

委託プロジェクト研究
「ゲノム情報を活用した農産物の次世代生産基盤技術の開発」
平成29年度 最終年度報告書

13405483

大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発

研究実施期間	平成25年度～平成29年度（5年間）
代表機関	国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構 次世代作物開発研究センター
研究開発責任者	石本 政男
共同研究機関	国立研究開発法人 農業生物資源研究所
	国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構（次世代作物開発研究センター、北海道農業研究センター、東北農業研究センター、作物研究所、近畿中国四国農業研究センター、九州沖縄農業研究センター）
	地方独立行政法人 北海道立総合研究機構（十勝農業試験場、北見農業試験場、中央農業試験場）
	京都府農林水産技術センター
	長崎県農林技術開発センター
	沖縄県農業研究センター
	国立大学法人 京都大学（大学院農学研究科、生存圏研究所）
	学校法人 酪農学園大学農食環境学群
	国立大学法人 佐賀大学農学部
	国立大学法人 北海道大学農学院
	国立大学法人 九州大学農学研究院
	国立大学法人 弘前大学農学生命科学部
	国立大学法人 名古屋大学大学院生命農学研究科
	国立大学法人 東北大学大学院生命科学研究科
	国立大学法人 東京農工大学農学部
	公立大学法人 石川県立大学生物資源工学研究所
国立大学法人 岡山大学農学部	
普及・実用化支援組織	
研究開発責任者 連絡先	TEL : 029-838-7930 FAX : 029-838-7930 E-mail : ishimoto@affrc. go. jp

<別紙様式3. 最終年度報告書>

I-1. 年次計画

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
SFC1001							
1. ダイズの収量構成要素 制御遺伝子の単離と機能解 明、育種的利用							
(1) ダイズの収量構成要 素関連遺伝子の単離と機能 解明	←				→	農研機構・次世 代作物開発研究 センター	基盤研究領域 畑作物研究領域・ 畑作物形質評価ユ ニット
(2) 花梗長関連遺伝子の 同定と育種的利用	←		→			北海道立総合研 究機構・十勝農 業試験場	豆類グループ
(3) 粒重関連遺伝子の同 定と育種的利用	←				→	農研機構・東北 農業研究センタ ー	大豆育種グループ
2.ダイズ等のゲノム研究基 盤の整備と利用	←				→	農研機構・次世 代作物開発研究 センター	前出
SFC1002							
日米品種を対象にしたソー ス能支配形質の解析と育種 的利用							
(1) 無限伸育型の効果の 解析							
材料の増殖・育成	←	→				京都大学	農学研究科
収量への効果	←			→		京都大学	前出
分枝可塑性への効果	←			→		酪農学園大学	農食環境学群・循 環農学類
(2) 光合成能の解析							
材料の準備・育成	←	→				京都大学	前出
光合成能の解析		←		→		京都大学	前出
伸育型から独立した光合成 関連QTLの解明			←		→	酪農学園大学	前出
(3) ソース能評価法の検 討							
光合成評価手法		←		→		京都大学	前出
分枝可塑性の簡易評価法			←		→	酪農学園大学	前出

SFC1003 ダイズの開花・登熟関連遺伝子の単離と機能解明、育種利用 (1) 新規の開花関連遺伝子の同定 (2) 開花関連遺伝子の精密マッピング (3) 候補遺伝子の単離 (4) 遺伝資源における候補遺伝子の遺伝的多様性の評価 (5) 戻し交配等を用いた育種素材の開発						佐賀大学 北海道大学	植物遺伝育種学 植物遺伝資源学
						佐賀大学 北海道大学	前出 前出
						佐賀大学 北海道大学	前出 前出
						佐賀大学 北海道大学	前出 前出
						佐賀大学 北海道大学	前出 前出
SFC1004 ダイズの発芽時冠水耐性に関わる遺伝子の単離と機能解明、育種利用 (1) QTLの責任遺伝子の特定と冠水耐性の分子生物学的および組織化学的基盤解析 (2) DNAマーカー開発 (3) 難吸水性の種皮構造と冠水耐性との関連 (4) 胚軸乖離機構の解析および非破壊的解析手法の開発 (5) アリューロン層構造の組織化学的解析						北海道大学 京都大学	植物遺伝資源学研究室 育種学研究室
						北海道大学 京都大学	前出 前出
						北海道大学	前出
						京都大学	前出
						北海道大学	前出
SFC1005 ダイズの耐湿性に関与する嫌気耐性遺伝子の単離と機能解析 (1) 嫌気耐性遺伝子の同定と単離						九州大学大学院・農学研究院	農業生産生態学

					農研機構・次世代作物開発研究センター	畑作物研究領域
(2) 嫌気耐性遺伝子の機能の推定	←	→			名古屋大学大学院・生命農学研究科	植物遺伝育種学
(3) 嫌気耐性遺伝子の有効性の検証				←	九州大学大学院・農学研究院	前出
SFC1006 ダイズ裂開粒の発生機構解明および裂開抵抗性選抜マーカーの開発						
(1) 裂開抵抗性選抜マーカーの開発					北海道立総合研究機構・十勝農業試験場	豆類グループ
裂開抵抗性のQTL解析	←	→				
QTLの効果検証			←	→		
候補領域の絞り込み				←	北海道立総合研究機構・北見農業試験場	地域技術グループ
(2) 圃場におけるマーカーの効果検証と裂開抗性育種素材の開発						
圃場での効果検証				←		
育種素材の開発	←	→				
(3) 裂開粒発生機構の解明	←	→			弘前大学	農学生命科学部
SFC1007 ダイズ茎疫病抵抗性に関わるほ場抵抗性遺伝子の単離						
(1) 「フクユタカ」が持つ茎疫病ほ場抵抗性遺伝子の単離と機能解析	←			→	農研機構・生物機能利用研究部門	植物機能制御ユニット
(2) 新規の茎疫病ほ場抵抗性のDNAマーカーの開発	←			→	農研機構・生物機能利用研究部門	前出
SFC1008 ダイズのウイルス病に対する抵抗性遺伝子の単離と機能解明、育種的利用						
(1) SMV抵抗性遺伝子Rsv4の単離	←	→			農業生物資源研究所	ダイズゲノム育種研究ユニット

(2) Rsv4遺伝子の機能解明	←→			農業生物資源研究所	植物-微生物間相互作用研究ユニット
(3) PSV抵抗性遺伝子 Rpsv1の単離	←→			近畿中国四国農業研究センター	作物機能開発研究領域
(4) 準同質遺伝子系統の開発	←→			近畿中国四国農業研究センター	前出
SFC1009					
ハスモンヨトウ抵抗性遺伝子の単離と機能解析およびツルマメ由来の新規抵抗性遺伝子の探索					
(1) ハスモンヨトウ抵抗性遺伝子の単離	←→			農研機構・九州沖縄農業研究センター	作物開発利用研究領域 大豆・資源作物育種グループ
(2) ハスモンヨトウ抵抗性遺伝子の抵抗性付与メカニズムの解明	←→			農業生物資源研究所	農業生物先端ゲノム研究センター・昆虫ゲノム研究ユニット
(3) ツルマメ由来の新規ハスモンヨトウ抵抗性遺伝子の探索	←→			農研機構・九州沖縄農業研究センター	前出
SFC2001					
1. 高生産性圃場由来の分離菌株の接種試験等による特性解明					
(1) 微生物の分離培養	←→			京都府農林水産技術センター	
(2) 接種試験と系統解析による根圏微生物の解析	←→			京都府農林水産技術センター	
2. 高生産性圃場に特徴的な根圏微生物叢の群集構造解析					
(1) 収量性の異なる圃場の根圏微生物叢の群集構造解析	←→			京都大学	生存圏研究所
(2) 連作障害を回避し、高生産性化する根分泌物の	←→			京都大学	前出

<p>同定</p> <p>3.根圏微生物機能の制御に関与する根分泌物の同定</p> <p>(1) 根分泌物及び根圏微生物叢変動の品種間差の解明</p>	←→				京都大学	前出
<p>SFC2002</p> <p>固定窒素寄与率における量的遺伝子座の同定</p> <p>(1) ダイズコアコレクション中の品種・系統の窒素固定寄与率を評価</p> <p>(2) ミヤコグサを用いた不良環境下における窒素固定能評価法の検討</p> <p>(3) ミヤコグサ窒素固定能関連形質のQTL解析</p>	←→				農業生物資源研究所	植物共生機構研究ユニット
	←→				農業生物資源研究所	前出
	←→				農業生物資源研究所	前出
<p>SFC2003</p> <p>ダイズの共生微生物相と共生系制御システムの解明による持続的生産技術の開発</p> <p>(1) ダイズ共生微生物相の診断</p> <p>(2) 肥料・農業資材等による共生微生物相の制御</p> <p>(3) ダイズ宿主の<i>Rj2</i>因子等を利用した共生育種</p>	←→				東北大学・生命科学研究所	地圏共生遺伝生態
	←→				北海道農業研究センター	畑作研究領域
	←→				東北大学・生命科学研究所	前出
<p>SFC2004</p> <p>根圏微生物がダイズ根粒数を制御する機構の解明とその根粒への侵入が窒素固定効率に与える影響の評価</p> <p>(1) 根圏微生物がダイズに誘起する根粒形成制御応答の評価</p> <p>(2) ダイズ根粒中に侵入した根圏微生物がダイズの共生窒素固定能力発現に与</p>	←→				東京農工大学・大学院農学研究院	生物生産科学部門
	←→				東京農工大学・大学院農学研究院	前出

<p>える影響の評価 (3) 根圏微生物がダイズ根粒数を制御する機構の解明</p>		↔				東京農工大学・大学院農学研究	前出
<p>SFC2005 窒素固定増強遺伝子の同定と作物生産への応用の試み (1) ミヤコグサの共生能増強遺伝子の同定</p>	↔					佐賀大学	農学部生物環境科学科作物生態生理学研究室
<p>SFC2006 菌根菌応答率に基づくリン酸吸収効率化育種 (1) 菌根共生による有用形質を評価するダイズ栽培解析系の確立 (2) ダイズ品種の評価解析と、高応答率・高親和性を示す大豆品種の選定 (3) 菌根共生の有用形質を支配するQTLに関与するDNAマーカーの同定</p>	↔					農業生物資源研究所	植物共生機構研究ユニット
<p>SFC3001 高付加価値ソバの品種開発を加速する自殖性選抜マーカーの開発 (1) 自家和合性と不和合性を識別するDNAマーカーの開発と実証 (2) ゲノムデータ構築とマーカー化可能領域の解明 (3) 自家不和合性反応で働く遺伝子の解析</p>	↔					農研機構・次世代作物開発研究センター	カンショ・資源作物育種ユニット
						京都大学	農学研究科
	↔					石川県立大	生物資源工学研
<p>SFC3002 バレイショ重要病害虫の抵抗性遺伝子を選抜するDNAマーカーの開発及びそれら</p>							

<p>を利用 した育種素材の開発</p> <p>(1) <i>H1</i>の高精度マーカー 作出</p> <p>(2) <i>Rychc</i>の高精度マ ーカー作出</p> <p>(3) <i>Rychc</i> 機能解析</p> <p>(4) 効率的な抵抗性育種 を可能とする育種素材の開 発</p>						<p>北海道立総合研 究機構・中央農 業試験場</p> <p>北海道立総合研 究機構・中央農 業試験場</p> <p>農研機構・北海 道農業研究セン ター</p> <p>農研機構・北海 道農業研究セン ター</p> <p>長崎県農林技術 開発センター</p>	<p>作物開発部</p> <p>前出</p> <p>畑作物開発利用研 究領域</p> <p>前出</p> <p>農産園芸研究部門</p>
<p>SFC3003</p> <p>次世代シーケンスを用いた 活動型レトロトランスポ ズの挿入多型解析によるサ ツマイモ高密度連鎖地図の 作成と立枯病およびネコブ センチュウ抵抗性マーカー の開発</p> <p>(1) 抵抗性解析集団の形 質評価</p> <p>(2) 立枯病菌株の系統分 類と病原性の解明</p> <p>(3) 新たな活動型レトロ トランスポゾン・ファミリ ーの同定</p> <p>(4) サツマイモ高密度連 鎖地図の作成および抵抗性 マーカーの開発</p> <p>(5) 立枯病抵抗性有望系 統の系統選抜</p>					<p>農研機構・九州 沖縄農業研究セ ンター</p> <p>農研機構・九州 沖縄農業研究セ ンター</p> <p>岡山大学</p> <p>岡山大学</p> <p>沖縄県農業研究 センター</p>	<p>生産環境研究領 域・畑作研究領域</p> <p>畑作研究領域</p> <p>ゲノム遺伝解析学 分野</p> <p>前出</p> <p>作物班</p>	

I-2. 実施体制

課題 番号	研究項目	担当研究機関・研究室			研究担当者
		機関		研究室	
SFC 1001	研究開発責任者	農研機構 次世代作物開発研究センター	基盤研究領域		◎ 石本 政男
	ダイズの収量構成要素制御遺伝子の単離と機能解明、育種的利用ならびにダイズ等のゲノム研究基盤の整備と利用	農研機構 次世代作物開発研究センター	基盤研究領域		○ 石本 政男 (H25～H29)
		北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	研究部	豆類グループ	山口 直矢 (H25～H27)
		北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	研究部	豆類グループ	三好 智明 (H25～H27)
		北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	研究部	豆類グループ	小林 聡 (H25～H27)
		農業生物資源研究所	農業生物先端ゲノム研究センター	ダイズゲノム育種研究ユニット	加賀 秋人 (H25～H27)
		農業生物資源研究所	農業生物先端ゲノム研究センター	先端ゲノム解析室	片寄 裕一 (H25～H27)
		農研機構 次世代作物開発研究センター	畑作物研究領域	畑作物形質評価ユニット	田口 文緒 (H26～H29)
		農研機構 次世代作物開発研究センター	畑作物研究領域	畑作物形質評価ユニット	佐山 貴司 (H25～H28)
		農研機構 次世代作物開発研究センター	畑作物研究領域	畑作物形質評価ユニット	小木曾 映里 (H27～H29)
		農研機構 東北農業研究センター	水田作研究領域	大豆育種グループ	加藤 信 (H25～H29)
	農研機構 東北農業研究センター	水田作研究領域	大豆育種グループ	菊池 彰夫 (H25～H29)	

SFC 1002	日米品種を対象にした ソース能支配形質の解 析と育種的利用	農研機構 東 北農業研究セ ンター	水田作研究 領域	大豆育種グル ープ	島村 聡 (H25～H29)
		農研機構 東 北農業研究セ ンター	水田作研究 領域	大豆育種グル ープ	菱沼 亜衣 (H28～H29)
		農研機構 東 北農業研究セ ンター	水田作研究 領域	大豆育種グル ープ	平田 香里 (H26～H29)
		北海道農業研 究センター	寒地作物研 究領域		小松 邦彦 (H26)
		京都大学	大学院農学 研究科	作物学研究室	○ 白岩 立彦 (H25～H29)
		京都大学	大学院農学 研究科	作物学研究室	田中 佑 (H25～H29)
SFC 1003	ダイズの開花・登熟関 連遺伝子の単離と機能 解明、育種的利用	京都大学	大学院農学 研究科	植物生産管理 学研究室（附 属農場）	中崎 鉄也 (H25～H29)
		酪農学園大学	農食環境学 群	循環農学類	義平 大樹 (H25～H29)
		佐賀大学	農学部	植物遺伝育種 学	○ 渡邊 啓史 (H25～H29)
SFC 1004	ダイズの発芽時冠水耐 性に関わる遺伝子の単 離と機能解明、育種的 利用	北海道大学	大学院農学 研究院	植物遺伝資源 学研究室	山田 哲也 (H25～H29)
		北海道大学	大学院農学 研究院	基盤研究部 門、生物資源 科学分野	○ 阿部 純 (H25～H29)
		京都大学	大学院農学 研究科	育種学分野	寺石 政義 (H25～H29)
SFC 1005	ダイズの耐湿性に関与 する嫌気耐性遺伝子の 単離と機能解析	北海道大学	大学院農学 研究院	園芸学研究室	実山 豊 (H25～H29)
		九州大学	大学院農学 研究院	農業生産生態 学研究室	○ 望月 俊宏 (H25～H29)
		九州大学	大学院農学 研究院	農業生物科学 講座 農業生 産生態学分野	安彦 友美 (H29)
		作物研究所	畑作物研究 領域		高橋 良二 (H25～H26)

SFC 1006	ダイズ裂開粒の発生機構解明および裂開抵抗性選抜マーカーの開発	名古屋大学	大学院生命農学研究科	植物遺伝育種学研究室	中園 幹生 (H25~H27)
		名古屋大学	大学院生命農学研究科	植物遺伝育種学研究室	高橋 宏和 (H27)
		弘前大学	農学生命科学部		○ 千田 峰生 (H25~H27)
		北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	研究部	豆類グループ	○ 山口 直矢 (H28~H29)
		弘前大学	農学生命科学部		川崎 通夫 (H25~H27)
		弘前大学	農学生命科学部		前多 隼人 (H25~H27)
		北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	研究部	豆類グループ	鈴木 千賀 (H29)
		北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	研究部	豆類グループ	品田 博史 (H28)
		北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	研究部	豆類グループ	山口 直矢 (H25~H27)
		北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	研究部	豆類グループ	三好 智明 (H25~H27)
		北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	研究部	豆類グループ	小林 聡 (H28~H29)
		北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	研究部	豆類グループ	鴻坂 扶美子 (H29)
		北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	研究部	豆類グループ	藤田 正平 (H28)
北海道立総合研究機構北見農業試験場	研究部	地域技術グループ	萩原 誠司 (H27~H29)		
北海道立総合研究機構北見農業試験場	研究部	地域技術グループ	柳田 大介 (H26)		

SFC 1007	ダイズ茎疫病抵抗性に関わるほ場抵抗性遺伝子の単離	北海道立総合研究機構北見農業試験場	地域技術グループ		青山 聡 (H25)
		農研機構 生物機能利用研究部門	植物・微生物機能利用研究領域	植物機能制御ユニット	○ 菅野 正治 (H25～H26、H28～H29)
		農業生物資源研究所	遺伝子組換え研究センター	耐病性作物研究開発ユニット	○ 姜 昌杰 (H27)
		農業生物資源研究所	遺伝子組換え研究センター	耐病性作物研究開発ユニット	菅野 正治 (H27)
SFC 1008	ダイズのウイルス病に対する抵抗性遺伝子の単離と機能解明、育種の利用	農研機構 生物機能利用研究部門	植物・微生物機能利用研究領域	植物機能制御ユニット	姜 昌杰 (H25～H26、H28～H29)
		近畿中国四国農業研究センター	作物機能開発研究領域		○ 猿田 正恭 (H25～H26)
		農業生物資源研究所	植物科学研究領域	植物-微生物間相互作用研究ユニット	石川 雅之 (H25～H26)
		農業生物資源研究所	植物科学研究領域	植物-微生物間相互作用研究ユニット	石橋 和大 (H25～H26)
SFC 1009	ハスモンヨトウ抵抗性遺伝子の単離と機能解析およびツルマメ由来の新規抵抗性遺伝子の探索	農業生物資源研究所	農業生物先端ゲノム研究センター	ダイズゲノム育種研究ユニット	加賀 秋人 (H25～H26)
		農研機構 九州沖縄農業研究センター	作物開発利用研究領域	大豆・資源作物育種グループ	○ 大木 信彦 (H25～H29)
		農業生物資源研究所	昆虫科学研究領域	加害・耐虫機構研究ユニット	門野 敬子 (H25～H27)
		農業生物資源研究所	昆虫科学研究領域	加害・耐虫機構研究ユニット	木原 眞実 (H25～H27)
		農業生物資源研究所	農業生物先端ゲノム研究センター	昆虫ゲノム研究ユニット	上樂 明也 (H25～H27)
		農業生物資源研究所	農業生物先端ゲノム研究センター	昆虫ゲノム研究ユニット	山本 公子 (H25～H27)

