <sup>2)</sup>Guangxi Guilin Institute of Tea Science and Research, Guilin, People's Republic of China)

チャ (*Camellia sinensis*) は、経済的価値の高い常緑木本植物である。中国 Guangxi Province は、中国南部のチャの起源地の中心地に隣接している。豊富な遺伝資源を有し、歴史的にも重要なチャの生産地である。しかしながら、Guangxi Province における茶の遺伝資源の遺伝的多様性、遺伝子浸透、フィンガープリントに関する情報はほとんどない。ここでは、Guangxi Province から得られた 126 の系統について 20 の SSR マーカーを用いて系統樹を作成した。この系統樹は、これらのチャの系統を、それぞれ 19, 47, 60 のメンバーを含む 3つのサブグループに分類した。3つのサブグループの間には高い遺伝的類似性

が観察され、集団の遺伝的多様性は、サブグループ 3 > サブグループ 2 > サブグループ 1 の順であった。さらに、Guangxi Province とその周辺地域の 168 系統の遺伝的関係を解析した。集団構造分析の結果は、クラスタリングの結果と非常によく一致しており、遺伝子浸透が観察された。我々は、126 のチャの系統を十分に区別できる 6つの SSR をコアマーカーセットとして同定した。本結果は、Guangxi Province のチャの遺伝資源を利用・保護するための重要な理論的基盤を提供するものであり、優良チャ品種の育種と普及の向上に役立つと考えられる。

**Breeding Science** 71: 584–593 (2021)

### ノート

## 単純反復配列マーカーに基づく国産チャ品種の親子解析

久保中央<sup>1,2)</sup> • 松田智宏<sup>3)</sup> • 柳田千咲<sup>1)</sup> • 堀田裕奈<sup>3)</sup> • 三村 裕<sup>2)</sup> • 神田真帆<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>京都府農林水産技術センター生物資源研究センター, <sup>3)</sup>京都府農林水産技術センター農林センター茶業研究所)

チャの品種は在来種の個体選抜や交雑育種によって育成され

ているが、親子関係の検証例は限られている。本研究で我々は、

単純反復配列 (SSR) マーカーに基づき日本国内のチャ 79 品種の親子解析を行い、親子関係を確認・同定した。SSR マーカー 9 個の親子解析への有効性を、既存の Cleaved amplified polymorphic sequence マーカーとの比較によって検証した。前者のマーカーは後者に比べてより多くの対立遺伝子が検出可能だった。チャ品種の親子解析シミュレーションから、12 品種（‘鳳春’、‘みえ緑萌 1 号’、‘するがわせ’、‘展茗’、‘山の息吹’、‘はるみどり’、‘香駿’、‘みねかおり’、‘おくむさし’、‘さえみどり’、‘そうふう’、‘とよか’）の両親の来歴が推定され、最初の 5 品種では、これまで不明だった親品種の候補が新規に

同定された。合計 41 個の SSR 遺伝子型の比較から、‘展茗’の親品種として‘あさひ’が、‘鳳春’、‘するがわせ’、‘山の息吹’の親品種として‘ろくろう’が、‘みえ緑萌 1 号’の親品種として‘やまとみどり’が新たに確認された。前述の 12 品種のうち 7 品種では、葉緑体 DNA の塩基配列によって母性も確認された。25 品種については片親の来歴が確認された。本親子解析は、チャの来歴に関する知見を拡大し、新品种の育成に役立つものである。

**Breeding Science** 71: 594–600 (2021)

## 簡易でシンプルな InDel マーカーの柑橘品種識別への応用可能性

野田孝博<sup>1)</sup>・大王かおる<sup>1)</sup>・三原崇史<sup>2)</sup>・永野幸生<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>熊本県農業研究センター農産園芸研究所, (<sup>2)</sup>熊本県農業研究センター果樹研究所, (<sup>3)</sup>佐賀大学・総合分析実験センター)

以前、我々は多様な柑橘栽培品種の 3 種の遺伝子型の判定 (2 種類のホモ接合型と 1 種類のヘテロ接合型) を可能にする InDel マーカーを開発した。本マーカーは共優性であり、簡易なアガロースゲル電気泳動で明確に遺伝子型判定が可能である。本研究では、開発した 28 個の InDel マーカーを用いて、31 品種の遺伝子型の調査を行い、各品種の遺伝子型に基づく品種識別法の開発を目指した。その結果、3 種の遺伝子型を判

