

「山田錦」の持つ穂数に関する遺伝子の育種的考察

吉田晋弥*・池上 勝**・塩飽邦子*

要 約

兵庫県の主要酒米品種である「山田錦」または在来品種「山田穂」へ「山田錦」と半矮性遺伝子を持つ「レイホウ」との雑種系統を交配し、短稈で玄米タンパク質含有率の低い系統の選抜を行った。その過程で、第11染色体上に検出された株当たり穂数に関する QTL ($qPN-11$) およびタンパク含有率に関する QTL ($qBP-11$) の遺伝的な効果について解析を行った。

- 1 $qPN-11$ に連鎖する SSR 座 (RM206) のマーカー型は「山田錦」と「山田穂」で同じであるが「山田穂」の $qPN-11$ は「山田錦」と異なり株当たり穂数を増加させなかった。このことから $qPN-11$ における「山田錦」対立遺伝子は「山田錦」の雄性親である「短稈渡船」に由来すると考えられる。
- 2 育成系統における SSR 座 (RM206) のマーカー型と穂数に関する特性の比較から「山田錦」が有する穂数を増加させる対立遺伝子の表現型は劣性であると判断した。
- 3 選抜系統において、 $qPN-11$ に連鎖する $qBP-11$ における玄米タンパク質含有率への影響を調査したが、穂数と玄米タンパク質含有率の間には相関関係が見られなかった。それ故に、 $qPN-11$ による草型の改良は、玄米タンパク質含有率に影響しないと考えられる。
- 4 玄米タンパク質含有率の低減化の育種素材としては、その効果が大きい「山田穂」(京大132) が有用であると考えられた。

The View on Breeding for "Yamada-Nishiki" Allele on the Quantitative Trait Loci for Panicle Number

Shinya YOSHIDA, Masaru Ikegami and Kuniko Shiwaku

Summary

For the production of the short culm lines with low grain protein content, the hybrid lines between major brewing rice variety 'Yamada-nishiki' in hyogo and cooking rice variety 'Reiho', which has semi dwarfing gene, *sd1*, were crossed with 'Yamada-nishiki' or local variety 'Yamadaho'. In the breeding process, the genetic characters were investigated for QTL ($qPN-11$) for panicle number per plant and QTL ($qBP-11$) for grain protein content.

- (1) 'Yamadaho' allele of $qPN-11$ did not increased panicle number in contrast with 'Yamada-nishiki' allele of $qPN-11$, although 'Yamadaho' allele of RM206 linked with $qPN-11$ was the same as 'Yamada-nishiki' allele.
- (2) From the comparison between phenotypes for panicle number and genotypes of RM206 allele, the 'Yamada-nishiki' allele of $qPN-11$ was recessive.
- (3) At the selected lines by the phenotype for panicle number, grain protein contents were investigated. As the result, it was considered that grain protein content will be affected with the modification of the phenotype for panicle number by $qPN-11$.
- (4) We considered that local variety 'Yamadaho' is useful material for breeding varieties with low grain protein content.

キーワード：水稲，酒米品種，半矮性遺伝子，短稈，穂数，QTL，SSR

緒 言

酒米品種「山田錦」は、兵庫県における奨励品種として採用されて以来、70年を経過している。その間、わが国で最も優れた酒造原料米との評価を得てきた。しかし、平年でも稈長が1mを超えることから、倒伏による収量

の低下や高穂発芽性との関連で品質の低下が問題となり、短稈化による栽培特性の改善が長年の課題とされてきた。水稲の短稈化に関しては、国際イネ研究所 (IRRI) において台湾の在来品種「低脚鳥尖」の持つ *sd1* 座の半矮性遺伝子を導入した「IR8」が育成され、「緑の革命」として脚光を浴びて以来、多くの品種で半矮性遺伝子の育種面での利用が試みられてきた。わが国においても1960年代に、やはり *sd1* 座に半矮性遺伝子を持つ在来品種「十