		農研機構九州沖縄農業研究センター	作物開発利用研究領域	大豆・資源作物育種グループ	高橋 将一 (H28～H29)
SFC 2001	根圏微生物機能を制御する根分泌物の同定	京都大学	生存圏研究所	森林圏遺伝子統御分野	○ 杉山 暁史 (H25～H26)
		京都大学	生存圏研究所	森林圏遺伝子統御分野	矢崎 一史 (H25～H26)
		京都府農林水産技術センター	生物資源研究センター		吉川 正巳 (H25～H26)
		京都府農林水産技術センター	生物資源研究センター 応用研究部		小野 愛 (H25～H26)
SFC 2002	固定窒素寄与率における量的遺伝子座の同定	農業生物資源研究所	植物科学研究領域	植物共生機構研究ユニット	○ 梅原 洋佐 (H25～H26)
		農業生物資源研究所	植物科学研究領域	植物共生機構研究ユニット	林 誠 (H25～H26)
SFC 2003	ダイズの共生微生物相と共生系制御システムの解明による持続的生産技術の開発	東北大学	大学院生命科学研究所	地圏共生遺伝生態分野	○ 南澤 究 (H25～H26)
		北海道農業研究センター	大規模畑作研究領域		池田 成志 (H25～H26)
SFC 2004	根圏微生物がダイズ根粒数を制御する機構の解明とその根粒への侵入が窒素固定効率に与える影響の評価	東京農工大学	大学院農学研究院	生物生産科学部門	○ 横山 正 (H25～H26)
		東京農工大学	大学院農学研究院	国際環境農学部門	岡崎 伸 (H25～H26)
		東京農工大学	大学院農学研究院	生物生産科学部門	大津 直子 (H25～H26)
SFC 2005	窒素固定増強遺伝子の同定と作物生産への応用の試み	佐賀大学	農学部	生物環境科学科作物生態生理学研究室	○ 鈴木 章弘 (H25～H26)
SFC 2006	菌根菌応答率に基づくリン酸吸収効率化育種	農業生物資源研究所	植物科学研究領域	植物共生機構研究ユニット	○ 今泉(安楽) 温子 (H25～H26)
SFC 3001	高付加価値ソバの品種開発を加速する自殖性選抜マーカーの開発	農研機構 次世代作物開発研究センター	畑作物研究領域	カンショ・資源作物育種ユニット	○ 松井 勝弘 (H25～H29)
		京都大学	農学研究科	栽培植物起原学研究室	安井 康夫 (H25～H29)

SFC 3002	バレイショ重要病害虫の抵抗性遺伝子を選抜するDNAマーカーの開発及びそれらを利用した育種素材の開発	石川県立大学	附属生物資源工学研究所	植物遺伝子工学研究室	森 正之 (H25~H27)
		農研機構 北海道農業研究センター	畑作物開発利用研究領域	バレイショ育種グループ	○ 浅野 賢治 (H25~H28)
		北海道立総合研究機構 中央農業試験場	作物開発部	生物工学グループ	鈴木 千賀 (H25~H27)
		北海道立総合研究機構 中央農業試験場	作物開発部	生物工学グループ	鈴木 孝子 (H25~H27)
		長崎県農林技術開発センター	農産園芸研究部門	馬鈴薯研究室	森 一幸 (H25~H27)
		長崎県農林技術開発センター	農産園芸研究部門	馬鈴薯研究室	小川 哲治 (H25)
		長崎県農林技術開発センター	農産園芸研究部門	馬鈴薯研究室	渡邊 亘 (H25~H26)
		長崎県農林技術開発センター	農産園芸研究部門	馬鈴薯研究室	松尾 祐輝 (H26~H28)
		長崎県農林技術開発センター	農産園芸研究部門	馬鈴薯研究室	永尾 亜珠沙 (H27)
		長崎県農林技術開発センター	農産園芸研究部門	馬鈴薯研究室	龍 美沙紀 (H28)
SFC 3003	次世代シーケンスを用いた活動型レトロトランスポゾンの挿入多型解析によるサツマイモ高密度連鎖地図の作成と立枯病およびネコブセンチュウ抵抗性マーカーの開発	農研機構 北海道農業研究センター	生産環境研究領域		大木 健広 (H25~H28)
		農研機構 九州沖縄農業研究センター	生産環境研究領域	熱帯性病害虫管理グループ	○ 岡田 吉弘 (H25~H29)
		岡山大学	大学院環境生命科学研究科	ゲノム遺伝解析学	田原 誠 (H25~H29)

	岡山大学	大学院環境 生命科学研 究科	ゲノム遺伝解 析学研究室	門田 有希 (H25～H29)
	沖縄県農業研 究センター	作物班		謝花 治 (H25～H29)
	沖縄県農業研 究センター	作物班		翁長 彰子 (H26)
	沖縄県農業研 究センター	作物班		宮丸 直子 (H27～H29)
	農研機構 九 州沖縄農業研 究センター	畑作研究領 域	サツマイモ育 種グループ	小林 晃 (H25～H29)
	農研機構 九 州沖縄農業研 究センター	畑作研究領 域	畑作物生理・ 遺伝グループ	田淵 宏朗 (H25～H29)

(注1) 研究開発責任者には◎、小課題責任者には○、実行課題責任者には△を付すこと。

中課題番号	13405483	研究期間	平成25～29年度
大課題名	ゲノム情報を活用した農産物の次世代生産基盤技術の開発		
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
代表機関・研究開発責任者名	農研機構 次世代作物開発研究センター・基盤研究領域・石本政男		

I-1. 研究目的

大豆及び夏畑作物の新品種をDNAマーカー選抜育種技術を用いて効率的かつ計画的に開発するために、大豆では収量性、モザイク病抵抗性、茎疫病抵抗性、ハスモンヨトウ抵抗性、耐冷性、耐湿性、根粒形成及び窒素固定などに関わる遺伝子を、ばれいしょではシストセンチュウ抵抗性及びウイルス抵抗性、かんしょでは立枯病抵抗性及びネコブセンチュウ抵抗性、そばでは自殖性に関わる遺伝子又は遺伝子領域を同定し、新品種の開発に利用可能なDNAマーカーを開発する。

このため、本研究では、

1. ダイズの収量構成要素制御遺伝子の単離と機能解明、育種的利用ならびにダイズ等のゲノム研究基盤の整備と利用
2. 日米品種を対象にしたソース能支配形質の解析と育種的利用
3. ダイズの開花・登熟関連遺伝子の単離と機能解明、育種的利用
4. ダイズの発芽時冠水耐性に関わる遺伝子の単離と機能解明、育種的利用
5. ダイズの耐湿性に関与する嫌気耐性遺伝子の単離と機能解析
6. ダイズ裂開粒の発生機構解明および裂開抵抗性選抜マーカーの開発
7. ダイズ茎疫病抵抗性に関わるほ場抵抗性遺伝子の単離
8. ダイズのウイルス病に対する抵抗性遺伝子の単離と機能解明、育種的利用 (H26年度終了)
9. ハスモンヨトウ抵抗性遺伝子の単離と機能解析およびツルマメ由来の新規抵抗性遺伝子の探索
 10. 根圏微生物機能を制御する根分泌物の同定 (H26年度終了)
 11. 固定窒素寄与率における量的遺伝子座の同定 (H26年度終了)
 12. ダイズの共生微生物相と共生系制御システムの解明による持続的生産技術の開発 (H26年度終了)
 13. 根圏微生物がダイズ根粒数を制御する機構の解明とその根粒への侵入が窒素固定効率に与える影響の評価 (H26年度終了)
 14. 窒素固定増強遺伝子の同定と作物生産への応用の試み (H26年度終了)
 15. 菌根菌応答率に基づくリン酸吸収効率化育種 (H26年度終了)
 16. 高付加価値ソバの品種開発を加速する自殖性選抜マーカーの開発
 17. バレイショ重要病害虫の抵抗性遺伝子を選抜するDNAマーカーの開発およびそ

れらを利用した育種素材の開発 (H28年度終了)

18. 次世代シーケンスを用いた活動型レトロトランスポゾンの挿入多型解析によるサツマイモ高密度連鎖地図の作成と立枯病およびネコブセンチュウ抵抗性マーカーの開発

により、

1. 大豆生産の安定多収に寄与する、収量性、モザイク病抵抗性、茎疫病抵抗性、ハスモンヨトウ抵抗性、耐冷性、耐湿性等に関わる遺伝子を8個以上同定し、DNAマーカー選抜育種のメニューに加える。

~~2. ダイズの収量を最大化するために、窒素固定能や菌根菌応答率などに関わる遺伝子をダイズから同定するとともに、共生微生物も含めた根圏微生物機能の診断ならびに制御技術を開発する。~~

3. ばれいしょではシストセンチュウ抵抗性およびウイルス抵抗性、かんしょでは立枯病抵抗性およびネコブセンチュウ抵抗性、そばでは自殖性に関わる遺伝子または遺伝子領域を同定し、効率的な新品種の開発に利用できるDNAマーカーを開発する。

その結果、

1. 安全安心と生産安定性を実現した大豆、ばれいしょ、かんしょ、そば品種の開発
2. 農地の高度利用の促進
3. 国産農産物の安定供給

が期待される。

I-2. 研究結果

大豆の生産性に関しては、収量構成要素を制御する複数のQTLを検出し、選抜マーカーを開発するとともに、うち1つの莢の中の胚珠数を制御する候補遺伝子を明らかにした。また、ソース能関連形質として個葉光合成速度と分枝可塑性に関してQTL解析を実施し、複数のQTLを検出した。開花・登熟期に関しては、4つのQTLを検出し、そのうち2つを単離、同定した。水田転換畑での栽培に欠かせない耐湿性と茎疫病抵抗性に関しては、それぞれ複数のQTLを見出し、このうち発芽時冠水耐性に関わる2つのQTLの候補遺伝子を明らかにした。裂開抵抗性に関しては2つ、ハスモンヨトウ抵抗性に関しては3つのQTLを検出し、それぞれそのうち1つの候補遺伝子を明らかにした。また、ダイズモザイクウイルス抵抗性遺伝子*Rsv4*を単離し、その機能を明らかにした。ばれいしょではジャガイモシストセンチュウ抵抗性遺伝子*HI*及びジャガイモYウイルス抵抗性遺伝子*Rychc*の実用的な選抜マーカーを開発した。各QTLあるいは質的遺伝子座については、優良品種等への導入により効果を確認するとともに、育種素材の開発を進めている。そばではゲノム情報や変異体など研究基盤を整備し、自殖性を識別するDNAマーカーを開発した。かんしょでは次世代シーケンサーを用いて高密度連鎖地図を作成し、立枯病およびネコブセンチュウ抵抗性に関するQTLを検出した。一方、共生微生物を含めた根圏微生物機能の診断ならびに制御技術については、メタゲノム解析を導入し、微生物相が大豆の栽培によって変動すること、連作によって劣化することなど、新たな知見を得た。また、根粒菌や菌根菌の共生能の評価手法を確立する目途がたった。

以上のように、中課題全体で30座を超えるQTLあるいは質的遺伝子座を見出し、このうち8座については候補原因遺伝子を明らかにした。また、これらの成果は論文として積極的に公表するとともに、これらの遺伝子座を識別するDNAマーカーを開発し、すでに品種育成での利用も進んでいる。また、そばやかんしょについてもゲノム情報やDNAマーカー情報を充実させ、DNAマーカーの開発やQTL解析が可能になるなど、ゲノム育種の適用作物の拡大を成し遂げた。本中課題の達成度は高いと考える。

I-3. 今後の課題

本中課題によって、農業上重要な形質の制御に関わる多数のQTLを見出した。しかし、多くのQTLについてはその存在を確認したのみで、その実体となる遺伝子の同定には至っていない。また、予算の削減に伴い、単離した遺伝子についても機能解析することなく、高精度DNAマーカーの開発に研究資源を集中した。これらの有用遺伝子を品種育成に広く利用するためには、遺伝子機能の解明を進める必要がある。一方、そばやかんしょ、ばれいしょではゲノム情報や有用遺伝子を検出するためのDNAマーカーの数や質も十分とは言えない。継続的な取り組みが必要である。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 1001	研究期間	平成 25～29年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	ダイズの収量構成要素制御遺伝子の単離と機能解明、育種的利用ならびにダイズ等のゲノム研究基盤の整備と利用		
小課題責任者名・研究機関	農研機構 次世代作物開発研究センター・基盤研究領域・石本政男		

1) 研究目的

わが国の大豆単収は世界平均よりも低く、20年間以上停滞している。この状況を打破するために、収量関連形質の原因遺伝子を同定し、ゲノム情報を活用した育種改良を可能にする。ダイズの収量は、収量構成要素である、単位面積当たり節数、節当たり莢数、一莢内粒数、粒重の積によって決定する。これら収量構成要素を制御してシンク能を最大あるいは最適化すれば、ソース能の範囲内で増収するはずである。各収量構成要素は遺伝的に制御されることが知られているが、それらの原因遺伝子の実体はほとんど明らかになっていない。そこで、収量構成要素に関して安定して効果を示すQTLを同定し、それらの原因遺伝子を単離する。各収量構成要素を制御する遺伝子は複数存在する可能性が高いことから、異なる組合せの分離集団を解析し、関与遺伝子の異同を明らかにする。原因遺伝子が異なる場合は可能な限り単離する。そして、これらの形質を選抜するための高精度マーカーを開発し、品種育成における有効性を確認する。

また、公募課題「大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発（略称SFC）」を効率的かつ機動的に推進するために、ゲノム配列解読、データベースの整備、DNAマーカー開発、解析集団のジェノタイピング、遺伝子機能解析の素材提供などの研究支援ならびに基盤整備を集中的に実施する。

2) 研究成果

1. ダイズの収量構成要素制御遺伝子の単離と機能解明、育種的利用

主茎節数（単位面積当たり節数に関連）、花梗長（節当たり花数に関連）、一莢内胚珠数（一莢内粒数に関連）および粒重を対象とし、表現型が大きく異なるダイズ品種間の組換え自殖系統を用いて量的遺伝子座（QTL）の解析を行ない、各収量構成要素の制御に関わる染色体領域を特定した（表1）。各QTL領域のヘテロ残余系統または戻し交配系統に由来する組換え型後代系統を用い、遺伝子型と形質値の対応から、原因遺伝子の座乗領域の絞り込みおよび遺伝子型の選抜マーカーの精緻化を行なった（表1）。候補遺伝子が絞られた一莢内胚珠数のQTLである *qNOP3-1* については、原因遺伝子の証明および機能解析のため、他課題で整備された「エンレイEMS変異体ライブラリ」から候補遺伝子の変異体のスクリーニングを実施し、得られた変異体から解析材料を養成した。

収量構成要素制御QTLの遺伝子型改変効果を検証するため、単独および複数の収量構成要素

制御QTLの遺伝子型が分離する戻し交配系統を養成した。花梗長の制御に関わる *qTRL1* および *qTRL2*、既に原因遺伝子が同定・報告されている主茎節数の制御に関わる *Dt1* (Liu *et al.* 2010) および *Dt2* (Ping *et al.* 2014) の遺伝子型を改変した戻し交配系統群の栽培試験より、両形質の遺伝子型判別のための選抜マーカーの有効性が確認された。また、*Dt1* 及び *Dt2* の遺伝子型改変においては、栽培特性として、無限伸育型 (*Dt1dt2*) および半無限伸育型 (*Dt1Dt2*) 系統では有限伸育型 (*dt1dt2* 及び *dt1Dt2*) 系統に比べ、主茎節数に加え主茎長および倒伏程度が高くなる効果がみとめられた。粒重および一莢内胚珠数の制御QTLの遺伝子型改変効果を検証するために、「エンレイ」および「里のほほえみ」を背景とし、解析中のQTLのうち6座 (*qSw12-1*, *qSw13-1*, *qSw17-1*, *qNOP3-1*, *qNOP4-1*, *qNOP8-1*) に、粒重および一莢内胚珠数の制御に関わる *Ln* (Jeong *et al.* 2012, Sayama *et al.* 2017) を加えた7座が分離するBC1F3世代を養成した。

表 1. SFC1001で原因遺伝子の単離および高精度マーカー開発のターゲットとなっている収量構成要素QTLと絞り込みの状況

形質	QTL	座乗染色体	解析集団**	絞り込み状況
花梗長	<i>qTRL1</i>	18 (G)	T1-RILs	約193kb
	<i>qTRL2</i>	11 (B1)	T1-RILs	Gm11.9542kより下流
粒重	<i>qSw12-1</i>	12 (H)	NsT-RILs	約900kb/約3.7Mb***
	<i>qSw13-1</i> *	13 (F)	NsT-RILs	約7.0Mb
	<i>qSw15-1</i>	15 (E)	IJ-RILs	約1.4Mb
	<i>qSw17-1</i>	17 (D2)	OA-RILs	約12.4kb
一莢内胚珠数	<i>qNOP3-1</i>	3 (N)	IJ-RILs	原因遺伝子の単離完了
	<i>qNOP4-1</i>	4 (C1)	IJ-RILs	解析材料の養成中
	<i>qNOP8-1</i>	8 (A2)	IJ-RILs	解析材料の養成中
	<i>qNOP13-1</i> *	13 (F)	NsT-RILs	約145kb

* 同一の遺伝子座の可能性ある。

** T1-RILs: トヨ/ルカ×1532-1, NsT-RILs: 納豆小粒×タチナガハ, IJ-RILs: INDIA(IC24527) ×Jack, OA-RILs: おおすず×Athrow.

*** 粒重に影響する染色体領域が複数検出された。

2. ダイズ等のゲノム研究基盤の整備と利用

SFCの各課題の遺伝子単離や育種素材の開発のため、連鎖地図の作成や特定染色体領域の遺伝子型解析の支援を行なった。各課題で重要形質の解析に使用しているダイズ27品種およびソバ2品種のゲノム配列を次世代シーケンサーで解読し、リファレンス配列に対する一塩基多型 (SNP) や挿入欠失変異 (In/De1) の解析を行なった。ダイズに関しては塩基配列の多型情報をデータベース (GBrowseおよびTASUKE、図 1) に格納し、プロジェクト内で公開した。また、実施課題の要請により、同課題の解析サンプルについてRNA-seqを行ない、発現遺伝子情報の解析支援を行なった。



図1. TASUKEを用いたダイズ品種のゲノム配列多型情報および機能アノテーション情報の公開

3) 成果活用における留意点

収量構成要素の制御に関わる遺伝子の同定および機能解明は解析途中にあり、成果を論文として公開するまで原因遺伝子に基づく選抜マーカー情報は現段階では公表できない。同様に、本課題で解析したダイズおよびソバ品種のゲノム配列およびダイズサンプルの発現遺伝子情報についても、論文化を待って一般に公開する予定である。

4) 今後の課題

解析対象の収量構成要素QTLのうち、いくつかのQTLについては原因遺伝子の同定に近づいているが、確定までには至らなかった。収量構成要素の正確で任意な制御や遺伝資源の利用を進めるには、引き続き原因遺伝子の同定および機能解明を行う必要がある。また、これらの収量構成要素関連遺伝子の改変がシンク能や基本農業特性に及ぼす効果は検証されていないため、検証精度の高い解析材料を引き続き養成し、栽培試験を行なう必要がある。

整備したダイズゲノムデータベースの維持管理や更新に関して、プロジェクト終了後の予算措置が定まっておらず、今後の大きな課題である。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 1002	研究期間	平成 25～29年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	日米品種を対象にしたソース能支配形質の解析と育種的利用		
小課題責任者名・研究機関	京都大学・大学院農学研究科・作物学研究室・白岩立彦		

1) 研究目的

日本のダイズ品種は米国品種に比べて収量性が劣る傾向があるが、一因は乾物生産能(ソース能)の差異であることをこれまでみてきた。ソース能の向上を通してダイズの多収化をはかるためには、光合成などの面から有利性をもつ無限伸育型遺伝子 (*Dt1*) の利用とともに有限伸育型における光合成能などの向上が必要であるが、前者では生育過剰・倒伏の問題があるために利用が進まず、後者では光合成能の変異の存在がわかっているもののその要因は未解明である。そこで、*Dt1*のソース能に対する効果を、生育量に直接かかわる開花期遺伝子型との組合せを考慮して明らかにするとともに、伸育型や早晩性から独立したソース能関連形質とそのQTLを明らかにする。

2) 研究成果

ソース能の向上を通してダイズの多収化をはかるために、(1) 光合成などの面から有利性をもつが国内では利用がまれな無限伸育型遺伝子 (*Dt1*) の利用効果と利用条件の解明、(2) 伸育型や熟期に左右されない光合成能の向上要因の解明、および、(3) ソース能関連形質の効率的な評価手法の開発を行った。

(1) 無限伸育型遺伝子の解明

Clark、タチナガハおよびエンレイの遺伝的背景をもち*Dt1*、*E1*の遺伝子型が異なるダイズ8系統の群落レベルにおける乾物生産過程、子実収量を調査した。2ヵ年実施した圃場実験結果にもとづき、すなわちエンレイ、タチナガハ背景で収穫指数の低下などにより減収するが、Clark背景では収穫指数が維持されながら乾物生産が増大することにより増収することを明らかにした。このことから、無限伸育型の付与効果は、他の遺伝子との組合せにより異なることがわかった。

分枝可塑性(個体占有面積に対する分枝形質の回帰係数)を、Harosoy、Williams背景の茎伸育型NILsおよびStressland×タチナガハ交雑由来RILs (ST-RILs) から選抜した有限および無限伸育型系統を対象に評価し、同形質は生育期間が長いほど大きく、同じ生育期間であれば有限伸育型よりも無限伸育型の方が大きいことを明らかにした(図1)。