定する方法では 31 品種を識別するのに最低 6 個のマーカーが必要であった。さらに、単純な 2 つの遺伝子型 (ホモ型とヘテロ型) に区別する方法では、最低 7 個のマーカーで識別が可能であった。本研究の成果は、簡便で迅速な柑橘の品種識別法を開発する上での基礎となるものである。

**Breeding Science** 71: 601–608 (2021)

## バレイショ育種においてセンチウ広域抵抗性をマーカー支援選抜した場合の品質特性への影響

Dorota Milczarek<sup>1)</sup>・Anna Podlewska-Przetakiewicz<sup>2)</sup>・Jarosław Plich<sup>1)</sup>・Beata Tatarowska<sup>1)</sup>・Bogdan Flis<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>Plant Breeding and Acclimatization Institute–National Research Institute, Research Centre Młochów, Poland, (<sup>2)</sup>Plant Breeding and Acclimatization Institute–National Research Institute, Department of Plant Pathology, Poland)

病害虫抵抗性品種の利用は、バレイショ栽培において最も効果的かつ環境にも優しい生産方法である。ジャガイモシロセンチュウ (PCN) は、世界のバレイショ生産に深刻な影響を与える主要な線虫である。ジャガイモシロセンチュウ (*Globodera rostochiensis*) には 5 つの病原型 (Ro1–Ro5)、ジャガイモシロシロセンチュウ (*G. pallida*) には 3 つの病原型 (Pa1–Pa3) が報告されている。広域抵抗性を有するバレイショ品種の栽培は PCN の多様な病原型の抑制への効果が期待できるが、市場ではそのような品種は限られている。分子マーカーの利用は、

育種の初期段階で抵抗性の遺伝子型を効果的に選抜することを可能にする。しかし、線虫抵抗性を目的とした初期選抜が最終的に選抜された系統の農業形質に及ぼす影響は、バレイショ育種家にとって懸念材料になっている。本研究では、線虫抵抗性を付与する 3 つの遺伝子 (*H1*, *Gro1-4* および *GpaV<sub>vrn</sub>*) を組み合わせた場合の農業形質への影響について調査した。3 つの遺伝子により広域線虫抵抗性を示す育種系統は、抵抗性をもたない育種系統と同様の収量性とイモの形態特性を示した。

**Breeding Science** 71: 609–614 (2021)

## インド型イネ品種 IR64 背景における早生および晩生 QTLs 集積系統の育成と評価

高井俊之<sup>1,2)</sup>・Patrick Lumanglas<sup>2)</sup>・藤田大輔<sup>3)</sup>・佐々木和浩<sup>1)</sup>・Njato Michael Rakotoarisoa<sup>4)</sup>・辻本泰弘<sup>1)</sup>・小林信哉<sup>5)</sup>・Eliza Vie Simon<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup> 国際農林水産業研究センター, <sup>2)</sup> 国際稲研究所, <sup>3)</sup> 佐賀大学, <sup>4)</sup> マダガスカル国立農村開発応用研究センター, <sup>5)</sup> 農研機構・作物研究所)

イネの出穂期は環境適応性に関わる重要な形質である。インド型イネ品種 IR64 の環境適応性を広げるために、早生および晩生 QTL (量的遺伝子座) を単独で有する先行研究で育成された準同質遺伝子系統群 (NILs) を交配することで、IR64 の遺伝背景で早生および晩生 QTLs をそれぞれ複数有する集積系統を育成した。QTLs の集積効果をフィリピン、マダガスカル、日本の 3 環境で評価した。最早生集積系統 (PYLs) は IR64 よりも 6.2 ~ 12.8 日出穂が早く、最晩生 PYLs は 18.8 ~ 27.1 日出穂が遅くなった。早生集積系統 PYLs は IR64 よりも低収量

の傾向が見られた。低収量は穂あたり小穂数を増加させる QTL である *SPIKE* と組み合わせても回復しなかった。対照的に、*Hd5* と *Hd1* を有する集積系統 IR64-PYL(7+10) は IR64 よりも早く出穂し、多く分げつを発生し平方メートルあたり多穂となることで、早生による収量減を緩和していた。これらの結果は、出穂 QTLs 集積の効果は異なる環境でも安定しており、IR64 が他のイネ生育環境へ適応するのを促進するために PYLs が使われうることを示唆する。

**Breeding Science** 71: 615–621 (2021)