2006年8月31日受理

* 兵庫県立農林水産技術総合センター-生物工学部

** 兵庫県立農林水産技術総合センター-農業技術センター

表1 「レイホウ」の持つ半矮性遺伝子を導入した酒米短稈系統の育成経過

年代 世代	2001	F ₁	2002	F ₂	2003	2004
	交配		個体数		F ₃	F ₄
					系統数	系統数
	山田錦 / RY24	4	200	16 (6)	11 (1)	
	山田錦 / RY41	2	100	17 (7)	13 (2)	
	山田錦 / RY67	1	50	5 (2)	3 (1)	
	小計	-	350	38 (15)	27 (4)	
	山田穂 / RY24	4	200	10 (6)	12 (0)	
	山田穂 / RY41	4	200	17 (9)	11 (2)	
	山田穂 / RY67	4	200	13 (1)	2 (1)	
	小計	-	600	40 (16)	25 (3)	
	合計	-	950	78 (31)	52 (7)	

注1) RY24, RY41, RY67は, レイホウ山田錦 F₁由来の半数体倍加系統

2) 括弧内の数字は各世代における選抜系統数

3) F₄での系統は F₃での各選抜系統から, 1~2株を選び系統とした.

石」を基礎に「ホウヨク」「シラヌイ」「レイホウ」などに代表される短稈品種が育成された⁵⁾.

近年では, 戻し交配により「コシヒカリ」へ *sd1* 座の半矮性遺伝子を導入することで「コシヒカリ」の良食味の特徴を維持しながら耐倒伏性を改善した品種(「ヒカリ新世紀」や「コシヒカリつくば SD1号」など)が育成されている. そこで「山田錦」においても半矮性遺伝子の導入による草型の改善を目指し, 「レイホウ」との交配による短稈品種の育成を行うとともに「レイホウ」と「山田錦」の雑種集団を用いて酒米としての適性形質を中心とした遺伝的解析を行ってきた¹¹⁾.

一方, 草型関連形質である穂数は収量を構成する要素として重要な特性であるが, 近年の気候の温暖化傾向に伴い, 玄米品質との関わりも注目されている⁶⁾. 筆者らは「レイホウ」と「山田錦」の F₁由来半数体倍加系統を用いた量的形質遺伝子座(以下 QTL)解析において第11染色体上に株当たりの穂数に関与する遺伝子があることを明らかにした¹²⁾. また, この穂数に関する QTL とほぼ同じ染色体領域に玄米タンパク質含有率に関する QTL が検出された¹²⁾. それ故に, こうした重要な特性の遺伝的特性と形質相互の関連を明らかにすることは今後の良質酒米品種の育成にとって重要である.

今回, 上記の QTL に関する SSR マーカーの品種間での多型を調査するとともに「レイホウ」の持つ半矮性遺伝子を導入した酒米短稈系統育成の過程において, この QTL の「山田錦」が有する対立遺伝子の特性と由来について一二の知見が得られたのでその育種面での意義について考察する.

材料及び方法

1 SSR 多型の解析

SSR 座(RM206)の多型解析は, Hashimoto et al (2004)の方法に準じて実施した. また, QTL における対数オッズ(以下 LOD 値)は, コンピュータープログラム(qGENE⁷⁾)により求めた.

解析を行った供試品種は吉田ら(2005)における品種から選定した. また, 育成個体での多型解析は, 表1における F₃世代の各系統5個体を用いて, 個体毎に実施した.

2 育成系統の栽培

育成系統の栽培は, 年次により移植時期が異なるが, 全て兵庫県立農林水産技術総合センター・酒米試験地の同一圃場(埴壤土)において, 同一肥培条件で実施した. 耕種概要は以下のとおりである. 苗は, 育苗日数約35日の中苗を6月12日から15日に, 手植えの本植で移植した. 栽植密度は条間25cm, 株間20cmとした. 施肥は基肥として窒素成分で a 当たり 0.4kg 施用し, 追肥, 穂肥は施用しなかった.

3 玄米タンパク質含有率の定量

約 5g の玄米試料での窒素含有率をセミマイクロケルダールを用いて測定し, 得られた値に 5.95 を乗じてタンパク質含有率とした. 供試材料は表1における F₄系統の各5株に稔実した玄米を均等に混合して試料とした.