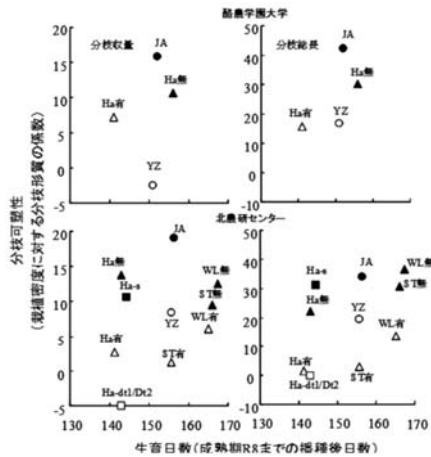


図1. 生育日数と分枝可塑性(個体占有面積に対する形質の回帰係数)

無限伸育型
 ▲Ha無, Harosoy
 ▲WL無, Williams
 ▲ST無, ST-RILsから選抜した無限型
 ●JA, Jack
 有限伸育型
 △Ha有, Harosoyの有限型NIL
 △WL有, Williamsの有限型NIL
 △ST有, ST-RILsから選抜した有限型
 ○YZ, ユズル
 半無限伸育型
 Ha-dt1/Dt2, Harosoyの半無限型NIL
 ■Ha-s, Harosoyの前選長NIL

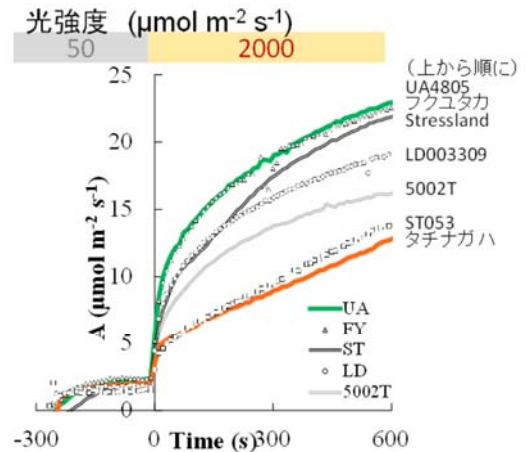


図2. 植物体を、弱光に慣らした後、急激に強い光に当てたときの光合成速度の経時変化
 最終的な光飽和光合成速度Pmaxの品種間順位は、図中の上から順と同じだった。

(2) 有限伸育型の光合成能の解析

ST-RILsから、タチナガハと比較して開花期をほぼ同じにする有限伸育型系統(多くは *E1e2e3*型)を選抜し圃場栽培し、個葉気孔コンダクタンス、群落の受光量当たり乾物生産量を評価し、それらの変異と過去に調査済みの気孔密度と孔辺細胞長から推定した理論最大コンダクタンスの変異との間に関連性を認めた。有限伸育型品種であるフクユタカ、ST-RILsから選抜した高气孔密度系統(ST053)などの数系統のガス交換活性がタチナガハよりも高く推移することが群落レベルで確認できた。UA4805とフクユタカは、タチナガハに比べて弱光から強光に条件が急変したときの光合速度の増大(光合成誘導)が速やかであり、これらの品種は定常条件だけでなく変動する群落内光環境においても、高い光合成活性を示しやすいことがわかった(図2)。

Peking(高光合成品種)×エンレイ(日本品種)交配由来のCSSLs105系統を対象に圃場条件での個葉光合成能とその関連形質を評価し、関連する染色体領域を推定した。第7番(7G)、13番(13G)、20番(20G)染色体上に座する比較的大きい効果を持つQTLを見出した。これらのQTLについての残余ヘテロ系統の分離後代を用いて再度光合特性を調査したところ、13GのQTLでは開花期(CSSL)または子実肥大始(RHL)において光合成速度をおよそ5%高める効果、20GのQTLでは開花期と子実肥大始の両方にわたって光合成能を大きく低下させる効果(10~15%)が、それぞれ確認できた。ただし、表現型の差異が顕著とはいえない(13G)、QTL周辺マーカーによる遺伝解析の結果が安定しない(20G)などの問題があり、遺伝領域の絞込みには至らなかった。

(3) ソース能関連形質の評価手法

表面温度の経時変化の品種間差異は、条件によって個葉ガス交換能のそれを反映することがわかった。これを長期間のガス交換活性を反映する子実などの¹³Cの測定などと合わせ用いることにより、個葉ガス交換能が著しく異なるダイズ品種の判別を効率的に行える可能性があると思われた。多数の遺伝子型の光合成能を評価するために、多大な時間と配慮を要する葉の¹³C分析試料の調整方法を検討し、小型リーフパンチを用いて採取した葉片をそのまま分析に供する手法を構築し、有効性を確認した。

個体占有面積に対する分枝関連諸形質の回帰直線の傾きを用いて、簡易評価による分枝可塑性を推定したところ、分枝総長を用いた推定値が個体密度試験によって評価した品種間差異を最もよく反映することがわかった。また、分枝可塑性の大きさを個体レベルで簡易評価するために、第2複葉以上を摘除する摘心処理を行ったところ、分枝総長による可塑性値が圃場での群落レベルでの調査結果と高い相関関係を示すことがわかった。

3) 成果活用における留意点

新規にみいだされた光合成能関連QTLについては、遺伝領域の絞込みはできていない。

4) 今後の課題

光合成能については、最大活性 P_{max} だけでなく非定常状態の光合成速度にも着目した評価が必要と思われる。高い光合成能とすぐれた収量器官形成能と合わせた系統の作出を目指す必要がある。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 1003	研究期間	平成 25～29年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	ダイズの開花・登熟関連遺伝子の単離と機能解明、育種の利用		
小課題責任者名・研究機関	佐賀大学・農学部・植物遺伝育種学・渡邊啓史		

1) 研究目的

ダイズの開花期を制御する遺伝子は、これまでに6遺伝子の関与が明らかとなっており、これらの開花関連遺伝子はダイズの環境適応性や収量に大きな影響を及ぼす。日本におけるダイズの栽培地域は北海道から九州の日本全土に広がり、各栽培地域におけるダイズの栽培条件は、日長、温度、栽培時期の点で大きく異なり、それぞれの栽培地域で既存の開花関連遺伝子がダイズの開花登熟に及ぼす影響は大きく変化する。また、ダイズの主要生産地である北海道と九州を中心に栽培されているダイズ品種が持つ開花期の多様性は既存の遺伝子で説明できない部分も多く、開花から登熟までの期間を制御する因子についての知見は乏しい。そこで、ダイズの栽培期間中、比較的長期間に渡って長日条件が続く北海道と、反対に、短日条件下で長期間栽培が行われている九州のそれぞれで栽培されているダイズを品種を解析対象として、新規の開花・登熟に関与する遺伝子をポジショナルクローニング法によって単離し、選抜育種に利用可能なDNAマーカー化を行うとともに、異なる環境条件下における遺伝子の機能および農業形質に及ぼす影響を明らかにすることで、マーカー選抜育種に利用可能な遺伝子の拡大に寄与することを本課題の目的とする。

2) 研究成果

1) 新規の開花関連遺伝子の同定

本課題では様々な交配組み合わせによって得られた分離集団と各個体の遺伝子型情報および開花登熟に関する表現型を用いた遺伝子マッピングと後代検定を実施することで、*E8*、*E9*、*qDsf1*、*fl-n1*等の新規の開花関連遺伝子座を同定した。また次世代シーケンサーを利用したバルク分析による量的形質遺伝子座の同定手法および効率的なマーカー作出技術を開発した。

2) 開花関連遺伝子の精密マッピング

これらの開花関連開花関連遺伝子座の中で*E8*、*E9*、*qDsf1*、*fl-n1*遺伝子座を対象に数百から数千個体からなる大規模集団を用いた精密マッピングの結果、それぞれのQTLと共分離するDNAマーカーを見出した。

3) 候補遺伝子の単離

*E9*遺伝子、*qDsf1*遺伝子について、それぞれの責任遺伝子を同定した。どちらの遺伝子座においても花芽分化に関連するダイズフロリゲン遺伝子の周辺に表現型と強い関連を示す塩基配列の変異が存在し、劣性型の対立遺伝子では、フロリゲン遺伝子の発現量が減少す

ること晩生型の表現型が現れることが明らかとなった。

4) 遺伝資源における候補遺伝子の遺伝的多様性の評価

様々な交配組合せによる遺伝分析の結果から、本課題で見いだされた*E8*遺伝子は、低緯度地域における開花後の莢成長を制御することで晩生化を引き起こしていると考えられ、低緯度地域適応品種の晩生化に利用できる。*E9*および*qDsf1*遺伝子における多様性は高緯度地域に適応した早生型ダイズ品種の中で晩生化を引き起こす変異として出現した対立遺伝子であると考えられた。遺伝的背景の異なる*E9*遺伝子の準同質遺伝子系統を用いて農業形質に及ぼす*E9*遺伝子の効果について評価を行ったところ、高緯度地域で認められる遺伝子座の効果と比較して、低緯度地域では明確な遺伝子座の効果は認められなかった。

5) 戻し交配等を用いた育種素材の開発

*E8*遺伝子座を対象にエンレイの遺伝的背景に戻し交配を行った結果、当該遺伝子座のみが導入された系統を育成した。また農林2号早生変異系統が持つ*fl-nl*遺伝子の座乗領域が明らかになったことから、新規早生系統としての育種利用及び早生遺伝子導入を目指した育種母本としての活用が見込まれる。*E9*遺伝子に関して様々な開花関連遺伝子の組み合わせを持つ準同質系統を育成した。上記の系統はそれぞれの当該遺伝子について農業形質への影響を評価する研究材料として用いることができる。

3) 成果活用における留意点

本課題で得られた成果により、*E8*、*E9*、*qDsf1*、*fl-nl*遺伝子座について共分離するDNAマーカーを利用したマーカー選抜育種が可能である。しかしながら個々の遺伝子を利用するにあたり以下の点を留意する必要がある。*E8*遺伝子を用いた高緯度地域に適応した品種の晩生化や、*E9*遺伝子および*qDsf1*遺伝子による低緯度地域に適応した品種の晩生化に利用する場合には準同質遺伝子系統等による系統育成地での評価を事前に行うことが望ましい。

4) 今後の課題

本課題ではこれまでに同定された開花登熟に関連する遺伝子座について、新たな遺伝子座を同定した。これらの対立遺伝子は特定の地域におけるダイズの開花及び登熟期の多様性を支える重要な遺伝子である。これまでに見いだされた開花登熟に関連する遺伝子座と合わせて、ダイズ品種の持つ地域適応性を支える遺伝子の組み合わせについて、より一層の理解が深まりつつある。しかしながらダイズの収量性に及ぼすこれらの遺伝子の効果は未知な部分が多い。またこれらの遺伝子の組み合わせは膨大な数に上り、これまでに育成された品種や在来系統が持たない開花関連遺伝子の組み合わせを持った系統の作出も可能になることから、新規の開花や登熟の特性を持った品種の育成も期待できる。今後も新たな遺伝子の探索を進めると同時に、実際の品種育成に向けてこれら開花関連遺伝子の効果および相互作用を考慮した遺伝子の利用方法を確立する必要があると思われる。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 1004	研究期間	平成 25～29年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	ダイズの発芽時冠水耐性に関わる遺伝子の単離と機能解明、育種的利用		
小課題責任者名・研究機関	北海道大学・大学院農学研究院・基盤研究部門、生物資源科学分野・阿部純		

1) 研究目的

ダイズ種子は、乾燥した条件下で急激に吸水すると発芽に障害が生じる。特に本州の転換畑を利用したダイズ栽培においては、播種適期が梅雨期にあたるため、播種後の降雨により圃場が冠水しやすく、その結果出芽不良が頻発する。したがって、発芽時の冠水耐性の改良はダイズ栽培における大規模化や省力化にとって不可欠である。本課題の目的は、1) 冠水耐性を有する品種の耐性に関与する責任遺伝子を同定し、それらの機能を明らかにすること、2) 耐性遺伝子のDNA標識を開発し、発芽時冠水耐性の強化を目指したマーカー育種選抜法を構築することである。北海道大学では、北海道品種ハヤヒカリについて、京都大学では、中国飼料用品種ペキンならびに関東中信地域の基幹品種エンレイについて、それぞれの品種が有する冠水耐性に関与する遺伝子を対象とした。また、品種間の冠水耐性の差異をもたらす要因を特定する目的で、種皮のアリューロン層の構造に関する組織化学的研究を行った。特に、冠水耐性の劣るタマホマレについては、吸水に伴う子葉の不規則な肥大伸長が胚軸の子葉からの脱離をもたらすことを明らかにし、その解析手法として、組織破断を非破壊的かつ定量的に観察するアコースティックエミッション法の導入を試みた。

2) 研究成果

北海道大学

冠水耐性が強のハヤヒカリと弱のトヨムスメの交雑F2集団においてQTL解析を行った結果、冠水耐性に関与する2つのQTL (*QTL-C2*と*QTL-L*)が見出された。これらのうち、*QTL-C2*の効果は、F3世代以降の分離家系においても確認することができた。

登熟期の種皮アリューロン層で発現する遺伝子の網羅的解析の結果、*QTL-C2*の座乗ゲノム領域に品種間で発現量が大きく異なる2つの遺伝子が見出された。また、全ゲノム配列の比較から、当該領域に存在する細胞壁の合成や細胞の生長に関与する複数の遺伝子に、挿入欠失変異や非同義置換が認められた。これらの遺伝子について塩基配列を解析し、観察されたDNA多型を検出するマーカーを作成した。北海道および海外早生ダイズ品種を用いたマーカー遺伝子型と冠水耐性との関連解析の結果、グリシンリッチタンパク質をコードする*Glyma. 06G78700*の5' 非翻訳領域に存在する挿入欠失変異と冠水耐性との間に関連関係が認められた。

*QTL-C2*とは異なるQTLを検出するために、同交雑で分離した晩生のF3個体から、*QTL-C2*に

ついてハヤヒカリ型対立遺伝子のホモ個体を選び、その中から冠水耐性弱の14個体と強の13個体を選抜してSSRマーカーの多型を解析した。その結果、K連鎖群のSSRマーカーに有意な遺伝子型頻度の差異が認められた。観察された連鎖関係は、同交雑で分離した早生のF6系統においても認められたことから、このQTLを*QTL-K*とした。

*QTL-K*の座乗ゲノム領域には、種皮アリューロン層で発現量が大きく異なる二つ遺伝子が存在した。その内の一つであるアクアポリンタンパク質をコードする*Glyma.09g158800*に、品種間に8個のDNA多型が観察された。DNA多型を検出するマーカーを作成し、冠水耐性との連鎖解析を行った結果、第三エキソンの非同義置換が冠水耐性と関連する可能性が示された。

冠水時の種子の吸水速度はハヤヒカリに比べてトヨムスメで速く、種皮に吸収された水は、主に種子頂部から胚へと移行していた。ポリエチレングリコール溶液により速度を低下させることにより、トヨムスメの冠水耐性はハヤヒカリのレベルまで増加した。一方、ハヤヒカリの冠水耐性にはアリューロン層が関与し、種皮に吸収された水の胚への移行をアリューロン層が制御し、その結果高い冠水耐性がもたらされていると考えられた。

低真空走査型電子顕微鏡を用いて種子頂部のアリューロン層の子葉側表面を観察した結果、ハヤヒカリでは、アリューロン層表面が筋状のセルロースに覆われていたのに対して、トヨムスメでは、子葉からの圧迫と思われる窪みが不規則かつ疎らに存在した。また、ハヤヒカリでは、アリューロン細胞と細胞壁の間に、トヨムスメでは観察されない肥厚した組織が存在した。これらの結果から、両品種の冠水耐性の差異には、種子頂部の種皮アリューロン細胞の表面構造と細胞壁下の肥厚した組織が関わることを示された。

京都大学

本州以南の主要栽培品種の中で発芽時冠水耐性が強い品種エンレイと弱い品種タマホマレとの組換え自殖系統に見いだされた冠水耐性に関与する主要なQTLの座乗領域を、F6家系集団の解析により狭域化したところ、染色体4のDNAマーカーSat140-Satt294間に座乗することが明らかになった。

タマホマレにおいては、冠水処理で胚軸の子葉からの脱離が高頻度で観察されており、冠水耐性が弱い要因のひとつであると考えられることから、エンレイとタマホマレの組換え自殖系統を用いて胚軸が脱離する率に関するQTL解析を行ったところ、第8染色体のDNAマーカーSatt409近傍に主要なQTLが検出された。

室内での評価法の妥当性を検討するために、組換え自殖系統を供試して、圃場での冠水耐性を調査したところ、実験室内での評価結果と高い相関が得られ、室内での評価法の妥当性を確認することができた。

冠水処理初期における種子の吸水肥大を経時的に観察したところ、タマホマレはエンレイに比べて不規則な肥大伸長を繰り返すことが明らかとなり、結果として胚軸脱離を招くことが示唆された。肥大伸長時に生じる組織破断を非破壊的かつ定量的に観察する手法としてアコースティックエミッション法（AE法）を導入した。AE波数が多い種子は、発芽率が悪い傾向にあった。

RNA-seq解析によりペキンとタマホマレの間でQTL領域内に座乗しかつ発現量が著しく異なる遺伝子を3つ選びだした。リアルタイムPCR法による発現解析を行ったが、冠水耐性との関係を明らかにすることは出来なかった。

3) 成果活用における留意点

ゲノムシーケンスおよび網羅的発現解析データから推定された候補遺伝子のDNA多型

と冠水耐性との連関分析から、ハヤヒカリの冠水耐性に関与する二つのQTLに関するDNAマーカーを作成した。これらのマーカーは、ハヤヒカリの持つ冠水耐性を各地域の優良品種に導入するうえで利用することができる。しかし、*QTL-K*マーカーに関しては、エンレイがハヤヒカリと同じ多型を有しており、エンレイへの冠水耐性導入には使用できない。

本成果における室内実験における冠水耐性の評価は、圃場における冠水耐性と高い相関が確認できているが、実際の圃場においては細菌感染による発芽阻害など吸水環境以外の要因も配慮する必要がある。

4) 今後の課題

北海道大学

本プロジェクトの結果、冠水耐性極強品種であるハヤヒカリの冠水耐性に関与する二つのQTLを見出した。ファインマッピングによるQTL領域の狭小化を試みたが、成功していない。その主な理由は、QTLの効果が必ずしも大きくなく、また遺伝背景に影響されること、また、冠水耐性が登熟期の環境に影響されやすいこと、などが考えられる。本プロジェクトでは、ゲノムシーケンスならびに網羅的発現解析のデータを基にQTLの候補遺伝子を選出し、多様な品種の冠水耐性と連関解析を基に、選抜に有用な二つのDNA多型を特定した。冠水耐性の異なる品種間で発現の異なる遺伝子は、本プロジェクトで解析した遺伝子以外にも存在していることから、今後、それらのDNA多型と冠水耐性との連関関係を解析することが、冠水耐性選抜に有効なDNAマーカーの開発に必要である。

京都大学

エンレイの冠水耐性に関するQTLを狭小化し遺伝子を特定するまでに至らなかった。RNA-seqなど領域内の遺伝子発現を解析することにより候補遺伝子の選抜を行うことを検討している。また、タマホマレが冠水耐性に弱い要因を解析するために、胚軸脱離率、吸水肥大時の経時的な形状変化およびAE波数を調査したが、冠水耐性への関連性を明確にすることができなかった。胚軸と子葉の接合部の組織破断を特異的に測定するシステムを構築し、冠水耐性との関連性を明らかにしていく。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 1005	研究期間	平成 25～29年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	ダイズの耐湿性に関与する嫌気耐性遺伝子の単離と機能解析		
小課題責任者名・研究機関	九州大学・大学院農学研究院・農業生産生態学研究室・望月俊宏		

1) 研究目的

ダイズ栽培の大部分が水田転換畑で行われ、また播種期が梅雨と重なる我が国においては、出芽期の湿害は苗立ちの不良とその後の生育抑制を伴うため、ダイズ生産の大きな阻害要因となっている。ダイズの耐湿性に関しては古くから数多くの研究が行われているが、その遺伝的改良についてはほとんど進展がみられない。本研究では、ダイズの発芽後耐湿性に関連する形質として根の生育特性に着目し、嫌気条件下において根の生育を支配する遺伝子を同定し、発現解析によってその機能を推定する。また、土壌条件下における耐湿性検定により、本遺伝子の効果を検証する。

2) 研究成果

伊豫大豆（嫌気条件下において不定根・分岐根の伸長が抑制されない）とタチナガハ（嫌気条件下において不定根・分岐根の伸長が著しく抑制される）の交配に由来する組み換え近交系（RILs:F8）91系統を供試し、図1に示す方法で量的形質遺伝子座（QTL）解析を行った。

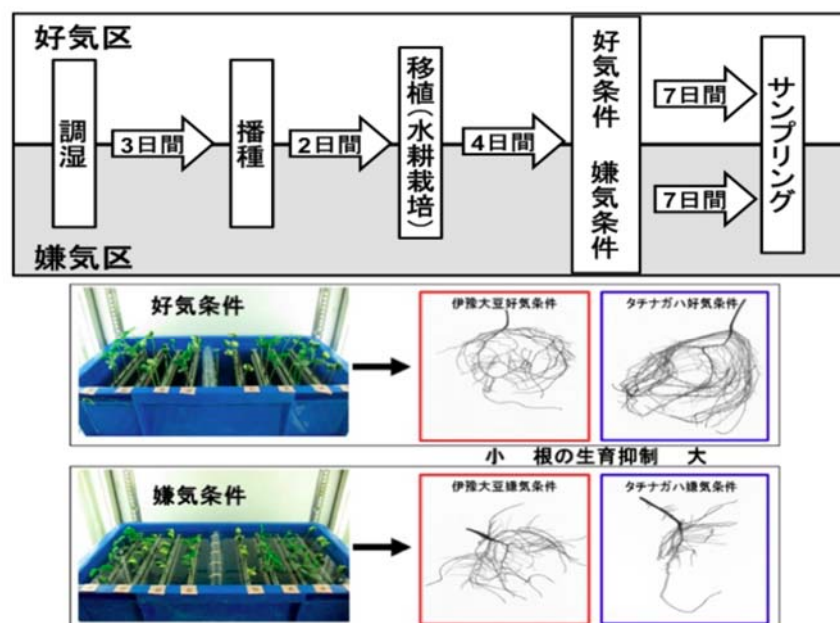


図1 実験方法

その結果、嫌気条件下における根の生長に關与するQTLs (*Qr1-12*, *Qr1d-12*, *Qrsad-12*; それぞれ嫌気条件下における不定根・分岐根の長さとおよび根表面積の増加量に關するQTLで、何れも伊豫大豆の対立遺伝子が相加効果を示す) を連鎖群H上に検出した (Nguyen *et al.* 2017)。

*Qr1d-12*をターゲットに、タチナガハを遺伝的背景としQTL領域のSSRマーカー (Satt052 およびBARCSOYSSR 12 0738) がヘテロを示す個体を選抜・増殖し、後代個体の遺伝子型と表現型を調査する事により、候補領域を950kbに絞り込んだ。さらに、候補領域をヘテロで持つNIL-9-4-1系統に由来する12系統 (BC6F6) をマッピング候補系統として選抜し、計143個体を栽培して16572粒 (BC6F7) を採種した。得られた種子からDNAを抽出し、組換え個体の選抜を行った。

RNA-seqの結果、嫌気条件下で転写産物量が増加したのは、タチナガハで5483、伊豫大豆で1428、準同質遺伝子系統 (NIL-9-4-5; 嫌気感受性親 (タチナガハ) を遺伝的背景としてQTL領域が伊豫大豆型) で3695遺伝子であった。そのうち、伊豫大豆とNIL-9-4-5に共通して転写産物量が増加したのが44、低下したのが39遺伝子であったが、候補領域において伊豫大豆とNIL-9-4-5に共通して転写産物量が増加したのは1つで、嫌気耐性遺伝子候補として有力と考えられた。

候補遺伝子の生産現場における有効性について検証するため、親系統およびNIL-9-4-5を供試し、ポットによる土耕栽培を行った。その結果、幼苗期における1週間の湛水処理において、水耕栽培実験の結果と同様、タチナガハの根系は対照区にくらべて有意に小さくなったが、伊豫大豆およびNIL-9-4-5の根系に有意差は認められなかった (Nguyen *et al.* 2017)。さらに、湛水処理後、土壌水分を適湿に保って収穫期まで栽培を継続したところ、タチナガハでは湛水区の子実収量は対照区に比べて有意に減少したが、伊豫大豆およびNIL-9-4-5の子実収量は変わらなかった。これらの結果は、候補遺伝子が実際の湿害圃場においても耐湿性遺伝子として機能することを強く示唆している。

また、農業生物資源ジーンバンクが提供しているダイズコアコレクションを供試し、本研究と同様の嫌気耐性試験 (図1) を行ったところ、本研究に供試した親系統 (タチナガハおよび伊豫大豆) は、コアコレクションの中においても、それぞれ嫌気耐性弱および強に分類されることを明らかにした (Suematsu *et al.* 2017)。さらに、他のバックグラウンドにおける候補遺伝子の有効性を検証するため、エンレイおよびフクユタカにNIL-9-4-5を交配し、戻し交雑を行った。

3) 成果活用における留意点

我が国において、転換畑圃場は梅雨期には湛水ないし過湿条件となり易いが、梅雨明け後には過乾燥となることも多い。このような環境下においてダイズ栽培を安定的に行うためには、畝間灌漑などが必要である。過湿・乾燥に対する対策として品種の遺伝的改良のみに依存する事は適切ではない。本研究の成果を活用する事により、過湿条件下において初期生育を維持する品種の作出が可能となったが、このような品種の最適栽培条件についてさらに研究を進めていく必要がある。

4) 今後の課題

成果活用における留意点の項で触れたように、品種改良と栽培条件の検討・改良は作物栽培研究に於ける両輪であり、同時並行的に進める事が望ましい。

また、本研究で同定される耐湿性遺伝子の特許化について、今後検討する必要がある。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 1006	研究期間	平成 25～29年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	ダイズ裂開粒の発生機構解明および裂開抵抗性選抜マーカーの開発		
小課題責任者名・研究機関	地方独立行政法人北海道立総合研究機構 十勝農業試験場・研究部・豆類グループ・山口直矢		

1) 研究目的

北海道東部とくに冷涼な気候のオホーツク地域では、低温による裂開粒の被害が大きく、安定生産が困難な状況である。このため、裂開抵抗性が強い品種を育成することができれば、北海道東部での安定生産・作付面積拡大、ひいては日本のダイズ増産・自給率向上に大きく貢献することができる。そこで本課題では、裂開粒の発生機構解明および遺伝解析により、裂開抵抗性選抜マーカー及び裂開抵抗性系統の開発をめざす。

2) 研究成果

(1) 裂開抵抗性選抜マーカーの開発（十勝農試）

「十育248号（裂開抵抗性：強）」×「ユキホマレ（弱）」の組換え自殖系統の低温裂開抵抗性検定を行い、裂開粒率のQTL解析を行った。その結果、「十育248号」型で裂開粒率を低くする効果のQTLsを2つ検出し、準同質遺伝子系統（NILs）で効果を検証した（*qCS8-1* および *qCS11-1*）。裂開粒発生メカニズムに関する結果と併せて、*qCS8-1*は低温着色抵抗性遺伝子 *Ic* の多面発現である可能性が高い。様々な遺伝背景を持つ十勝農試育成材料についても、「十育248号」型（*Ic*）の系統は「ユキホマレ」型（*I*）の系統よりも有意に裂開粒率が低かったが、*qCS8-1*だけでは裂開抵抗性強の系統を選抜するのに不十分であった。*qCS11-1*については、候補領域内に開花期関連遺伝子が座乗することから、領域絞り込みは中止した。

*qCS8-1*だけでは選抜効果が不十分であることから、新たに裂開抵抗性品種「とよみづき」の育成系譜上の品種系統の一塩基多型（SNP）マーカーを解析し、抵抗性に関与する領域を推定した。「とよみづき」の裂開抵抗性は「十育207号」に由来することを明らかにし、分離集団を用いて新たな裂開抵抗性遺伝子座を検出した。

(2) 圃場におけるマーカーの効果検証と裂開抵抗性育種素材の開発（北見農試・十勝農試）

十勝農試が育成したF4～F7 世代の230 系統（5 年間の合計）をオホーツク地域の冷涼地圃場に栽培し、裂開粒率、成熟期、収量性等を調査することにより、有望系統を選抜した。冷涼地圃場で裂開抵抗性マーカーの効果を検証できるような多発年次はなかったが、平成29 年度は開花期後に低温に遭遇し、一部の系統に裂開粒や低温着色粒が生じたため、有望系統の選抜に活用した。冷涼地圃場における農業特性の調査と十勝農試の耐冷性検定を組合せることにより、裂開抵抗性と開花期耐冷性を兼ね備えた「十系1164号（十育258号）」

「十系1166号」「十系1167号」「十系1201号」「十系1202号」「十系1205号」「十系1242号」「十系1243号」「十系1284号」の9系統を選抜した。特に平成25年度に冷涼地圃場で選抜した「十系1164号」は、平成27年度から「十育258号」として別プロジェクト（農食事業）で品種化に向けた検討を進め、平成29年度に品種提案予定である。

(3) 裂開粒発生機構の解明（弘前大学）

「ユキホマレ」において、裂開粒の発生は粒肥大最大期に背側に生じる大きな裂皮が原因であることを明らかにした。裂開抵抗性が弱い「ユキホマレ」で発生した裂開粒において、正常粒では通常検出されないプロアントシアニジン（PA）の蓄積が臍だけではなく、種皮の背側まで達していた。それに対して、裂開抵抗性の「十育248号」では種皮全面にわたってPA蓄積が抑制されていた。以上のことからPAの蓄積が裂開粒の発生に関与している可能性が示唆された。十勝農試で育成した*qCS8-1*および*qCS11-1*のNILsについて、それぞれ種皮におけるPA蓄積を比較したところ、*qCS8-1*のNILsでは種皮のPA蓄積に差異が見られた。したがって、*qCS8-1*は種皮のPA蓄積に作用するQTLであることが明らかになった。一方、*qCS11-1*のNILsでは種皮のPA蓄積に差異は見られなかったため、*qCS11-1*はPA蓄積には関与しないQTLと考えられた。

粒肥大最大期の種子から種皮をはがし、その種皮物性をテクスチャーアナライザーによる突刺法を用いて比較した。裂開抵抗性が弱い「ユキホマレ」では、低温で種皮の硬さが低下したが、裂開抵抗性の「十育248号」では、破断伸びおよび破断時間の値が「ユキホマレ」に比べて高い傾向が見られた。破断伸びは「柔軟性」を反映しており、破断伸びの上昇に伴って破断時間が上昇したと考えられる。以上のことから、「十育248号」の裂開抵抗性は「種皮におけるPA蓄積の抑制」に加えて、「種皮の柔軟性」が寄与する可能性が高い。

黄ダイズ品種「トヨホマレ」の種皮着色突然変異体では低温に関係なくPAが種皮で多量に蓄積する。この種皮に蓄積するPAを抽出し、高速液体クロマトグラフ質量分析計（LC-MS）による物質同定を行った。その結果、種皮着色突然変異体の種皮において、トヨホマレ種皮には含まれない6つのピークが得られた。

3) 成果活用における留意点

「十育248号」を片親にもつ組合せにおいて、*Ic*マーカーを用いることにより低温着色抵抗性と裂開抵抗性の両方を選抜することが可能であるが、遺伝背景によっては裂開抵抗性の選抜効果が小さいことがある。

4) 今後の課題

- ・「とよみづき」の裂開抵抗性遺伝子座の領域絞り込みと育種における実用性の検証
- ・「とよみづき」の裂開抵抗性のメカニズム解明
- ・裂開粒発生の要因と考えられる着色物質の同定

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 1007	研究期間	平成 25～29年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	ダイズ茎疫病抵抗性に関わるほ場抵抗性遺伝子の単離		
小課題責任者名・研究機関	農研機構 生物機能利用研究部門・植物・微生物機能利用研究領域・植物機能制御ユニット・菅野正治		

1) 研究目的

日本のダイズの約90%は水田転換畑で栽培されているため、湿害の影響を受け易く、湿害に伴う立枯性病害の発生も深刻な問題となっている。その中でもダイズ茎疫病は卵菌類 *Phytophthora sojae*により引き起こされる難防除性・土壌伝染性の立枯性病害で、全国的に増加傾向にある。茎疫病は全生育期にわたって発生し、茎疫病を発症したダイズは枯死するので、収量性向上やダイズ安定生産の大きな障害となっている。これまでに、ある特定の茎疫病菌レースに対する抵抗性（真性抵抗性）の解析や育種利用はされてきたが、真性抵抗性は、対応する茎疫病菌レース以外には抵抗性を示さず、また茎疫病菌が変異することで抵抗性が短期間のうちに打破される場合が多いという欠点を持つ。一方、幅広い菌レースに対応し、持続性が高い抵抗性（ほ場抵抗性）に関しては、育種上の重要性は認識されていたものの、その解析や関連遺伝資源の探索と育種への利用は遅れていた。近年、国内の主要栽培品種である「フクユタカ」が広範な茎疫病菌レースにはほ場抵抗性を示すことが明らかにされ、茎疫病抵抗性育種への利用が期待されている。これまでのQTL解析の結果から、「フクユタカ」のほ場抵抗性遺伝子は、第1番及び第15番染色体上に座乗すること、第15番染色体上の遺伝子座が主効果を持つことが示されている。

本課題では、茎疫病ほ場抵抗性遺伝子の単離・機能解析及び新規ほ場抵抗性遺伝資源の探索と新たな遺伝資源を利用したDNAマーカーの開発等を行うことにより、茎疫病ほ場抵抗性を付与した実用品種の作出を加速し、ダイズの安定生産や減農薬・低コスト栽培に貢献することを目的とする。

2) 研究成果

- (1) 茎疫病ほ場抵抗性遺伝子の単離と機能解析

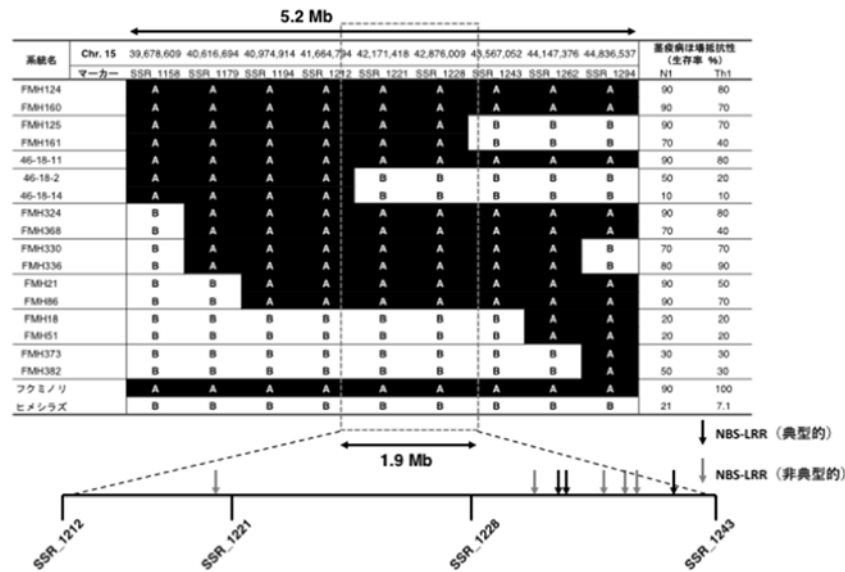


図1. 茎疫病ほ場抵抗性原因遺伝子の座乗領域の絞り込み (F11 世代)
 茎疫病ほ場抵抗性原因遺伝子の候補領域近傍及び領域内で組換えを起こした RIL 系統 (F11 世代) について、
 茎疫病ほ場抵抗性を検定した。

本研究ではまず、「フクユタカ」と茎疫病感受性の「ヒメシラズ」の組換え自殖系統(RIL)のF9集団145系統についてDNA マーカー遺伝子型の解析し、分子連鎖地図を作成した。次いでF10集団の室内抵抗性検定およびほ場での抵抗性検定の結果を用いてQTL解析を行い、室内抵抗性検定およびほ場抵抗性検定のどちらの場合も、第15番染色体上の近接した位置にLOD値が高い2つのQTLを検出した。

第15 番染色体上の候補遺伝子の座乗領域を絞り込むために、「フクミノリ」x「ヒメシラズ」のRILのF7集団の中からこの領域のDNAマーカー遺伝子型がヘテロ型である系統を選抜し、ファインマッピング集団を育成した (F8- F11世代)。茎疫病ほ場抵抗性原因遺伝子の候補領域内で組換えを起こした個体を選抜し、次世代の種子を用いて茎疫病ほ場抵抗性を行うことで、抵抗性原因遺伝子の候補領域を絞り込み、最終的にDNAマーカーSSR 1212からSSR 1243 までの約1.9Mb内に抵抗性原因遺伝子が座乗することを明らかにした (図1)。この領域内には51個の遺伝子が存在するが、このうち病害抵抗性において重要な役割を果たすNBS-LRR型の遺伝子が8個含まれる。

【注】「フクミノリ」は「フクユタカ」にハスモンヨトウ抵抗性を付与して育成した品種、「フクユタカ」と同等の茎疫病ほ場抵抗性をもつ。

(2) 新規の茎疫病ほ場抵抗性DNAマーカーの開発

表 1. ミニコアコレクション（国内 79 系統）からの
茎疫病ほ場抵抗性系統のスクリーニング

品種名	品種和名	来歴区分	原産地	生存率 (%)	
				N1	HR1
SHIZUNDAIZU	静内大豆	育成	北海道	78	75
KURODAIZU (AO HIGUU CHUU)	黒大豆(青ヒグー中)	在来	沖縄	100	80
NATTOUMAME	ナツトウマメ	在来	長野	100	100
HOUJAKU	ほうじゃく	在来	長野	100	78
HIME DAIZU	姫大豆	在来	岐阜	100	80
DAIZU	だいず	在来	和歌山	75	80
KUROTOME	黒登米	在来	宮城	100	100
NAKAHATA ZAIRAI	中畑在来	在来	静岡	100	70
AKA DAIZU	赤ダイズ	在来	徳島	88	100
AMAGI ZAIRAI 90D	甘木在来90D	在来	福岡	89	80
KUROMAME	クロマメ	在来	埼玉	100	100
COL/EHIME/1983/UTSUNOMIYA 22	COL愛媛1983宇都宮22	在来	愛媛	100	90
KURAKAKE	クラカケ	在来	新潟	100	90
MAETSUE ZAIRAI 90B	前津江在来90B	在来	大分	100	70
FUKUYUTAKA	フクユタカ	育成	熊本	89	100
KOKUBU 7	国府7号	在来	兵庫	100	80
COL/EHIME/1983/UTSUNOMIYA 28	COL愛媛1983宇都宮28	在来	愛媛	83	100
HAI MAME	這豆	在来	山梨	100	100
KOMUTA	小無田	在来	熊本	100	100
BAN KURO DAIZU	晩黒大豆	在来	熊本	100	100

表 2. ミニコアコレクション（海外 80 系統）からの
茎疫病ほ場抵抗性系統のスクリーニング

品種名	品種和名	来歴区分	原産地	生存率 (%)	
				N1	HR1
MANSHU	満州	在来	中華人民共和国	100	70
CHUJHOKU 2	忠北2	在来	韓国	100	100
RIGAI SEITOU	裏外青豆	在来	中華人民共和国	100	100
KONGNAMUL KONG	モヤシマメ	在来	韓国	100	80
MASSHOKUTOU (KOU 502)	秣食豆(公502号)	在来	中華人民共和国	89	100
OKJO	玉粗	在来	韓国	100	100
KE 32		在来	フィリピン	100	100
M 581		在来	インド	100	100
PEKING		在来	中華人民共和国	100	100
BONGHUNBAEKJAM	奉天白登	在来	中華人民共和国	100	100
GAPSANJAE LAE (I)	甲山在来 (I)	在来	韓国	100	100
N 2295		在来	ネパール	100	100
BHATMAS		在来	ネパール	100	100
L 2A		在来	フィリピン	100	100
LOCAL VAR. (SEPUTIH RAMAN)		在来	インドネシア	100	100
COL/PAK/1989/IBPGR/2326(1)		在来	パキスタン	100	100
PETEK		在来	インドネシア	100	100
M 42		在来	インド	100	100
JAVA 7		在来	インドネシア	100	100
U 1290-1		在来	ネパール	100	100
MANSHU MASSHOKUTOU	満州秣食豆	在来	中華人民共和国	100	70
COL/THAI/1986/THAI-80		在来	タイ	100	100
L 317		在来	インド	100	100
KARASUMAME (NAHOU)	烏豆(内播)	在来	台湾	100	100
BISHUJU DAIZU	徽州大豆	在来	中華人民共和国	100	100
LOCAL VAR. (TEGINENENG)		在来	インドネシア	100	100
KARASUMAME (HEITOU)	烏豆(屏東)	在来	台湾	100	100
RINGGIT		育成	インドネシア	100	100

茎疫病ほ場抵抗性品種の育成に向けて、新規DNAマーカーの開発を行うために、農研機構（旧生物研）が作製したダイズコアコレクション（国内79系統、海外80系統）について、2種類の茎疫病レースに対する抵抗性を検定した。抵抗性検定には、我々が新たに開発した、室内ほ場抵抗性検定法を用いた。2種類の茎疫病菌レースに対し、1. どちらのレースにも70%の生存率を示す、2. 少なくとも片方のレースには100%の生存率を示さない、という2つの条件を満たすような系統をほ場抵抗性を持つ系統の候補として、国内12系統、海外4系統を選抜した（表1及び2）。

これらのうち、「甘木在来90D」、「秣食豆一公502号」、「バリ島3A」については、罹病性品種である「エンレイ」と交配してRILを作製した。「甘木在来90D」x「エンレイ」をF5