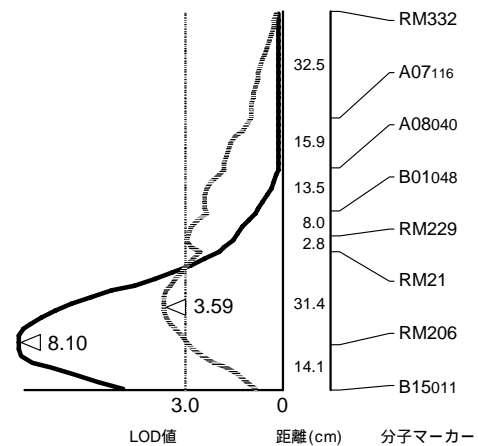


図1 RM206近傍におけるQTLのLOD値分布
実線は株当たり穂数に関するQTL, 破線は玄米タンパク質含有率に関するQTLを示す.

結果及び考察

1 SSR マーカー(RM206)近傍における QTL の LOD 値

表2 在来品種での SSR マーカー RM206におけるマーカー型

分類	品種名	マーカー型	分類	品種名	マーカー型
-a	山田錦	0	-a	早生神力	0
-a	山田穂(京大132)	0	-a	器良能(農生研8223)	0
-a	山田穂(九大1713)	0	-a	三河錦	0
-a	新山田穂1号(農生研10480)	0	-a	愛知三河錦3号	0
-a	新山田穂2号(九大1384)	2	-a	白千本	0
-a	白玉(農生研7846)	0	-a	黄笹	18
-a	都(農生研8218)	0	-b	朝日	0
-a	穀良都	0	-b	京都旭	0
-a	伊勢錦	2	-b	早生旭	0
-a	強力2号	0	-b	辨慶(九大108)	0
-a	但馬強力	0	-b	十石	4
-a	八反10号	2	-c	竹成(農生研8043)	16
-a	竹田早生	4		愛国	-6
-b	雄町	2		銀坊主(農生研7572)	-8
-b	機内雄町	2		大場	-20
-b	船木雄町(農生研10919)	2		巾着	-18
-b	渡船(九大1681)	0		上州	20
-b	野条穂	0		房吉	8
-b	祝	2		亀の尾(農生研6521)	4
-c	渡船2号(農生研10484)	2		亀の尾4号(農生研6156)	12
-d	滋賀渡船2号(京大855)	-4		森田早生	8
-e	八反草(京68)	-2		万石	12
-a	神力(農生研9916)	2		万歳(農生研7709)	8
-a	神力(京大245)	2		撰一(農生研8140)	-6

注) 分類は吉田ら(2005)におけるクラスター解析結果に基づく。

マーカー型は「山田錦」を標準(0)として、塩基配列の増減数を示した。

図1に「レイハウ」と「山田錦」の F_1 由来半数体倍加系統集団での SSR マーカー(RM206)近傍の株当たりの穂数および玄米蛋白含有率に関する QTL における LOD 値(Log odds score)の分布を示した。LOD 値は Yoshida et al (2002)³⁾の結果を基にインターバルマッピングにより算出した。穂数に関する QTL (以降 *qPN-11* と呼ぶ)は、LOD の最高値が8.01と高い値を示し、寄与率(R^2 値)は0.33と、表現型の遺伝的分散の約1/3を説明している。株当たりの穂数に関する QTL としては、Septingsih et al. (2003)¹⁰⁾が RM206 に比較的近い RM254 近傍での存在を報告しているが、その LOD 値は2.92と小さい値となっており、*qPN-11* と比較して遺伝的効果は小さい。一方、玄米タンパク質含有率についての QTL (以降 *qBP-11* と呼ぶ)は LOD の最高値が3.59を示し、*qPN-11* と比較するとその遺伝的な効果は小さいが、「レイハウ」と「山田錦」の雑種集団で検出された玄米蛋白含有率に関する QTL の中では、最も効果の大きいものであった¹²⁾。玄米のタンパク質含有率に関する QTL についても Aluko et al. (2004)¹¹⁾が第11染色体上での存在を報告しているが、この QTL は RM209 の近傍であることから、*qBP-11* とは位置的に異なっている。また、*qPN-11* と *qBP-11* の LOD 値におけるピークの位置は約10cm の差を示した。しかし、これらの QTL を挟み込む分子マーカーである RM206 と