世代の種子を得ている。「秣食豆一公502号」x「エンレイ」および「バリ島3A」x「エンレイ」集団については、F3種子を用いて、茎疫病菌に対する抵抗性の検定を行い、抵抗性の表現型の分離パターンを解析したところ、両系統が示す茎疫病ほ場抵抗性は、単一の優性遺伝子により支配されていると推定された。しかしながら、予算削減のため、平成2年度で研究が中止になった。

3) 成果活用における留意点

特に留意点はない。

4) 今後の課題

現時点で、茎疫病ほ場抵抗性原因遺伝子の更なる絞り込みが必要である。今後、毛状根形質転換法を利用して、原因遺伝子の候補を「ヒメシラズ」や「エンレイ」の毛状根で過剰発現させ、その茎疫病抵抗性を検定することで、組換え体ダイズ等を作製せずに茎疫病ほ場抵抗性遺伝子の特定を行う予定である。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 1008	研究期間	平成 25～26年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	ダイズのウイルス病に対する抵抗性遺伝子の単離と機能解明、育種的利用		
小課題責任者名・研究機関	近畿中国四国農業研究センター・作物機能開発研究領域・猿田 正恭		

1) 研究目的

ダイズモザイクウイルス (SMV) やラッカセイわい化ウイルス (PSV) 等のウイルス感染によって引き起こされる減収や褐斑粒による品質低下は、ダイズの安定生産の大きな阻害要因となっている。現在、これらのウイルスに対する抵抗性品種育成では、SMVに対しては *Rsv1* と *Rsv3* 遺伝子、PSVに対しては *Rpsv1* 遺伝子が利用されている。しかし、いずれも免疫的抵抗性であることから、一般的に抵抗性の崩壊が懸念される。SMV抵抗性については免疫的ではない特殊な抵抗性機構を持つ *Rsv4* 遺伝子が知られているが、抵抗性母本である「Peking」の持つ不良形質等のために利用が制限されている。

そこで本研究では、SMV抵抗性遺伝子 *Rsv4* およびPSV抵抗性遺伝子 *Rpsv1* について遺伝子の単離、新規対立遺伝子の探索、育種母本として利用可能な準同質遺伝子系統の開発、さらに *Rsv4* 遺伝子については機能解明を行い、これらを通じて持続的でより強固なSMV、PSV抵抗性品種の育成体制を確立することを目的とした。

2) 研究成果

・SMV抵抗性遺伝子 *Rsv4* の単離

Rsv4 遺伝子候補領域を約9.8kbpまで絞り込んだところ、SMV抵抗性品種の「Peking」の当該領域にタンパク質コードする可能性のある配列が認められた。そこで「Peking」で発現する当該領域の遺伝子の全長をクローニングし、259アミノ酸残基からなるタンパク質をコードする2つのコーディング領域を特定した。本候補遺伝子はRNase Hファミリーに属するタンパク質をコードすると予想された。一方、感受性品種の「Williams 82」や「エンレイ」では、一つ目のコーディング領域内にレトロトランスポゾン様配列を含む約3.6kbの断片が挿入されていた。この挿入により感受性品種では遺伝子機能が欠損したと予想された。

・SMV抵抗性遺伝子 *Rsv4* の多様性解析

約1250系統からなる日本および海外の広範な遺伝資源について *Rsv4* 遺伝子の第1コーディング領域内に見られる約3.6kbの挿入断片の有無を調査した。その結果、日本のダイズは感受性品種「エンレイ」と同様の挿入変異を持つものが多く、*Rsv4* を持つダイズ品種はほとんどないという従来の知見ともよく一致した。一方、韓国や中国のダイズ遺伝資源からは、抵抗性品種の「Peking」のように挿入変異を持たない遺伝資源とともに、それとは異なる変異をもつと思われる遺伝資源が見つかった。これらは新規の対立遺伝子を保有する

可能性がある。

- ・ SMV抵抗性遺伝子 *Rsv4* の機能解析

い候補遺伝子を発現する形質転換ダイズを作製したところ、この中にはSMVの増殖を抑制するものがあった。*N. benthamiana*を用いた一過的発現系において当該遺伝子はSMV増殖を阻害したが、その活性中心と考えられる領域に変異を加えた当該遺伝子は、SMVの増殖を抑制しなかった。これらより、当該遺伝子が *Rsv4* であると考えられた。また、*N. benthamiana*を用いた一過的発現系において、当該遺伝子はSMVに限らず幅広くポティウイルス属のウイルスの増殖を阻害した。さらに、当該遺伝子産物は他の多くのRNase Hとは異なり二本鎖RNA分解活性を有すること、SMVがコードするP3タンパク質と相互作用することを示唆する結果を得た。

- ・ *RpsvI* 遺伝子の候補領域の絞り込み

「サチユタカ」に *RpsvI* を7回戻し交配したF2種子768粒から、*RpsvI* 近傍で乗り換えが生じているものを選抜し、F2世代のPSV抵抗性を評価した。その結果、*RpsvI* 遺伝子は第7染色体上の約56kbpの領域に座乗することがわかった。本領域には、5つの遺伝子の存在が予想されており、このうち、機能がdisease resistance proteinと予測される遺伝子が最も有力な候補遺伝子と考えられた。

- ・ *Rsv4*、*RpsvI* 遺伝子導入育種素材の開発

「サチユタカ」に *Rsv4*、*RpsvI* 遺伝子を戻し交配とDNAマーカー選抜によりそれぞれ単独に導入したBC7世代の育種素材を開発した。

3) 成果活用における留意点

Rsv4 については、遺伝子配列を利用したDNAマーカーが利用可能になった。

RpsvI については、近傍マーカーであるため、当該領域を挟み込むDNAマーカーで選抜する必要がある。

4) 今後の課題

Rsv4 は *Rsv1* や *Rsv3* とは異なる抵抗性機構でSMV増殖を阻害していることが裏付けられた。また、*Rsv4* 及び *RpsvI* について、DNAマーカーと「サチユタカ」背景の準同質遺伝子系統を開発した。これらを活用して抵抗性遺伝子を集積することにより、より持続性の高いウイルス抵抗性植物が作出できると考えられる。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 1009	研究期間	平成 25～29年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	ハスモンヨトウ抵抗性遺伝子の単離と機能解析およびツルマメ由来の新規抵抗性遺伝子の探索		
小課題責任者名・研究機関	農研機構 九州沖縄農業研究センター・作物開発利用研究領域・大豆・資源作物育種グループ・大木信彦		

1) 研究目的

ハスモンヨトウは大豆生産上重要な害虫であり、温暖化による発生地域の拡大、被害の深刻化が懸念されている。そのため、大豆の生産安定、減農薬によるコスト低減、環境負荷の軽減の観点から抵抗性大豆品種の育成が望まれている。これまでの研究から、ハスモンヨトウ抵抗性品種「ヒメシラズ」由来の抵抗性遺伝子、*CCW-1*および*CCW-2*が見つかり、これらを西日本の主力品種「フクユタカ」に導入し、「フクミノリ」が育成されている。本課題は、ハスモンヨトウ抵抗性遺伝子の探索・単離、および抵抗性付与メカニズムの解明を行い、効率的な抵抗性品種の育成に寄与し、「フクミノリ」を上回る抵抗性を有する品種を育成することでハスモンヨトウ被害を軽減し、大豆生産の多収化、安定化に貢献することを目的とする。

2) 研究成果

抗性遺伝子*CCW-1*の座乗候補領域を約39kbまで狭め、密接に連鎖するDNAマーカーを開発した(図1)。また、候補領域内の「フクユタカ」と「ヒメシラズ」の塩基配列を解読し、塩基配列多型をもつ遺伝子を明らかにした。今後、相補性検定を行うことにより、*CCW-1*の原因遺伝子を特定できると期待される。*CCW-2*についても同様に座乗候補領域を約17kbまで狭め、遺伝子に密接に連鎖したDNAマーカーを開発した。これらの成果により、ハスモンヨトウ抵抗性育種を効率的に進めることができ、抵抗性品種の育成に貢献すると期待される。

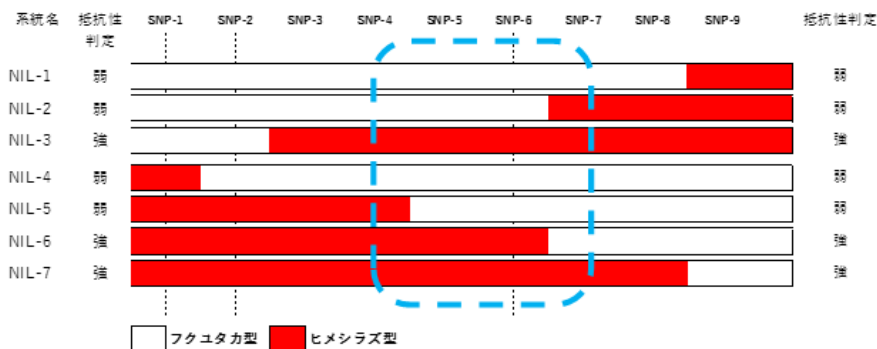


図1 準同質遺伝子系統を用いた*CCW-1*の座乗候補領域の特定
水色の点線で囲った領域(約39kb)に*CCW-1*が座乗していると考えられる。

抵抗性遺伝子がハスモンヨトウ幼虫に与える生理的な影響を調査するため、*CCW-1*、*CCW-2*をもつNILを摂食させた幼虫について、顕微鏡観察および遺伝子発現解析を行った。その

結果、*CCW-1*をもつNILを摂食した幼虫は、中腸上皮細胞のミトコンドリアやリボゾームに異常が見られることが明らかになった。また、遺伝子発現解析により、キモトリプシン遺伝子、リパーゼ遺伝子、アスタシン遺伝子などの消化に関わる遺伝子の発現が変動していることが明らかになった。これらの発見は、大豆のハスモンヨトウ抵抗性遺伝子が幼虫に及ぼす影響を明らかにしたものであり、抵抗性遺伝子の機能解明の手がかりとなるだけでなく、ハスモンヨトウ抵抗性系統の選抜にも用いることができると期待される。

新たな抵抗性遺伝子を探索するため、野生種であるツルマメを用いたQTL解析を行い、新規抵抗性遺伝子*qRslx-3*、*qRslx-4*を発見した(表1)。これらの遺伝子は2カ年の試験において共通して検出されたQTLであり、安定した効果を発揮した。これまでに発見されている*CCW-1*、*CCW-2*とは座乗領域が異なるため、遺伝子を集積することにより高度な抵抗性を有する品種を育成できると期待される。

表1 ツルマメと「フクユタカ」のRILを用いた選好性試験により検出されたQTL

	染色体	LOD値	P value	寄与率	相加効果 ¹⁾
<i>qRslx3</i>	Gm07	11.8	0.001	0.25	-0.384
<i>qRslx4</i>	Gm02	2.8	0.006	0.05	-0.163

1) マイナスの数値はツルマメ型の時に抵抗性が強くなることを示す。

3) 成果活用における留意点

CCW-1、*CCW-2*の座乗候補領域を狭めることができたため、DNAマーカーを用いることにより効率的な選抜が可能である。しかし、現在用いている系統は抵抗性品種「ヒメシラズ」に由来する領域が大きく残っており、これらのDNAマーカーを用いたとしても「ヒメシラズ」に由来する不良形質を完全に取り除くことができるとは限らない。遺伝子の近傍において染色体の乗換えが起きた系統を今後選抜し、育種に活用する必要がある。

ツルマメは野生種であるため、つる性や裂莢性など、栽培の障害となる形質を多く有しており、単交配による育種は困難である。今回発見した新規抵抗性遺伝子を育種に活用するには、不良形質を可能な限り取り除いたNILの育成が不可欠である。

4) 今後の課題

CCW-1、*CCW-2*の詳細な座乗候補領域は明らかになったが、抵抗性メカニズムは明らかになっていない。幼虫に見られた消化器系の反応を手がかりとし、抵抗性遺伝子の役割を解明できれば、抵抗性品種の育成を推進すると期待され、突然変異系統を用いた解析により抵抗性メカニズムの解明を試みる。また、ツルマメ由来の新規抵抗性遺伝子についても、密接に連鎖したDNAマーカーの開発、ツルマメ由来の不良形質を取り除いたNILの育成、抵抗性メカニズムの解明を進め、効率的に育種に導入するための材料育成を進めていく。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 2001	研究期間	平成 25～26年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	根圏微生物機能を制御する根分泌物の同定		
小課題責任者名・研究機関	京都大学・生存圏研究所・森林圏遺伝子統御分野・杉山暁史		

1) 研究目的

植物が光合成で獲得した炭素の10%以上を占める根分泌物は、根圏微生物叢の形成に重要な役割を担うことが知られている。本研究では連作障害等により収量性・病害発生履歴が異なる土壌を用いて、それらの土壌に特徴的な根圏微生物叢を明らかにするとともに、植物の根分泌物を介した根圏微生物機能の制御メカニズムを解析し、高生産性の維持や病害の抑制、土壌養分の吸収促進を可能とする根分泌物を同定する。

2) 研究成果

京都府南丹市日吉町、船井郡京丹波町、福知山市夜久野町および相楽郡精華町の黒ダイズ生産圃場9カ所から、播種約6～7週目となる7月下旬に、根圏土壌と植物体を採取して解析に供した。生育の良好な圃場のダイズ根より分離した*Bacillus*属細菌による新丹波黒への生育促進検定をガラス温室において行ったところ、対照無接種と比較して生育量が10%以上増加した菌株が12.9%あるのに対し、生育量が10%以上低下した菌株は認めなかった。次世代シーケンサーを用いた根圏微生物叢解析の結果、ダイズ生育と相関する微生物の候補として*Bacillus*属細菌や*Bradyrhizobium*属細菌を見出した (Sugiyama *et al.* 2017)。

ダイズミニコアコレクション（世界）の80品種及び日本の23品種を用いて、根及び根分泌物中のフラボノイド等の二次代謝産物をHPLCにより解析した。根分泌物、根のフラボノイド含量には数十倍に及ぶ品種間差が認められた。

3) 成果活用における留意点

ダイズ生育と相関する微生物の候補が得られたことから微生物資材としての活用が期待されるが、ダイズ圃場での定着性向上のために、フラボノイド等の植物代謝物を活用することが望ましい。今回の解析は黒ダイズに限ったものであり、他の品種への効果は不明である。

4) 今後の課題

根圏微生物叢とダイズ生育との関係性を明らかにするために、より多様な圃場を用いて複数年にわたる解析を行い、統計解析を行う必要がある。さらに、根圏微生物機能の制御に向けて圃場で生育しているダイズを用いた代謝物、遺伝子レベルでの研究を行う必要がある。フラボノイド分泌においては、品種間差が認められたことから、原因遺伝子の特定とマーカーとしての活用を進めることが課題である。またフラボノイドのみならず他の代謝物を、微生物資材と組み合わせ活用できるように、根圏での植物代謝物の動態を含め

て解析を進めることが課題である。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 2002	研究期間	平成 25～26年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	固定窒素寄与率における量的遺伝子座の同定		
小課題責任者名・研究機関	農業生物資源研究所・植物共生機構研究ユニット・梅原洋佐		

1) 研究目的

ダイズは、子実重量の約1割と窒素を多量に必要とする作物であるが、根粒菌と共生して窒素固定を行うことにより、空気中の窒素を利用することができる。ダイズは吸収する窒素の約6割が窒素固定由来であり、窒素肥料の投与が必ずしも増収に結びつかないことが多い。また、環境ストレスの影響下では、窒素固定能が十分に発揮されないことが、ダイズの収量が増加しない一因となっている。これらのことから、根粒菌による窒素固定を効率よく利用することが、ダイズの安定的な栽培にとって重要である。これまでの研究から、品種間で窒素固定能に差異があることは明らかにされているが、それがどのような遺伝的因子によるものかについては知見がなかった。そこで、本研究では、評価指標として窒素固定寄与率に着目し、遺伝解析により、窒素固定能を制御するダイズの遺伝子同定を目指した。また、その結果を利用することによりダイズの不良環境下での窒素固定能改善を目指し、ミヤコグサを利用して、不良環境の窒素固定能に対する影響を解析した。

2) 研究成果

(ア) ダイズコアコレクション中の品種・系統の窒素固定寄与率の評価

2013年度に生物研ジーンバンクのコアコレクションの中から81品種を畑圃場で栽培し、最大繁茂期(R3.5)の相対ウレイド値が子実での窒素固定寄与率と相関が高いとする報告があることから、開花(R2)期と莢伸長期(R4)の相対ウレイド値を測定し、平均を算出した。また、¹⁵N希釈法を用いて人工水田で栽培した87品種の種子を対象に窒素固定寄与率の調査を行った。2014年度は、前年度とは別の畑圃場で栽培し、R2期とR4期にサンプリングを行ない、溢液液中の相対ウレイド値の計測を行った。人工水田では34品種について、窒素固定寄与率を計算した。相対ウレイド法に関しては、両年ともに4品種が0.5以上の相対ウレイド値を示し、2品種は低めの値を示した(図2002-1)。¹⁵N希釈法に関しては、8品種が高めの値を、3品種が低めの値を示した。

(イ) ミヤコグサを用いた不良環境下における窒素固定能評価法の検討、及び、ミヤコグサの窒素固定能関連形質のQTL解析

植物体当たりの窒素固定活性に関して、24℃及び18℃の栽培条件間で、ミヤコグサ実験系統の間に有意な差は検出されなかった。また、根粒菌菌株の間でも、この条件で有意な差は検出されなかった。かずさDNA研究所に於いて実験系統2系統間で作成された近交組換え系統90系統について、パーミキュライトポット中で¹⁵N標識した1mM NH₄NO₃を与えて、

根粒菌接種後4週目まで栽培し、サンプリングしたデータについて、QTL解析を行ったところ、窒素固定に関連する窒素固定寄与率と窒素固定量に関して、それぞれ1カ所のQTLを検出した。

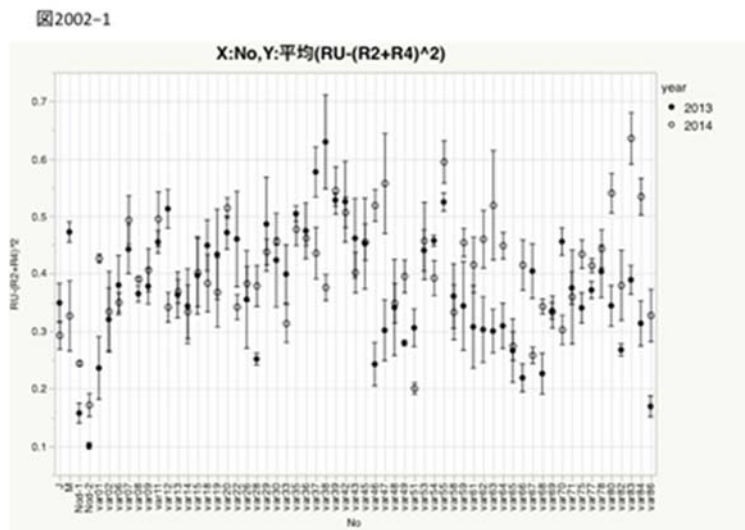


図2002-1 2013年度と2014年度の相対ウレイド値

2014年度に評価を行った品種について、2013年度と2014年度のR2期とR4期の平均の相対ウレイド値を示した。●2013年度、○2014年度、バーは標準誤差。N=3

3) 成果活用における留意点

今回得られた結果では、品種によっては、年度により異なる傾向が見られる場合があった。これは、土壌の種類や土壌微生物相等の圃場自体の違いか、年度ごとの気象環境要因の違いが影響したと考えられるが、さらに検証が必要である。また、圃場を使用した試験は、環境要因により影響を受けることから、より再現性の高い方法の検討が必要である。

ミヤコグサの解析は、生育初期の形質を見ているので、因子同定後にダイズで生産性に影響を与えるかどうかを検証する必要がある。

4) 今後の課題

固定窒素寄与率関連形質の評価方法を絞り込み、遺伝解析を行う対象とする品種を選定する。その結果、RILが利用できる場合は、種子の確保等、RILを材料に QTL解析を行う。

ミヤコグサ窒素固定寄与率関連QTLの遺伝子同定を行うため、選抜した組換え近交系統に対し、戻し交雑を行って解析対象とする集団を作成し、QTL座乗領域を絞り込んで、責任遺伝子の同定を行う。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 2003	研究期間	平成 25～26年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	ダイズの共生微生物相と共生系制御システムの解明による持続的生産技術の開発		
小課題責任者名・研究機関	東北大学・大学院生命科学研究科・南澤 究		

1) 研究目的

ダイズの増収には根粒菌との共生窒素固定が重要であるが、窒素栄養パラドックス、土着ダイズ根粒菌と根圏微生物相の劣化による連作障害などの問題点がある。さらに、共生微生物の能力を活用する共生育種も行われていない。本研究では、ダイズ共生微生物相の診断技術の確立とダイズ宿主因子を利用した共生育種基盤の解明を行い、窒素肥料資材と宿主因子により共生微生物相を制御し、ダイズの持続的生産技術に資する。

2) 研究成果

平成25年～26年の2年間の研究成果は以下の通りである。

(A) ダイズ共生微生物相の診断：ダイズ地下部の細菌叢解析技術を確立するために、細菌細胞抽出法・メタゲノムマッピング解析・メタゲノム情報解析の最適化を行った。その結果、根粒菌種の同定・劣化ダイズ根粒菌HRS株と根粒エンドファイトが検出でき、ダイズ連作圃場に本法を適用したところ、連作にともないダイズ根粒菌の*B. elkanii*が増えた。

(B) 肥料・農業資材等による共生微生物相の制御：窒素施肥区のダイズ根における主要な優占菌群はプロテオバクテリアであった。他の菌群として、ベータ及びガンマプロテオバクテリア、放線菌類が検出され、これらは逆相関関係にあった。緩効性窒素肥料CDU施肥区では安定した群集構造が観察され、3MUF施肥区では地下部重の増加が観察され、根系の拡大による養分吸収促進や物理的ストレス耐性にもつながると期待された。

(C) ダイズ宿主のRj2因子等を利用した共生育種：Rj2ダイズに不和合性を示すダイズ根粒菌USDA122株のドラフトゲノムを決定し、不和合性を誘導する根粒菌のエフェクターの候補を絞り込んだ。また、日本のダイズコアコレクション(79品種)のRj2遺伝子(*Glyma33780*)のアミノ酸配列の多型パターンを明らかにし、日本品種に9通りの多型が見いだされた。Rj2遺伝型はダイズの遺伝的系統関係や原産地と一致せず、広く分布していた。以上の結果より、Rj2共生不和合性を利用した根粒菌接種の研究基盤が整った。

3) 成果活用における留意点

次世代シーケンサーによるダイズ共生微生物相の診断は、一定の費用をかければ解析可能であった。診断技術の簡略化により解析費用を下げるのが成果活用観点で重要である。また、窒素施肥法による共生微生物相の制御について一定の成果が得られたが、実用化には年次を超えた検討が必要であった。ダイズRj2因子については、進化的な意義や根粒共生

系を生かしたダイズ育種への利用が期待される。

4) 今後の課題

課題責任者の担当内容について、メタゲノムマッピング解析によるダイズ根圏微生物のプラットフォームの確立、ダイズの根粒菌不和合性Rj2遺伝子のダイズ品種の分布調査等が今後の課題である。分担者の担当内容は、窒素肥料の種類がダイズ根圏微生物相に与える影響の解析、微生物共生系制御機構の解明と資材の提案が今後の課題となる。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 2004	研究期間	平成 25～26年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	根圏微生物がダイズ根粒数を制御する機構の解明とその根粒への侵入が窒素固定効率に与える影響の評価		
小課題責任者名・研究機関	東京農工大学・大学院農学研究院・生物生産科学部門・横山正		

1) 研究目的

ダイズにとって窒素固定効率の高い根粒菌との適切な共生は、子実収量を上昇させる。現在、世界中でダイズに対して窒素固定能力が高い優良根粒菌の接種事業が行われている。しかしながら、ダイズに着生した根粒の一部にしか接種根粒菌は根粒を形成することが出来ない現状がある。また、その接種効果も変動し、その生態学的あるいは生理学的な原因も明らかになっていない。多数の研究がなされ、根圏微生物がダイズの着生根粒数や優良根粒菌の接種効率さらには、根粒の窒素固定に影響を与えている可能性が指摘されているが、実態は不明である。そこで、根圏微生物によるマメ科作物の根粒着生への影響と根粒に内在するエンドファイト微生物が共生窒素固定に与える影響に焦点を絞り、マメ科植物の根粒着生と窒素固定を制御する生理・生態学的因子の解明を行い、最終的には、根圏微生物の有効利用によるダイズの根粒着生数と窒素固定効率を増加させる技術基盤の開発を目的にする。

具体的には、根圏微生物によるマメ科植物の根粒着生への影響と根粒に内在するエンドファイト微生物が共生窒素固定に与える影響に着目し、以下の研究を行う。

- 1) 根圏微生物がダイズに誘起する根粒形成制御応答の評価
- 2) 根圏微生物感染が誘起するマメ科植物のISR等防御応答が根粒数を制御する機構の解明
- 3) 根圏微生物の根粒への侵入が窒素固定効率に与える影響の評価

2) 研究成果

【研究方法】

- 1) 根圏微生物の単離を続け、それを根粒超多着生変異体ダイズNod1-3に接種して、根粒着生を促進、あるいは抑制する菌株の評価を続ける。
- 2) 上記の単離土壌微生物の先行接種とその後の根粒菌接種実験で着生した根粒を採取し、どの様な系統の根圏微生物が根粒内に内在化しやすいのか、また、内在化した微生物が窒素固定活性に与える影響を評価する。
- 3) 根粒形成を促進あるいは抑制する上記土壌微生物がどの様な応答をダイズに誘導しているのか各グループに属する根圏微生物のISR誘導能力等の評価を行う。

【研究成果】

目標(1)根圏微生物がダイズに誘起する根粒形成制御応答の評価: H25年からH26年度に

において、菌株の選抜を行った。H26年度は将来的に実用的な接種剤として開発することも考慮し、ダイズ根圏から35株の芽胞形成細菌を単離し、それらの芽胞形成土壌微生物菌株を先行接種し、後から接種したダイズ根粒菌USDA110株が根粒超多着生変異株Nod1-3への根粒形成に与える影響を調べた（図1）。

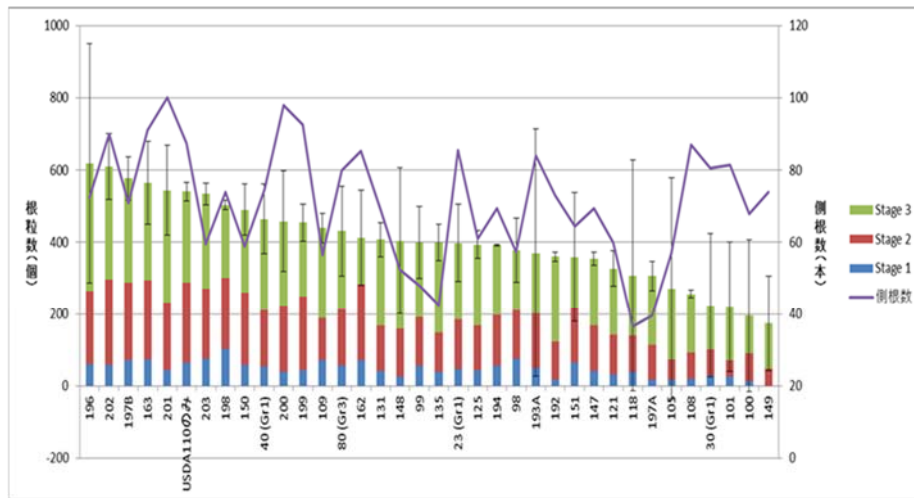


図1. ダイズ根圏や根内に生息している芽胞形成土壌微生物35株を単離し、それら土壌微生物をNod1-3に先行接種後、さらに根粒菌を接種し先行接種が根粒形成に与える影響を評価した。

その結果、試験した35株中5株（14%、H25年度は4%）は、土壌微生物の先行接種が無い対照区の根粒着生数を上回り、最も着生数が多かった菌株は約15%根粒数が増加した。一方、6株（17%、H25年度は81%）は根粒着生を対照区の50%以下に抑制した。

H25年度の推進会議時に、実際の農業現場では、上記のような根粒超多着生変異体ではなく、普通の野生型ダイズが栽培されており、根粒超多着生変異体ダイズNod1-3と野生型ダイズの応答に違いがあるか否かは検討する必要があると指摘された。そこで本年度に、上記に関する検討を開始した。その結果、Nod1-3で得られた結果とは逆に、野生型ダイズの根粒着生数を抑制する株も存在したが、根粒超多着生変異体ダイズNod1-3を用いた試験で根粒数を増加させたNo. 23株の野生型ダイズへのダイズ根粒菌との共接種は、ダイズ根粒菌の単独接種より根粒数を約1.5倍に増加させた。

目標(2)ダイズ根粒中に侵入した根圏微生物がダイズの共生窒素固定能力発現に与える影響の評価： H25年度の解析で、根粒着生数増加グループ（Gr1）と根粒着生抑制グループ（Gr3）に分類された菌株に関して、野生型ダイズに接種し根粒への内在化割合を評価した。共接種した土壌微生物の根粒への内在化率（共感染頻度）とそれが窒素固定活性に与える影響を評価し（図2，図3）、根粒着生を抑制するNo. 40株は約20%の共感染で窒素固定活性を対照区の54%に抑制した。根粒着生が対照区より若干増加するNo. 22株は共感染が100%で窒素固定活性に殆ど影響を与えず、一方、No. 27は共感染が100%で窒素固定活性を約180%に上昇させた。また、総根粒数を対照の1.5倍に増加させたNo. 23は約60%の共感染割合で、窒素固定活性は対照区と同じであった。この観察の作用機構は全く不明であるが、土壌微生物の根粒への共感染で、窒素固定活性は影響され、窒素固定活性が増大する場合もあることが分かった。

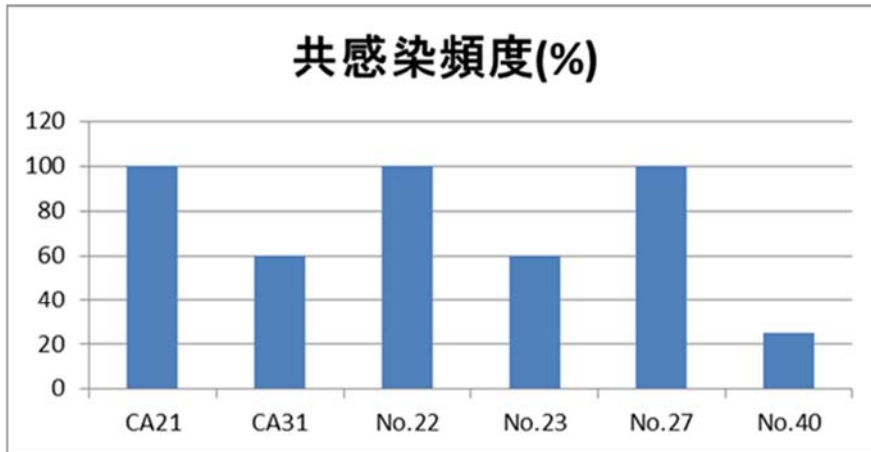


図2. 根粒への共接種土壌微生物の内在化の程度

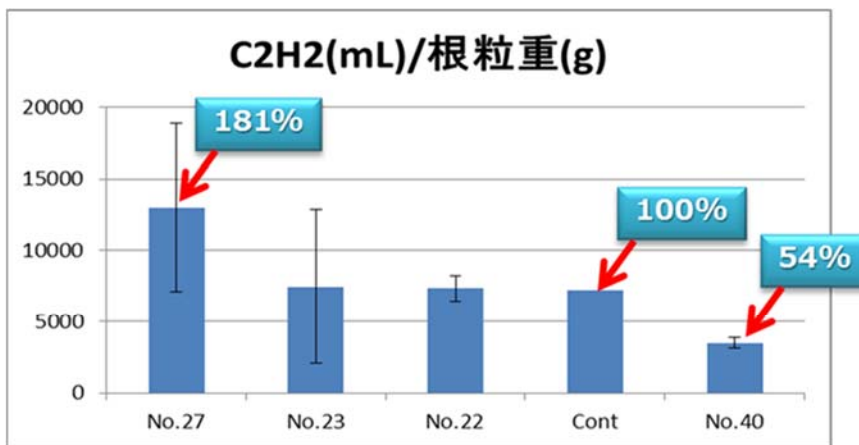


図3. 各土壌微生物を共感染させた根粒における根粒1g当たりの窒素固定活性（アセチレン還元活性）の比較

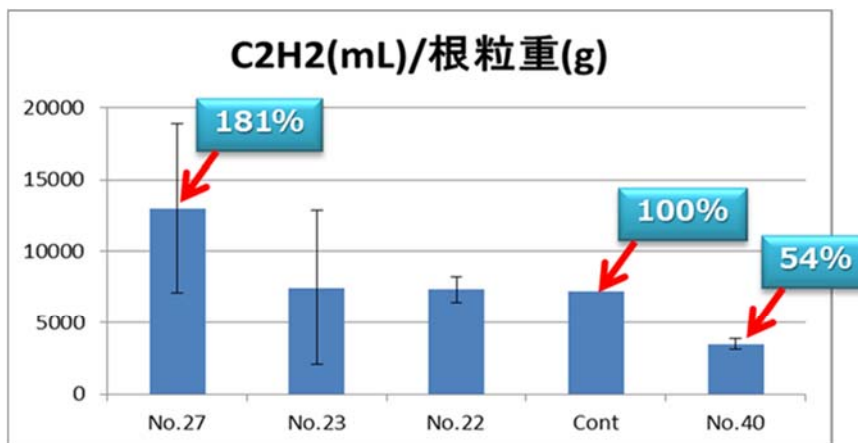


図3. 各土壌微生物を共感染させた根粒における根粒1g当たりの窒素固定活性（アセチレン還元活性）の比較

目標(3)根圏微生物がダイズ根粒数を制御する機構の解明: 植物防御応答の経路のうち、サリチル酸系の経路の遺伝子である*PR1*(抗菌性タンパク質)、*PR2*(1-3 β -グルカナーゼ)、*PR5*(キチナーゼ)、ジャスモン酸系の*PDF1.2*(植物ディフェンシン)をターゲット遺伝子とし、RT-PCRを行い、土壌微生物の先行接種と根粒着生の関係を調べた。USDA110株の根粒数を115%に増やしたCA31接種区では、すべての遺伝子で5日目の誘導量が大きく減少していた。根粒着生数が明瞭に異なる根粒着生数増加グループ(Gr1)と根粒着生抑制グループ(Gr3)を比較すると、Gr1株は、植物防御遺伝子の発現は2日目より5日目で強く抑制されていた。一方、Gr3株では、2日目より5日目で遺伝子発現が高く誘導されるものが存在した。根粒菌接種時における根圏微生物による植物防御応答遺伝子の発現低下誘導は、根粒着生数の増加との関連性が推定された。

3) 成果活用における留意点

本研究成果については、我が国の農業の基盤技術強化と国際競争力強化を目指し、民間企業における実用化につながる技術、将来的に多くの新技術や幅広い応用分野に発展する可能性が高い基本的な技術等については積極的に知的財産の保護(権利化又はノウハウとして秘匿)を図るとともに、民間企業における実施許諾がほとんど見込まれない技術等については権利化することなく論文発表等により公開する。

4) 今後の課題

ダイズ根への土壌微生物の感染が、根粒菌と競合し根粒着生数を減らす場合と、逆に根粒菌の感染を促進させ根粒数を増やすことが分かってきた。また、この応答は、各土壌微生物がダイズへ誘導する植物防御応答の強弱に関連していることが推定されてきた。今後の課題としては、どのようなダイズの植物防御遺伝子がこの制御に関わっているか解明する必要がある。また、上記各試験で得られた土壌微生物のうち根粒着生数と窒素固定活性を促進する株に関して、その効果が、ダイズの生育促進や子実収量の増加に直接結びつくか、ポット試験や圃場試験レベルでの評価が必要である。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 2005	研究期間	平成 25～26年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	窒素固定増強遺伝子の同定と作物生産への応用の試み		
小課題責任者名・研究機関	佐賀大学・農学部・生物環境科学科作物生態生理学研究室・鈴木 章弘		

1) 研究目的

研究担当者等が見出したミヤコグサの*enfl*突然変異体は野生型と比較して、多くの根粒を形成する、個体当たりの窒素固定活性が高い、旺盛な生育を示す、種子重が増加する等の有用な形質を示す。そこで本課題では、このような有用な表現型を与える遺伝子を同定する。さらにダイズにおけるオルソログ遺伝子を利用して、収量が増加したダイズ品種または低窒素条件下でも同等の子実生産を示すダイズ品種の作出の可能性を探ることを目的とする。

2) 研究成果

a) *ENFI*遺伝子の座乗位置の絞り込み

ミヤコグサの*NO. 38*遺伝子は*enfl*変異体においてバックグラウンドのMG20と比べて発現が著しく抑制されている遺伝子である。そこで*enfl*変異体x Gifu B129の後代 (F2世代) を用いて*NO. 38*遺伝子の発現を指標に*ENFI*遺伝子の染色体上の位置の絞り込み (マッピング) をおこなった。その結果、第4染色体のある領域に*ENFI*遺伝子が座乗している可能性が高いことが明らかになった。

b) ダイズにおいてABA濃度を下げることで窒素固定活性が上昇することの確認

ミヤコグサの*enfl*変異体では内生ABA濃度が低下することで根粒内の一酸化窒素 (NO) のレベルが低下し、それが窒素固定活性の上昇を引き起こしていると考えられている。しかしながらダイズ根粒ではミヤコグサとは異なり根粒内NOをスカベンジする経路が存在するため、同じメカニズムでは窒素固定活性の増加が望めないのではないかということが懸念された。そこでABA合成阻害剤アバミンでダイズ根粒を処理して、3日後の窒素固定活性を調査した。その結果ダイズにおいても内生ABA濃度を低下させることで窒素固定 (アセチレン還元) 活性が上昇することが確かめられた (図1)。

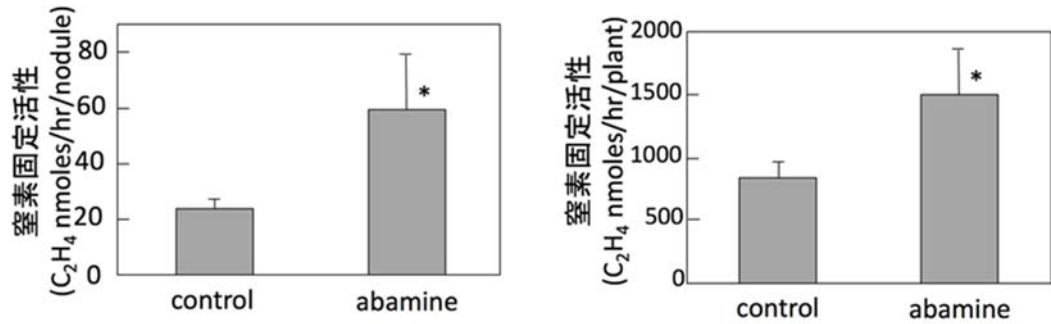


図1：アバミン処理によって内生ABA濃度を低下させたダイズにおける窒素固定活性
ダイズへ根粒菌を接種して18日後の根粒を20 μ Mアバミンを染み込ませたろ紙で挟み、3
日後に窒素固定活性を測定した。controlはアバミン処理なしの対照区を示す。control：
n=45, abamine: n=45。エラーバーは標準誤差

c) ミヤコグサ *enf1* 変異体の窒素に対する応答

enf1 変異体の栽培時に、培地中の窒素濃度を高くした場合の共生能への影響について調査をおこなった。根粒着生試験の培地 (B&D培地) へ1mMの硝酸カリウムを添加して根粒形成を調査したところMG20では根粒数が大きく減少したが、*enf1* 変異体では大きな影響を受けなかった (図2)。

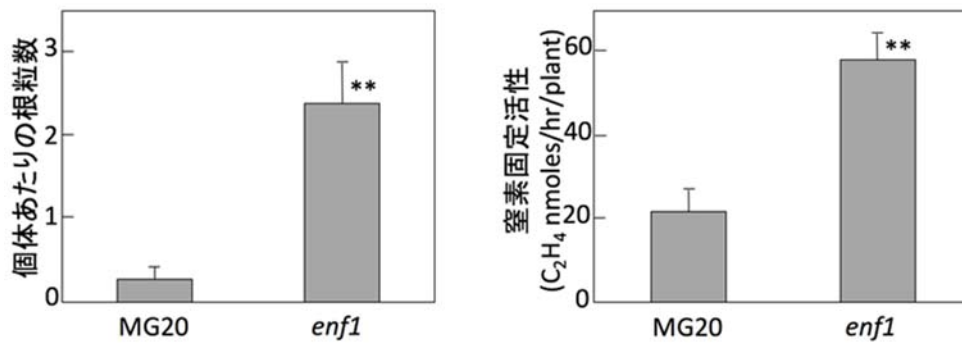


図2：1 mM KNO₃を含む培地における根粒形成および窒素固定活性

1 mM KNO₃を含む培地では、MG20における根粒形成が大きく阻害を受けた。窒素を含まない培地の場合は、*enf1*はMG20と比較して約1.7倍の根粒数、約1.8倍の窒素固定活性を示す。根粒数のグラフはn=24、窒素固定活性のグラフはn=8 (個体数は24)。エラーバーは標準誤差。**はP<0.01であることを示す。