RM21 の距離が31.4cM も有ることから、これら2つの QTL の間の正確な距離を明らかにするためには新たな分子マーカーによる解析が必要である。

2 SSR マーカー (RM206) の品種間での多型性比較

表2に、現在の酒米品種の育成系譜上の祖先となった在来品種に関する RM206 座でのマーカー型の種類を示した。「山田錦」の雌性親である「山田穂」に近縁な品種でも2種類、雄性親の「短稈渡船」に近縁と思われる品種では、4種類のマーカー型が観察され、この遺伝子座における変異性が高いことが示された。特に「渡船」に近縁な系統では、「山田錦」と異なるマーカー型を示す系統が多かった。それ以外の品種では「神力」や「旭」と近縁な系統で「山田錦」と同じマーカー型を示すものが多く、「愛国」「大場」「亀の尾」といった北陸や東北の在来種では、西南暖地の品種と全く異なる多型を示した。

一方、山田錦を育成系譜上の親に持つ酒米品種での RM206 における多型を調査した結果、調査13品種中両親のマーカー型が同じであるため由来が不明な「さかの華」以外では「金紋錦」のみが「山田錦」と同じマーカー型を示した(表3)。しかし、その他の品種では全て「山田錦」と異なるマーカー型を示した。このことは、RM206 座の近傍に位置する「山田錦」対立遺伝子を持つ系統が

表3 育成品種における RM206マーカー型の由来

育成品種名	来歴		RM206のマーカー型			山田錦との比較*
	雌性親	雄性親	育成品種	雌性親	雄性親	
山田錦	山田穂	短稈渡船	0	不明	不明	+
蔵の華	東北140号	東北140号山田錦	2	不明	不明	-
美郷錦	山田錦	美山錦	4	0	-20	-
サケビカリ	山田錦月の光	山田錦	-22	不明	0	-
金紋錦	たかね錦	山田錦	0	-20	0	+
夢山水	山田錦	中部44号	-2	0	不明	-
山雄67号	山田錦	雄町	-2	0	2	-
兵系酒18号	山田錦	IM-106	-8	0	-8	-
灘錦	山田錦	中国31号	-22	0	不明	-
兵庫夢錦	菊栄山田錦	兵系23号	-22	0	不明	-
兵系カ56号	オオセト	山田錦	14	14	0	-
吟の夢	山田錦	ヒノヒカリ	2	0	2	-
さかの華	若水	山田錦	0	0	0	不明
西海134号	シラヌイ	山田錦	-2	-2	0	-

注) 山田錦との比較は育成品種のマーカー型が「山田錦」由来と考えられるものを+，そうでない場合を-とした。

育成に当たって何らかの不利な特性を有していた可能性のあることを示唆する。

3 「山田錦」, 「レイハウ」ならびに「山田穂」(京大132)を交配親とする育成系統での草型特性の選抜効果

短稈の酒米新系統の育成に当たって、雄性親としたRY24, RY41およびRY61は「レイハウ」に「山田錦」を交配したF₁の葍を培養して得られた半数体倍加個体の後代で、短稈で酒米としての玄米特性に優れた系統である。また、雌性親の一つとして用いた「山田穂」(京大132)は「山田錦」と比較しても玄米タンパク含有率が低い事から選定した。立毛での選抜では短稈で比較的穂数が多い個体および系統を選んだ。これは、穂数を増加させる

qPN-11 の「山田錦」対立遺伝子を持つ系統を選抜することで、それに連鎖する玄米タンパク含有率に関わるqBP-11の「山田錦」対立遺伝子による玄米タンパク含有率の低い系統の育成を目標としたことによる。草型並びに玄米特性に基づいて選抜されたF₂個体とその後代F₃系統群の稈長並びに穂数の分布を図2に示した。稈長、穂数ともにそれぞれ世代間で一定の相関関係が認められるが、雌性親の違いにより分布にやや偏りが見られた。すなわち「山田穂」(京大132)は「山田錦」と比較して長稈で比較的穂数が少ないという特性をそれぞれの交配後代系統に反映した分布となっている。