3) 成果活用における留意点

現時点では、特に無し。

4) 今後の課題

a) *enf1* 変異体x Gifu B129の後代 (F2世代) を用いたマッピングをさらに継続して、染色体上の詳細な位置を見極めるとともに、*enf1* 変異体とMG20の交配後代を用いたNGS解析を行い、*ENF1* 遺伝子を同定する必要がある。

b) ダイズにおけるABA濃度と窒素固定活性の関係については本研究で得られた結果を持って結論が得られたと考える。

c) ミヤコグサ *enf1* 変異体の窒素に対する応答についても本研究で得られた結果を持って結論が得られたと考える。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 2006	研究期間	平成 25～26年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	菌根菌応答率に基づくリン酸吸収効率化育種		
小課題責任者名・研究機関	農業生物資源研究所・植物共生機構研究ユニット・今泉（安楽）温子		

1) 研究目的

現在の日本の農業は、化学肥料等の人工施肥に依存している。リン肥料の原材料であるリン鉱石は、2030年代をピークとして枯渇していくと予想され、日本の農業システムに深刻な影響を及ぼすことが懸念される。このような状況において、土壌中のリンの吸収効率を高めるダイズ品種の創出が急務である。

植物・菌根菌共生相互作用は、植物が長い進化の過程で獲得してきた土壌中リン酸の吸収手段である。宿主植物の根に内部共生した菌根菌が土壌中に張り巡らせる外生菌糸を介して、宿主植物は土壌中のリンを効率的に吸収し、植物の生育が増進される。しかし、菌根菌への応答率（菌根菌感染による宿主植物の収量増収効果の指標1）の明確な評価実験系の構築が難しいことから、応答率を基にした作物育種はこれまでなされていない。

本研究課題は、「菌根菌応答率」を評価するダイズ栽培系を確立し、同解析系により、応答率のダイズ品種間差の評価解析を行う。併せて、菌根菌感染率の品種間差の評価解析を行う。選定した高応答率、及び、高感染率ダイズ品種において、それらの形質を支配するQTLに關与するDNAマーカーを同定することを目的とする。これにより、リン肥料の原資となるリン鉱物枯渇により、今後危惧される人工施肥農業の行き詰まりの打開と、低リン条件土壌環境でも収量を維持しうるダイズ新品種育種のシーズを得ることが期待される。

2) 研究成果

(ア) 菌根共生による有用形質を評価しうるダイズ栽培解析系の確立

a. 応答率評価系の構築

4段階リン施肥による菌根菌応答率栽培試験の結果、応答率評価には「1個体あたり種子重」が適していることを見いだした。これを基に、応答率最大値を算出したところ、高応答率品種候補では、20kg/10aリン施肥量近傍において、応答率最大値が得られた。

b. 菌根菌感染率評価系の構築

菌根菌感染率の定量化法を検討し、全根あたりの樹枝状体形成密度（M%）、及び、感染根あたりの樹枝状体密度（m%）が、感染率の品種間差を明確に定量化しうることを確認した。

(イ) ダイズ品種の評価解析と、高応答率・高親和性を示すダイズ品種の選定

a 高応答率を示すダイズ品種の探索と選定

供試した全16品種において、リン施肥5kg/10aと20kg/10aでの応答率 (R5、R20)、及び、5~20kg/10a施肥区間での応答率積分値を算出したところ、高応答率品種は、5~20kg/10a施肥区間全般で高い応答率を維持していることが示された (図1)。

b 高感染率を示すダイズ品種の探索と選定

感染率の品種間差を示すとされるダイズ2品種について、菌根菌の共生器官である「樹枝状体」を基準に感染率の定量化を行った。感染率の高い品種 (cv. 2) では、樹枝状体密度が65%以上を占める根領域が全根の25%を超えたが、低感染率品種 (cv. K) では、5%未満にとどまった。これを基に算出した、M%及びm%において、2品種は有意な感染率差を示した (図2)。

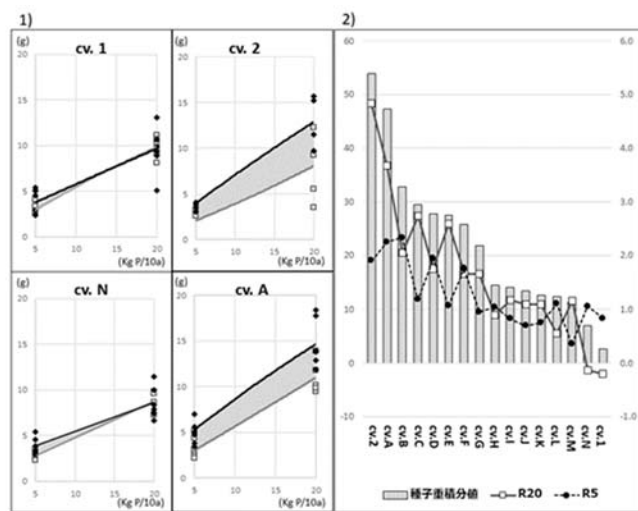


図1：低高応答率、及び、高応答率候補品種の菌根菌応答率指標

1) 低応答率品種候補 (品種1、N)、高応答率品種候補 (品種2、A) のリン施肥5~20kg/10aの応答率近似曲線を示した。高応答率候補品種では、接種区 (黒実線)、非接種区 (灰点線) 間の種子重積分値が可視化できる。

2) 供試16品種におけるR5 (黒●点線)、R20 (白□実線)、及び、種子重積分値 (灰棒グラフ)。

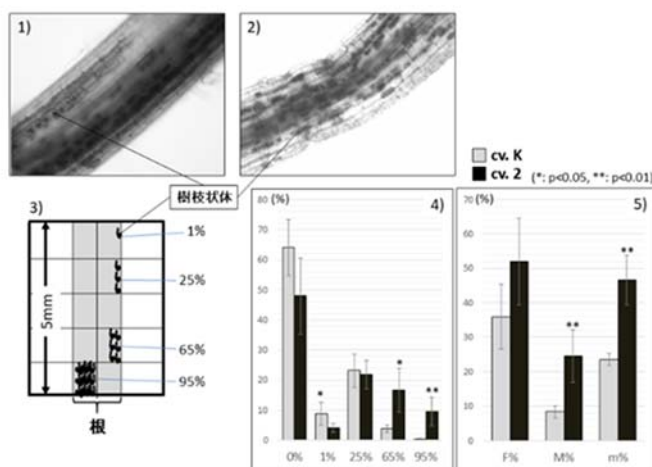


図2：感染率定量化法によるダイズ2品種の菌根菌感染率

樹枝状体密分布の2品種間差。品種K (灰色)、品種2 (黒) では、品種2で65、95%の密度

分布が有意に高い。

5) 3つの菌根菌感染率定量法による2品種間差。F%（全根あたりの菌根形成頻度）では、2品種間差は定量できないが、M%（全根あたりの樹枝状体形成密度）及びm%（感染根あたりの樹枝状体形成密度）では、品種2の高感染率が定量化できる。

3) 成果活用における留意点

栽培年度により、菌根菌応答率（応答率最大値）の変動が見られた。応答率の再現性がQTL同定の可否を決めるため、安定した栽培評価系による、交配集団によるQTL解析、あるいは、多品種によるGWAS解析を実施することが必要となる。

4) 今後の課題

応答率、及び、感染率の再現性が得られた品種については、国内のダイズ研究グループで整備が進められている交配集団を用いた応答率評価試験を実施し、応答率、及び、感染率を制御するQTLの同定に向けた解析が必要である。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 3001	研究期間	平成 25～29年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	高付加価値ソバの品種開発を加速する自殖性選抜マーカーの開発		
小課題責任者名・研究機関	農研機構 次世代作物開発研究センター・畑作物研究領域・カンショ・資源作物育種ユニット・松井勝弘		

1) 研究目的

ソバは2～3か月で栽培可能な、農林水産省が掲げる重点施策の「6次産業化」や「中山間地域の活性化」には欠かせない重要作物である。しかしソバは他殖性（自家不和合性）のため実をつけるには蜂などの放花昆虫を媒介した交配が必要であり、悪天候などにより昆虫の活動が低下した場合にはソバの収量は必然と低下する。また、遺伝子のホモ化が難しいため、アレルゲンフリーなどの高付加価値形質を有する品種開発が難しい。もし、安定多収のソバ品種やアレルゲンフリーのソバ品種が開発できれば社会に与えるインパクトは非常に大きいものと考えられ、特にアレルゲンフリーやモチ性などの新規形質のソバ品種などは新しい産業へ発展する可能性が非常に高い。

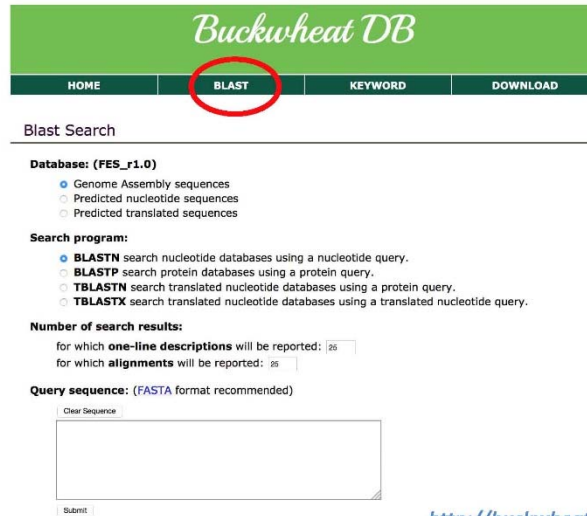
ソバの花形（自家不和合性）はS遺伝子座上の2つの対立遺伝子（Sおよびs）により、短花柱花（S/s）と長花柱花（s/s）とに決定され、この異なる花形間の交配でのみ子実形成が可能である。自殖性対立遺伝子（S^g）は近縁野生種から導入され、Sおよびsと対立性関係があり、sに対しては優性であるが、Sに対しては劣性である。よって育成集団はS^gとsが分離する集団となり、効率的に育種を進めるにはこのS^gとsとを識別する分子マーカーの開発が必須である。

研究分担者らはこれまでにソバのS対立遺伝子（S-ELF3）を単離し、S-ELF3はs対立遺伝子には存在せず、S^g対立遺伝子はS-ELF3にSNPが入り完全なタンパク質ができないことを明らかにした。さらに両遺伝子間のSNPを利用しSとS^gの識別を可能としたが、sとS^gの識別マーカーの開発は行われていない。

本研究では、自殖性系統作出の高効率化および自殖性機能の向上化を目標に、自殖性を支配する対立遺伝子をヘテロの状態で識別できるマーカーの開発に取り組む。この結果、高付加価値形質を有する品種育成の加速化が実現可能となる。

2) 研究成果

本研究により、ソバのゲノムデータベース（<http://buckwheat.kazusa.or.jp/>）が作成された（図1）。ソバの自家和合・不和合性を選抜するためのS遺伝子座を挟んだ複数の領域を明らかにした。これらの領域から、4つの共優性マーカーを作出した。これらのマーカーを用いることにより、自家和合性と不和合性が分離する集団の中から、自家和合性遺伝子がホモ型の個体を効率的に選抜することが可能となった（図2）。また、S遺伝子の下流で働くと推測された複数の遺伝子が同定された。



<http://buckwheat.kazusa.or.jp>

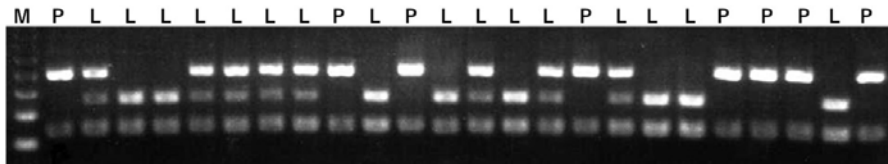


Fig. 2 F₂分離集団におけるSTS_Fes0012458の遺伝子型と花形との関係
P:長花柱花(自家不和合性) L:Long-homo style(自家和合性)

3) 成果活用における留意点

開発したマーカーを用いて、遺伝子型を同定するためには、まず初めに使用する分離集団で、そのマーカーが多型を示すか確かめる必要がある。

4) 今後の課題

作出したソバのゲノムデータベースはスキュフォールド数が多く、また塩基配列が明らかになっていない部分も多く存在するため、さらに充実化する必要がある。

開発したマーカーは連鎖マーカーであるため、s対立遺伝子の欠質領域を明らかにするなどして、さらに精度を上げていく必要がある。

中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 3002	研究期間	平成 25～28年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	バレイショ重要病害虫の抵抗性遺伝子を選抜するDNAマーカーの開発及びそれらを利用した育種素材の開発		
小課題責任者名・研究機関	農研機構北海道農業研究センター・畑作物開発利用研究領域・浅野賢治		

1) 研究目的

ジャガイモシストセンチュウとジャガイモY ウイルス (PVY) は、バレイショ生産を脅かす重要病害虫であり、国内ではジャガイモシストセンチュウ抵抗性遺伝子 *HI* 及び *PVY* 抵抗性遺伝子 *Ryhc* を利用した抵抗性品種育成が進められている。本研究では現在利用されているマーカーよりも高精度に抵抗性遺伝子の識別ができるマーカーの開発を目的とする。また、*Ryhc* の機能解析として、*Ryhc* を有する品種・系統におけるウイルス移行の調査を行う。さらには開発したマーカーを用いて、効率的な病害虫抵抗性育種を可能とする育種素材の開発を行うことにより病害虫抵抗性品種の育成を促進する。

2) 研究成果

HI 及び *Ryhc* について、それぞれ抵抗性との間に組換えのない高精度なDNAマーカーを開発した。また、*Ryhc* を保有する抵抗性バレイショ品種では、PVYの系統に関わらず塊茎を通じた次世代への伝搬は起こらないことから、栽培期間中に保毒アブラムシによって吸汁されたとしても、PVYが種イモを通じて次世代に移行することはないと考えられ、実用性の高い抵抗性遺伝子であることを明らかにした。育種素材開発では、効率的なPVY抵抗性品種の開発を可能とする育種素材として *Ryhc* を多重式に有する系統の開発を行い、*Ryhc* を多重式に有し、雌雄稔性の高い北海道向け及び暖地向けに複数系統選抜した。

3) 成果活用における留意点

開発した育種素材と *Ryhc* を有さない品種系統の交配後代では、理論上約20%のPVY感受性個体が出現する。抵抗性品種の育成過程において、本プロジェクトにおいて開発した高精度DNAマーカーを併せて用いることにより、選抜初期に不要個体を淘汰することができる。また、開発した育種素材には褐色心腐の発生が多い系統が含まれている。生食用及び業務加工用に利用する際には、交配組合せに注意する必要がある。

4) 今後の課題

Ryhc が収量性や品質に与える影響は明らかになっておらず、今後生食用及び業務加工用にも *Ryhc* の利用を拡大する上で、品質等に与える影響も明らかにする必要がある。また、抵抗性のメカニズムも不明であり、抵抗性遺伝子を単離し機能解析を行う必要がある。

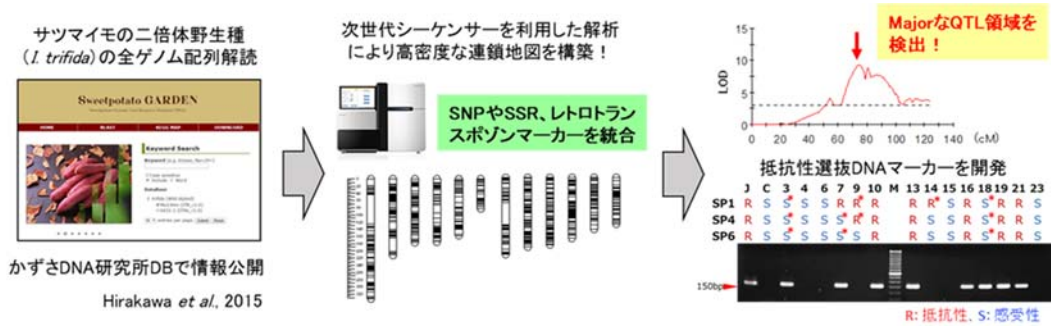
中課題番号	13405483	研究期間	平成 25～29年度
小課題番号	SFC 3003	研究期間	平成 25～29年度
中課題名	大豆及び畑作物の有用遺伝子の同定とDNAマーカーの開発		
小課題名	次世代シーケンスを用いた活動型レトロトランスポゾンの挿入多型解析によるサツマイモ高密度連鎖地図の作成と立枯病およびネコブセンチュウ抵抗性マーカーの開発		
小課題責任者名・研究機関	農研機構 九州沖縄農業研究センター・生産環境研究領域・熱帯性病害虫管理グループ・岡田 吉弘		

1) 研究目的

サツマイモ立枯病とサツマイモネコブセンチュウ(以下センチュウ)は土壌伝染性の難防除性病虫害で、サツマイモ耐病虫害育種の最大の課題であるが、サツマイモ (*Ipomoea batatas*) は6倍性の他殖性作物で遺伝解析が困難であり、実用的な選抜マーカーは開発されていない。最近、次世代シーケンサー (NGS) 利用解析技術が開発され、転移性を維持している活動型レトロトランスポゾン・ファミリーの挿入部位が品種間で極めて多様であることを利用し、ゲノムを網羅する連鎖解析が可能であることが示された。そこで、同定済みの2ファミリーに加えて、新たな活動型レトロトランスポゾン・ファミリーを同定し、高密度連鎖地図の作成を可能にする。次いで、立枯病と線虫抵抗性解析用F1集団を対象に病理学的な検定と遺伝解析、並びに、NGSによる高密度連鎖地図の作成を並行的に実施し、育種に利用可能な選抜マーカーの開発を目指す。

2) 研究成果

本研究では、このように遺伝解析が極めて困難なサツマイモにおいても次世代シーケンサーを利用した大規模な遺伝解析を行い、立枯病およびネコブセンチュウの抵抗性に関わる選抜マーカーの開発を実施した。連鎖地図の構築においては、当初予定していたレトロトランスポゾン・ファミリーの挿入部位多型だけでなく、サツマイモ2倍体野生種の全ゲノム情報を活用して、SNPやSSRマーカーを追加して高密度化を図った。その結果、立枯病抵抗性解析集団の抵抗性親では、連鎖群：90、全長：17,257cM、マーカー数：8,945の高密度連鎖地図を、センチュウ抵抗性解析集団の抵抗性親では、連鎖群：90、全長：13,247cM、マーカー数：6,341の高密度連鎖地図を構築した。さらに、これらの連鎖地図および各集団の抵抗性検定結果からQTL解析およびGWAS解析を行い、立枯病抵抗性に関連するマーカーを1マーカー、センチュウ抵抗性に関連するマーカーを1マーカー開発した。なお、センチュウ抵抗性に関しては、センチュウレースSP1、SP4およびSP6-1に共通の抵抗性選抜マーカーを開発した(図)。



3) 成果活用における留意点

本マーカ-は、抵抗性遺伝子ではないため、選抜効率は70-80%程度である。

4) 今後の課題

今回開発したマーカ-は抵抗性遺伝子ではないため、今後、抵抗性遺伝子の単離・同定を進め、より効率的に選抜できるマーカ-開発が課題である。

成果等の集計数

課題番号	学術論文		学会等発表(口頭またはポスター)		出版図書	国内特許権等		国際特許権等		報道件数	普及する成果	発表会の主催(シンポジウム・セミナー)	アウトリーチ活動
	和文	欧文	国内	国際		出願	取得	出願	取得				
13405483	1	37	100	22	1	1	0	1	0	1	4	6	5

(1)学術論文

区分; ①原著論文、②その他論文

整理番号	区分	機関名	タイトル	著者	掲載誌	巻(号)	掲載ページ	発行年	発行月
1	②	北海道農業研究センター, 東北大学	植物生育促進細菌の研究動向	鶴丸博人, 橋本萌, 池田成志, 南澤究	日本土壤肥科学雑誌	84(5)	418-423	2013	9
2	①	農業生物資源研究所	A thaumatin-like protein, Rj4, controls nodule symbiotic specificity in soybean.	Hayashi, M., Shiro, S., Kanamori, H., Mori-Hosokawa, S., Sasaki-Yamagata, H., Sayama, T., Nishioka, M., Takahashi, M., Ishimoto, M., Katayose, Y., Kaga, A., Harada, K., Kouchi, H., Saeki, Y. and Umehara, Y.	Plant & cell physiology	55	1679-1689	2014	
3	①	道総研十勝農業試験場、弘前大学、道総研北見農業試験場	Method for selection of soybeans tolerant to seed cracking under chilling temperatures	N. Yamaguchi, H. Yamazaki, S. Ohnishi, C. Suzuki, S. Hagihara, T. Miyoshi, M. Senda	Breed Sci	64(1)	103-108	2014	5
4	①	京都大学、他	Changes in the bacterial community of soybean rhizospheres during growth in the field	A. Sugiyama, Y. Ueda, T. Zushi, H. Takase, K. Yazaki	PLoS One	9(6)	e100709	2014	6