さらに、こうした相関を詳しく知るため「山田錦」と「山田穂」の交配後代集団別に、稈長および穂数におけ

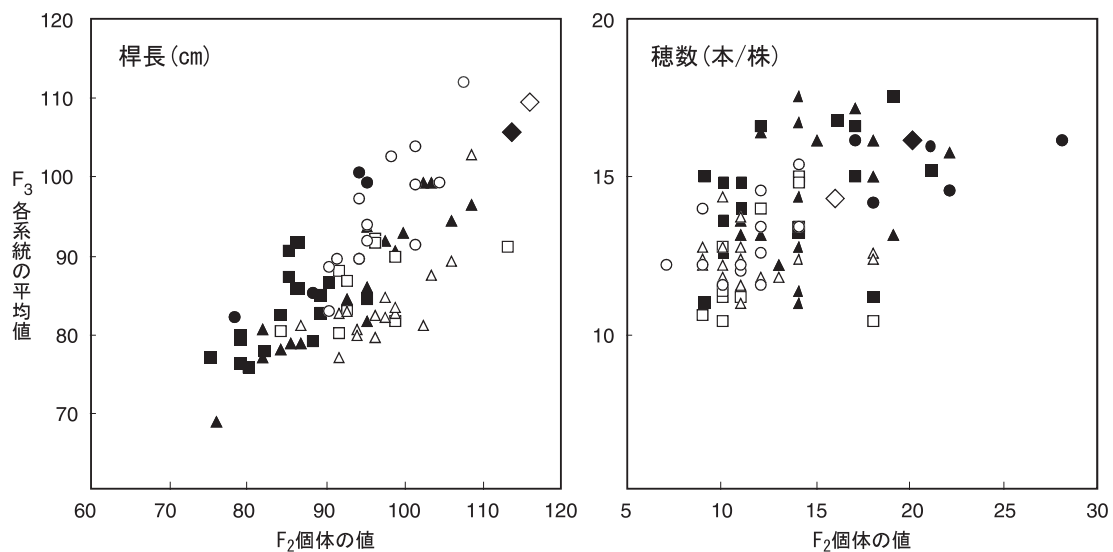


図2 F₂選抜個体とそのF₃系統での稈長および穂数の分布

■:山田錦/RY24, ▲:山田錦/RY41, ●:山田錦/RY67, □:山田穂/RY24, △:山田穂/RY41, ○:山田穂/RY67, ◆:山田錦, ◇:山田穂

表4 F₂とF₃世代間での稈長並びに穂数の相関

	系統の数	平均値		相関係数		
		F ₂ 個体群	F ₃ 系統群			
稈長	山田錦交配集団	38	86.6 cm	85.6 cm	0.848	**
	山田穂交配集団	40	92.4 cm	88.2 cm	0.780	**
	全体	78	89.6 cm	86.9 cm	0.797	**
穂数	山田錦交配集団	38	15.2 本/株	14.6 本/株	0.354	*
	山田穂交配集団	40	11.5 本/株	12.5 本/株	0.165	
	全体	78	13.3 本/株	13.5 本/株	0.483	**

注) *, ** は、それぞれ、5% および1% 水準での有意性を示す。

る、世代間の相関係数を計算した(表4)。稈長に関しては「山田錦」、「山田穂」の双方の交配系統で世代間での相関が高かった。これは主に「レイハウ」由来の半矮性遺伝子が不完全な劣性遺伝子であるため、比較的連続的な分布となったことによると考えられるが、半矮性遺伝子以外の微動遺伝子による相加的な効果も想定される。

一方、穂数に関しては「山田錦」を親とする集団の世代間には5%水準で有意な相関が見られたが「山田穂」を親とする集団では相関が見られなかった。このことは、この集団では穂数に関して遺伝的変異がなかったことを示唆している。

そこで、F₃個体集団での *qPN-11* に隣接する SSR マーカーである RM206 についての遺伝子型の調査を行った。なお、RM206 における「山田穂(京大132)」のマーカー型は「山田錦」と同じであるが、雄性親となった系統の全てが「レイハウ」と同じマーカー型を示すため「山田穂」交配集団で「山田錦」と同じ遺伝子型を示す個体は、RM206 座に関しては「山田穂」由来と考えられる。その結果「山田錦」交配集団では、RM206 座におけるマーカー型の分離比が期待値(3:2:3)から大きく外れ、山田錦型ホモ個体が非常に多く、選抜による偏りが認められたのに対して「山田穂」交配集団では、マーカー型の分離比がほぼ3:2:3に適合した(表5)。このことは、「山田錦」交配集団では穂数に関する選抜効果が *qPN-11* 座の対立遺伝子に対して働いたのに対して「山田穂」交配集団では *qPN-11* 座に対し、選抜効果がなかったことを

示している。これらのマーカー型と株当たり穂数との関係を図3に示した「山田錦」交配集団における山田錦型ホモ個体とレイハウ型ホモ個体では、穂数の分布が明確に異なった。しかし、両集団ともに2つのピークが認められた。このことは、*qPN-11* 座とは別の穂数に関わる遺伝子の存在を示唆する。一方、ヘテロ型集団では、レイハウ型ホモ個体集団とほぼ同じ範囲に分布を示し、穂数が少なくなる方向が優性であった。一方「山田穂」交配集団では、RM206 のマーカー型の違いによる穂数分布の差は小さかった。このことから、*qPN-11* における「山田穂」の対立遺伝子は「山田錦」の持つ対立遺伝子と異なり、穂数に対する効果が「レイハウ」の持つ対立遺伝子と同じであることを示している。

また、これらの観察結果は、品種間での RM206 座の多型調査において「山田錦」と同じマーカー型を示す系統が「山田穂」の近縁系統で多いという事と一致しない。それ故に、RM206 座は在来品種群内で多様性が高かったことから、在来品種においては RM206 座の多型とそれに連鎖する遺伝子との関係を論ずるのは、現段階の判断材料では難しいと思われる。

4 育成系統における玄米タンパク質含有率の選抜効果
「山田錦」の交配集団では株当たり穂数が多い個体を選抜することにより、*qPN-11* の「山田錦」対立遺伝子を効果的に選抜することができた。そこで、この *qPN-11* に隣接する玄米でのタンパク質含有率を低くする *qBP-11*

表5 F₃選抜個体集団における SSR 多型 (RM206) の分離

個体数	山田錦 型ホモ	ヘテロ	レイハウ 型ホモ	χ ² 値		
山田錦交配集団	183	実測値	102	45	36	31.75
		期待値	68.6	45.8	68.6	
山田穂交配集団	199	実測値	79	48	72	0.41
		期待値	74.6	49.8	74.6	

< 2(2, 0.05) = 5.99

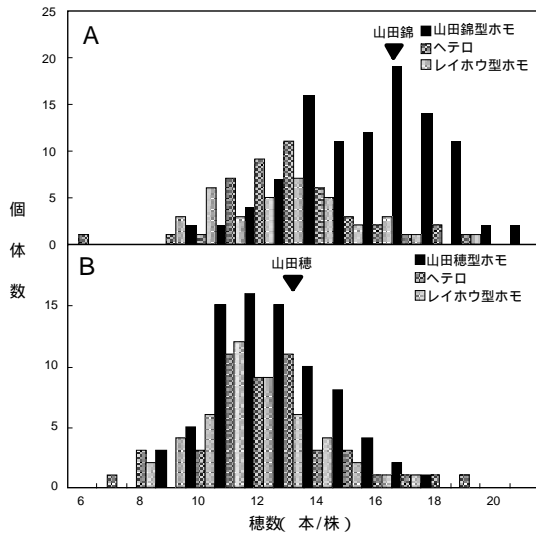


図3 F₃選抜集団におけるSSRマーカーRM206のマーカー型に基づく穂数に関する個体頻度の分布
A: 山田錦交配集団, B: 山田穂交配集団

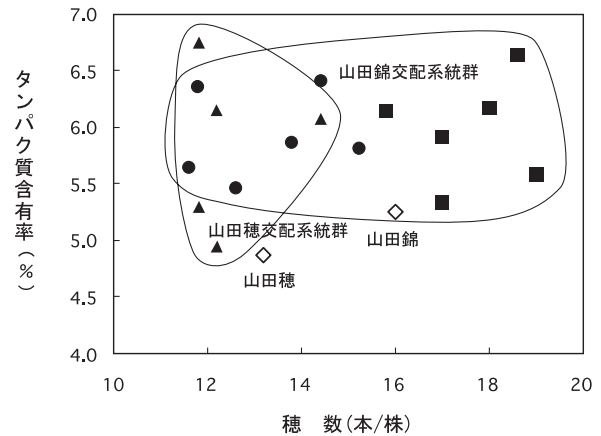


図4 RM206座におけるマーカー型がホモである育成系統(F₄)における穂数と玄米タンパク質含有率の分布
■: 山田錦型ホモ系統
●: レイホウ型ホモ系統
▲: 山田穂型ホモ系統

の「山田錦」対立遺伝子の効果を見るため、F₃個体において、*qPN-11*に隣接する分子マーカーRM206のマーカー型がホモ型であった個体の後代(F₄系統)に稔実した玄米のタンパク質含有率を調査した(図4)。その結果、「山田錦」交配集団ではRM206のマーカー型の違いによっては顕著な差が認められなかった。このことは、当初の目標とは異なる結果を示している。*qPN-11*と*qBP-11*の染色体上での位置については、戻し交配集団や新たな分子マーカーを用いてさらに精密なQTL解析を実施しないと明確にすることはできないが、一つの可能性として、雄性親として選抜した「レイホウ」と「山田錦」F₁由来の半数体倍加系統は、玄米タンパク質含有率が低い系統として選定したことから、すでにこれらの系統ではRM206アリルと*qBP-11*との間で組換えが起きていたのではないかと考えられる。一方、「山田穂」交配集団ではタンパク質含有率の分布幅は「山田錦」交配集団以上に大きかった。このことは「山田錦」より玄米タンパク質含有率が低い「山田穂」が有する遺伝子の効果によるものと想定され、玄米のタンパク質含有率の低減化のための育種素材として「山田穂(京大132)」が有効であると考えられる。

5 「山田錦」における*qPN-11*対立遺伝子の由来と育種的意義

「山田錦」の両親である「山田穂」と「短稈渡船」は育成当時の系統が保存されていないため、それらの特性については京都大学、九州大学および(独)農業生物資源研究所に保存されている系統の特性比較から推定する

必要がある。池上ら(2003)⁴⁾は特性調査の結果から「山田穂」および「渡船」の保存系統の中で(独)農業生物資源研究所に保存されている「渡船2号」のみが株当たりの穂数が「山田錦」並の偏穂数型であることから、「山田錦」の親となった「短稈渡船」は、この「渡船2号」であろうと推定している。今回の短稈酒米系統の育成過程で明らかになった*qPN-11*座における「山田錦」と「山田穂」との対立遺伝子間での穂数への効果の違いから、「山田錦」の有する対立遺伝子は「短稈渡船」に由来するものと思われる。一方、*qPN-11*座における「山田錦」対立遺伝子での穂数増加効果が劣性であり、*qPN-11*座での突然変異であると考えられることから、「渡船」において生じた変異であったと推定される。しかし、*qPN-11*座に連鎖するRM206における「渡船2号」マーカー型は「山田錦」のそれと異なることから、「山田錦」における同遺伝子の由来を明確化するには「渡船2号」と「山田錦」との間で*qPN-11*座における相補性検定を行う必要がある。

「山田錦」の育成に当たって、池上ら(2005)³⁾の調査によると、昭和8年の兵庫県立農業試験場業務功程における記述で、後の「山田錦」となった系統である「山渡50-7」は短稈多げつで収量が多いと評価されており、*qPN-11*座による株当たり穂数の増加は「山田錦」が育成されるに当たって重要な特性であったと想像される。しかし、2の項で示した様に「山田錦」を交配母本としたその後の育成品種では、*qPN-11*座において「山田錦」対立遺伝子を受け継ぐ品種がほとんどないことから、この「山田錦」の持つ穂数に関する特性は、その後の他品種からの

短稈化遺伝子の導入や化学肥料の発達による耐肥性との関連でかならずしも有利でなかったと想像される。すなわち、今回、酒米短稈系統の育成母本として利用した「レイホウ」の *qPN-11* 座における対立遺伝子は「山田錦」のそれと比較すれば、穂数を少なくするが「レイホウ」の品種特性としては、短稈穂数型品種である⁹⁾。*sd1* 座における半矮性遺伝子は株当たり穂数の増加にも影響することが準同質遺伝子系統を使った調査で明らかになっており⁸⁾、半矮性遺伝子と *qPN-11* 座の「山田錦」対立遺伝子の組合せは、遺伝的に過繁茂の原因となる可能性も想定される。

近年、一般食用米において気候温暖化に伴う高温登熟での白未熟米等の発生による玄米品質の低下が問題となっている。この原因の一つとして、分けつ期における高温が茎数過多を招き、シンクとソースのバランスが崩れることも一因と考えられている⁶⁾。「山田錦」の場合も1998年を境に検査等級において特等比率の低下が顕著となっている。その一因は生育前半の高温により穂数が増加し、籾数過多となって、これが粒の充実度へ悪影響を及ぼしたことでありと考えられている。今後の水稻育種においては気候温暖化への対応が避けて通れない課題となっており、そうした観点から、穂数に関する特性は育種上非常に重要な特性であると考えられる。それ故に、現在育成中の酒米短稈系統での *qPN-11* 座における「山田錦」対立遺伝子の有無による生育並びに玄米特性の違いに関する詳細な解析が待たれる所である。さらに、現在 *qPN-11* 座の「レイホウ」対立遺伝子を「山田錦」に導入した準同質遺伝子系統を育成中であり、そうした系統を用いることにより、将来 *qPN-11* 座の分子レベルでの機能解明が可能になると考えている。

引用文献

- (1) Aluko, G., C. Martinez, J. Tohme, C. Castano, C. Bergman and H. Oard (2004) QTL mapping of grain quality traits from the interspecific cross *Oryza sativa* x *O. glaberrima*. *Theor. Appl. Genet.* 109, 630-639.
- (2) Hashimoto Z., N. Mori, M. Kawamura, T. Ishii, S. Yoshida, M. Ikegami, S. Takumi and C. Nakamura (2004) Genetic diversity and phylogeny of Japanese sake-brewing rice as revealed by AFLP and nuclear and chloroplast SSR markers. *Theor. Appl. Genet.* 109, 1586-1596.
- (3) 池上勝・三好昭宏・世古晴美・渋谷幾夫・西田清数 (2005) 酒米品種「山田錦」の育成経過と母本品種「山田穂」「短稈渡船」の来歴. 兵庫農技総研報(農業) 53, 37-50.
- (4) 池上勝・三好昭宏・吉田晋弥 (2003) 酒米在来品種の品種特性. 近畿作育研究 48, 41-45.
- (5) 菊池文夫・板倉登・池橋宏・横尾政雄・中根晃・丸山清明 (1984) 短稈・多収水稻品種の半矮性に関する遺伝子解析. 農技研報 D 36, 125-146.
- (6) 松村修 (2005) 高温登熟による米の品質被害-その背景と対策-. 農業技術 60, 437-441.
- (7) Nelson, J. C. (1997) QGENE: software for marker-based genomic analysis and breeding. *Mol. Breed.* 3, 239-245.
- (8) Ogi, Y., H. Kato, K. Maruyama and F. Kikuchi (1993) The effects on the culm length and other agronomic characters caused by semidwarfing genes at the *sd1* locus in rice. *Japan J. Breed.* 43, 267-275.
- (9) 岡田正憲・西山寿・本村弘美・藤井啓史・今井隆典・甲斐俊二郎・和佐野喜久生・志村英二 (1974) 水稻品種「レイホウ」について. 九州農試報告 17, 293-314.
- (10) Septingsih, E. M., J. Prasetyono, E. Lubis, T. H. Tai, T. Tjubaryat, S. Moelijopawiro and S. R. McCouch (2003) Identification of quantitative trait loci for yield and yield components in an advanced backcross population derived from *Oryza sativa* variety IR64 and the wild relative *O. rufipogon*. *Theor. Appl. Genet.* 107, 1419-1432.
- (11) 吉田晋弥・橋本善太郎・川口雅志・森直樹・中村千春・塩飽邦子 (2005) 酒米を中心とした水稻遺伝資源の DNA 多型. 兵庫農技総研報(農業) 53, 28-36.
- (12) Yoshida S., M. Ikegami, J. Kuze, K. Sawada, Z. Hashimoto, T. Ishii, C. Nkamura and O. Kamijima (2002) QTL Analysis for Plant and Grain Characters of Sake-brewing Rice Using a Doubled Haploid Population. *Breeding Sci.* 52, 309-317.