5	①	東北農業研究センター、農業生物資源研究所	A major and stable QTL associated with seed weight in soybean across multiple environments and genetic backgrounds	S. Kato, T. Sayama, K. Fujii, S. Yumoto, Y. Kono, T. Y. Hwang, A. Kikuchi, Y. Takada, Y. Tanaka, T. Shiraiwa, M. Ishimoto	Theor Appl Genet	127(6)	1365 – 1374	2014	6
6	①	作物研究所、九州大学	Variation in root development response to flooding among 92 soybean lines during early growth stages	SAKAZONO S, T. NAGATA, R. MATSUO, S. KAJIHARA, M. WATANABE, M. ISHIMOTO, S. SHIMAMURA, K. HARADA, R. TAKAHASHI, T. MOCHIZUKI	Plant Prod Sci	17(3)	228–236	2014	7
7	①	京都大学	Pyrosequencing assessment of rhizosphere fungal communities from a soybean field	A. Sugiyama, Y. Ueda, H. Takase, K. Yazaki	Can J Microbiol	60(10)	687–690	2014	10
8	①	農業生物資源研究所、道総研十勝農業試験場	Mapping of quantitative trait loci associated with terminal raceme length in soybean	Naoya Yamaguchi, Takashi Sayama, Hiroko Sasama, Hiroyuki Yamazaki, Tomoaki Miyoshi, Yoshinori Tanaka, Masao Ishimoto	Crop Sci	54(6)	2461 – 2468	2014	11
9	②	京都大学	Flavonoids in plant rhizospheres: secretion, fate and their effects on biological communication	Sugiyama A, Yazaki K	Plant Biotechnology	31(5)	431–443	2014	12
10	①	北海道大学、他	A recessive allele for delayed flowering at the soybean maturity locus E9 is a leaky allele of FT2a, a FLOWERING LOCUS T ortholog,	C. Zhao, R. Takeshima, J. Zhu, M. Xu, M. Sato, S. Watanabe, A. Kanazawa, B. Liu, F. Kong, T. Yamada and J. Abe	BMC Plant Biology	16	20	2015	
11	①	北海道大学、他	A Single-Nucleotide Polymorphism in an Endo-1,4-β-Glucanase Gene Controls Seed Coat Permeability in Soybean.	Seong-Jin Jang, Masako Sato, Kei Sato, Yutaka Jitsuyama, Kaiken Fujino, Haruhide Mori, Ryoji Takahashi, Eduardo R. Benitez, Baohui Liu, Tetsuya Yamada, Jun Abe	PLOSone	10(6)	e0128527	2015	

12	②	京都大学	Do soybeans select specific species of Bradyrhizobium during growth?	Sugiyama, A., Ueda, K., Takase, H., Yazaki, K.	Communicative & Integrative Biology	8(1)	e992-734	2015	1
13	①	東京農工大学	Peribacteroid solution of soybean root nodules partly induces genomic loci for differentiation into bacteroids of free-living Bradyrhizobium japonicum cells	Naoko Ohkama-Ohtsu, Sachiko Ichida, Hiroko Yamaya, Takuji Ohwada, Manabu Itakura, Yoshino Hara, Hisayuki Mitsui, Takakazu Kaneko, Satoshi Tabata, Kouhei Tejima, Kazuhiko Saeki, Hirofumi Omori, Makoto Hayashi, Takaki Maekawa, Rutchadaporn Sriprang, Yoshika	Soil Sci. Plant Nutr.	61(3)	461-470	2015	1
14	①	東北大学	Symbiosis island shuffling with abundant insertion sequences in the genomes of extra-slow-growing strains of soybean bradyrhizobia	Takayuki Iida, Manabu Itakura, Mizue Anda, Masayuki Sugawara, Tsuyoshi Isawa, Takashi Okubo, Shusei Sato, Kaori Chiba-Kakizaki, and Kiwamu Minamisawa	Appl. Environ. Microbiol.	81(12)	4143-4154	2015	6
15	①	岡山大学、九州沖縄農業研究センター、沖縄県農業研究センター	Construction of a linkage map based on retrotransposon insertion polymorphisms in sweetpotato via high-throughput sequencing	Y. Monden, T. Hara, Y. Okada, O. Jahana, A. Kobayashi, H. Tabuchi, S. Onaga, M. Tahara	Breed Sci	65(2)	145-153	2015	3
16	①	京都大学、東北農業研究センター、農業生物	Stability Verification of the Effects of Stem Determination and Earliness of Flowering on Green Stem Disorder of Soybean against Genetic Background and Environment	Kenichiro Fujii, Shin Kato, Takashi Sayama, Yu Tanaka, Tetsuya Nakazaki, Masao Ishimoto, Tatsuhiko Shiraiwa	Plant Prod Sci	18(2)	166-179	2015	3
17	①	九州沖縄農業研究センター、他	Field assessment of resistance QTL to common cutworm in soybean	Oki N, Komatsu K, Takahashi M, Takahashi M, Kono Y, Ishimoto M	Crop Sci	55(2)	624-630	2015	3

18	①	東北農業研究センター、農業生物資源研究所、他	Seed yield and its components of indeterminate and determinate lines in recombinant inbred lines of soybean	S. Kato, K. Fujii, S. Yumoto, M. Ishimoto, T. Shiraiwa, T. Sayama, A. Kikuchi, T. Nishio	Breed Sci	65(2)	154-160	2015	3
19	①	道総研十勝農業試験場、弘前大学、農業生物資源研	Early-Maturing and Chilling-Tolerant Soybean Lines Derived from Crosses between Japanese and Polish Cultivars	Naoya Yamaguchi, Hideki Kurosaki, Masao Ishimoto, Michio Kawasaki, Mineo Senda, Tomoaki Miyoshi	Plant Prod Sci	18(2)	234-239	2015	3
20	②	長崎県農林技術開発センター、北海道農業研究センター	Challenges of breeding potato cultivars to grow in various environments and to meet different demands	K. Mori, K. Asano, S. Tamiya, T. Nakao, M. Mori	Breed Sci	65(1)	3-16	2015	3
21	①	北海道大学、他	A Single-Nucleotide Polymorphism in an Endo-1,4-beta-Glucanase Gene Controls Seed Coat Permeability in Soybean	S. J. Jang, M. Sato, K. Sato, Y. Jitsuyama, K. Fujino, H. Mori, R. Takahashi, E. R. Benitez, B. Liu, T. Yamada, J. Abe	PLoS One	10(6)	e0128527	2015	6
22	①	農業生物資源研究所、他	The Glycine max cv. Enrei Genome for Improvement of Japanese Soybean Cultivars	M. Shimomura, H. Kanamori, S. Komatsu, N. Namiki, Y. Mukai, K. Kurita, K. Kamatsuki, H. Ikawa, R. Yano, M. Ishimoto, A. Kaga, Y. Katayose	Int J Genomics	2015	3581-27	2015	7
23	①	道総研十勝農業試験場、弘前大学	Quantitative Trait Loci Associated with Tolerance to Seed Cracking under Chilling Temperatures in Soybean	Yamaguchi N, Taguchi-Shiobara F, Sayama T, Miyoshi T, Kawasaki M, Ishimoto M, Senda M	Crop Sci	55(2)	2100-2107	2015	8
24	①	京都大学	Developmental and nutritional regulation of isoflavone secretion from soybean roots.	Sugiyama, A., Yamazaki, Y., Yamashita, K., Takahashi, S., Nakayama, T., Yazaki, K.	Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry	80(1)	89-94	2016	1

25	②	北海道農業研究センター	Breeding of Pest and Disease Resistant Potato Cultivars in Japan by Using Classical and Molecular Approaches	Kenji Asano, Seiji Tamiya	Japan Agricultural Research Quarterly	50(1)	1-6	2016	1
26	①	京大、かずさDNA研、農研機構、新潟薬科大、石川県立大	Assembly of the draft genome of buckwheat and its applications in identifying agronomically useful genes	Yasuo Yasui, Hideki Hirakawa, Mariko Ueno, Katsuhiko Matsui, Tomoyuki Katsube-Tanaka, Soo Jung Yang, Jotaro Aii, Shingo Sato, Masashi Mori	DNA RESEARCH	23(3)	215-224	2016	3
27	①	京都大学、他	Factors underlying genotypic differences in the induction of photosynthesis in soybean [<i>Glycine max</i> (L.) Merr]	M. A. Soleh, Y. Tanaka, Y. Nomoto, Y. Iwahashi, K. Nakashima, Y. Fukuda, S. P. Long, T. Shiraiwa	Plant Cell Environ	39(3)	685-693	2016	3
28	①	北海道大学、他	A soybean quantitative trait locus that promotes flowering under long days is FT5a, a FLOWERING LOCUS T ortholog.	Takehisa R, T Hayashi, J Zhu, C Zhao, M Xu, N Yamaguchi, T Sayama, M Ishimoto, L Kong, X Shi, B Liu, Z Tian, T Yamada, F Kong, J Abe	J Exp Bot	67(17)	5247-5258	2016	7
29	①	弘前大学、十勝農試	Accumulation of proanthocyanidins and/or lignin deposition in buff-pigmented soybean seed coats may lead to frequent defective cracking	Mineo Senda, Naoya Yamaguchi, Miho Hiraoka, Satoshi Kawada, Ryota Iiyoshi, Tomonori Sonoki, Hayato Maeda, Michio Kawasaki	Planta		in press	2016	12
30	①	九州大学、農研機構、他	Mapping quantitative trait loci for root development under hypoxia conditions in soybean (<i>Glycine max</i> L. Merr.)	L. V. Nguyen, R. Takahashi, S. M. Githiri, T. O. Rodriguez, N. Tsutsumi, S. Kajihara, T. Sayama, M. Ishimoto, K. Harada, K. Suematsu, T. Abiko, T. Mochizuki	Theor Appl Genet		Online first	2017	
31	①	農研機構、兵庫県立農林水産技術総合センター	Evaluation of resistance to <i>Phytophthora sojae</i> in soybean mini core collections using an improved assay system	Chang-Jie Jiang, Shoji Sugano, Akito Kaga, Sung Shin Lee, Takuma Sugimoto, Mami Takahashi, Masao Ishimoto	Phytopathology	107(2)	216-223	2017	2

32	①	九州大学大学院農学研究院	Mapping quantitative trait loci for root development under hypoxia conditions in soybean (<i>Glycine max</i> L. Merr.)	Van Nguyen L, Takahashi R, Githiri SM, Rodriguez TO, Tsutsumi N, Kajihara S, Sayama T, Ishimoto M, Harada K, Suematsu K, Abiko T, Mochizuki T.	Theor Appl Genet.	130(4)	743-755	####	4
33	①	佐賀大学	Identification of quantitative trait loci for flowering time by a combination of restriction site-associated DNA sequencing and bulked segregant analysis in soybean.	Watanabe, S., C. Tsukamoto, T. Oshita, T. Yamada, T. Anai, and A. Kaga	Breeding Science	67(3)	277-285	####	6
34	①	九州大学大学院農学研究院	Phenotypic variation in root development of 162 soybean accessions under hypoxia condition at the seedling stage	SUEMATSU, K., T. ABIKO, V. L. NGUYEN and T. MOCHIZUKI	Plant Production Science	20(3)	323-335	####	7
35	①	九州沖縄農業研究センター、岡山大学、龍谷大学	Southern root-knot nematode race SP6 is divided into two races.	H. Tabuchi, T. Kuranouchi, A. Kobayashi, Y. Monden, K. Kishimoto, M. Tahara, Y. Okada and H. Iwahori	Nematol. Res.		in press	####	7
36	①	九州沖縄農業研究センター、次世代作物開発研究センター、他	QTL mapping of antixenosis resistance to common cutworm (<i>Spodoptera litura</i> Fabricius) in wild soybean (<i>Glycine soja</i>)	Nobuhiko Oki, Akito Kaga, Takehiko Shimizu Masakazu Takahashi, Yuhi Kono and Motoki Takahashi	PLOS ONE	12(12)	e0189440	####	12
37	①	十勝農試	Screening for chilling-tolerant soybeans at the flowering stage using a seed yield- and maturity-based evaluation method	Naoya Yamaguchi, Shizen Ohnishi, Tomoaki Miyoshi	Crop Science	58(1)	312-320	####	1
38	①	農研機構 次世代作物開発研究センター、茨城県農業総合センター	Identification and dissection of single seed weight QTLs by analysis of seed yield components in soybean.	Fujii K, Sayama T, Takagi T, Kosuge K, Okano K, Kaga A, Ishimoto M.	Breeding Science	68(2)	印刷中	####	3

(2)学会等発表(口頭またはポスター)

整理番号	タイトル	発表者名	機関名	学会等名	発行年	発行月
1	ダイズの発芽時冠水耐性における種皮アリューロン層の役割	佐藤圭, 張聖珍, 佐藤雅子, 山田哲也, 実山豊, 阿部純	北海道大学	日本育種学会・日本作物学会・北海道談話会	2013	1
2	ダイズ根粒PBS溶液が根粒菌に誘導する共生窒素固定反応のcDNAマイクロアレイ法による評価	横山正, 小林究, 永田真紀, 大津直子, 鈴木章弘, 穴井豊昭	東京農工大学, 佐賀大学	日本土壌微生物学会2013年度大会講演要旨集	2013	6
3	ダイズ根粒菌B.japonicum USDA110株由来のblr7984遺伝子破壊株の形質調査及び遺伝子発現解析	本間春菜, 大津直子, 古崎利紀, 石井一夫, 横山正	東京農工大学	日本土壌微生物学会2013年度大会講演要旨集	2013	6
4	山形県におけるダイズ連作による収量低下と根粒に内生する非共生土壌細菌感染率	田澤純子, 浅野目謙之, 大脇良成, 南澤究, 横山正, 吉川正巳	東京農工大学, 他	日本土壌微生物学会2013年度大会講演要旨集	2013	6
5	ダイズの初生葉を対象とした迅速な葉温フェノタイピングの可能性	田中佑, 福田泰子, 白岩立彦	京都大学	日本作物学会第236回講演会 日本作物学会紀事第	2013	9
6	日米ダイズ品種の子実肥大期間における乾物動態の解析	川崎洋平, Rajen Bajgain, 河村久紀, 桂圭佑, 田中佑, 白岩立彦	京都大学	日本作物学会第236回講演会 日本作物学会紀事第	2013	9
7	日米ダイズ品種間の組換え自殖系統における粒大変異	福田泰子, 藤井健一朗, 白岩立彦	京都大学	日本作物学会第236回講演会 日本作物学会紀事第	2013	9

8	Changes in rhizosphere bacterial community of soybean during the development in the field	Akifumi Sugiyama, Takahiro Zushi, Yoshikatsu Ueda, Hisabumi Takase, Kazufumi Yazaki	京都大学	18th International Congress on Nitrogen Fixation	2013	10
9	Development of soybean genome resources at NIAS	Kaga A, Katayose Y, Sayama T, Watanabe S, Ishimoto M	農業生物資源研究所	18th International Congress on Nitrogen Fixation	2013	10
10	New technology to promote nodulation and nitrogen fixation in leguminous crops	Takuji Ohyama, Shinji Ishikawa, Norikuni Ohtake, Kuni Sueyoshi, Yoshihiko Takahashi, Yoshifumi Magumo, Takashi Sato, Tadashi Yokoyama, Kaushal Tewari	東京農工大学	18th International Congress on Nitrogen Fixation Program&Abstract s	2013	10
11	Transcriptional analysis o an in vitro nitrogen fixation reaction induced by free living bacterial cells of B.japonicum USDA110 with symbiosome solution of soybean root nodules	Tadashi Yokoyama, Kiwamu Kobayashi, Seishi Komatsu, Maki Nagata, Naoko Ohkama- Ohtsu, Akihiro Suzuki, Toyoaki Anai	東京農工大学	18th International Congress on Nitrogen Fixation Program&Abstract s	2013	10
12	Transcriptomic analysis of mechanisms causing high growth speed and sustained high nitrogen fixation activity in the blr7984 gene knockout mutant of Bradyrhizobium japonicum USDA110	Naoko Ohtsu, Haruna Honma, Toshinori Kozaki, Kazuo Ishii, Maki Nagata, Akihiro Suzuki, Tadashi Yokoyama	東京農工大学	18th International Congress on Nitrogen Fixation Program & Abstracts	2013	10

13	納豆用のダイズ品種は一莢内粒数を増やす遺伝子を持っている	佐山貴司, 高木恭子, 小菅一真, 岡野克紀, 小松邦彦, 笹間博子, 山口直矢, 鈴木千賀, 加賀秋人, 石本政男	農業生物資源研究所, 北海道農業研究センター, 地方独立行政法人北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	育種学研究	2013	10
14	High-throughput phenotyping of the leaf transpiration at the primary leaf in soybean [Glycine max. (L.) Merr.]	Yu Tanaka, Yasuko Fukuda, Keiichiro Nakashima, Tatsuhiko Shiraiwa	京都大学	ASA-CSSA-SSSA, International Annual Meetings 2013	2013	11
15	Variation of leaf gas exchange capacity and morphological character of leaf in soybean [Glycine max (L.) Merr.] recombinant inbred lines	Yasuko Fukuda, Yu Tanaka, Kenichiro Fujii, Keisuke Katsura, Tetsuya Nakazaki, Tatsuhiko Shiraiwa	京都大学	ASA-CSSA-SSSA, International Annual Meetings 2013	2013	11
16	バレイショ育種における効率的なDNAマーカーの利用と育種素材作り	森一幸	長崎県農林技術開発センター	次世代バレイショセミナー	2013	11
17	ダイズの莢の中の種子数を遺伝的に制御する	佐山貴司, 高木恭子, 小菅一真, 岡野克紀, 小松邦彦, 笹間博子, 山口直矢, 加賀秋人, 石本政男	農業生物資源研究所, 北海道農業研究センター, 道総研 十勝農業試験場	第34回種子生理生化学研究会	2013	12
18	バレイショ重要病害虫の抵抗性遺伝子を選抜するDNAマーカーの開発及びそれら利用した育種素材の開発	森一幸	長崎県農林技術開発センター	いも類研究会	2013	12
19	ユキホマレ低温裂開粒における種皮の組織化学的解析	平岡未帆, 川戸歩美, 山口直矢, 川崎通夫, 千田峰生	道総研 十勝農業試験場, 弘前大学	平成25年度 日本育種学会・日本作物学会 北海道談話会	2013	12
20	ダイズが黄色くなる機構と低温による品質低下との関連 -低温着色と低温裂開について-	千田峰生	弘前大学	市民公開シンポジウム「植物遺伝子科学の進歩と品種改良への新たな展開」	2014	3

21	ダイズの硬実性を支配する遺伝子の種皮形成における役割.	張聖珍, 佐藤昌子, 高橋良二, 劉宝輝, 山田哲也, 阿部純	北海道大学, その他	日本育種学科大1 25回講演会講演 要旨集 育種学研 究	2014	3
22	ダイズの種皮アリューロン層の発芽時冠水耐性における役割と 形態的特徴.	佐藤圭, 張聖珍, 佐 藤雅子, 山田哲也, 実山豊, 阿部純	北海道大学	日本育種学会第1 25回講演会 講演 要旨集 育種学研 究	2014	3
23	ダイズの低温着色抵抗性マーカーを利用した低温裂開抵抗性系 統の選抜	山口直矢, 千田峰 生, 山下陽子, 品田 博史, 石本政男, 三 好智明	地方独立行政法人北海道立 総合研究機構 十勝農業試 験場, 弘前大学, 地方独立行 政法人北海道立総合研究機 構 中央農業試験場, 農業生 物資源研究所	日本育種学会第 125回講演会 講 演要旨集育種学研 究	2014	3
24	ダイズ種子重のQTLは種子や葉の形態に影響を与えるか	佐山貴司, 七夕高 也, 高木恭子, 小菅 一真, 岡野克紀, 笹 間博子, 加賀秋人, 石本政男	農業生物資源研究所, 理化学 研究所	日本育種学会第 125回講演会 育 種学研究	2014	3
25	ダイズ低温裂開抵抗性および感受性品種における種皮の組織 化学的解析	平岡未帆, 川戸歩 美, 山口直矢, 川崎 通夫, 千田峰生	道総研 十勝農業試験場, 弘 前大学	日本育種学会第 125回講演会 講 演要旨集育種学研 究	2014	3
26	ダイズ低温裂開抵抗性品種由来の種皮着色突然変異体に見出 された裂開粒率の大幅な上昇	千田峰生, 平岡未 帆, 川戸歩美, 川崎 通夫, 山口直矢	弘前大学, 道総研 十勝農業 試験場	日本育種学会第 125回講演会 講 演要旨集育種学研 究	2014	3
27	ダイズ品種の分枝可塑性の評価法一栽植密度に傾斜をつけた 畦による簡易評価法の検討	尾崎 徳宏, 義平 大 樹, 阿古 達木, 鈴 木 暖佳, 白岩 立 彦, 小阪 進一	酪農学園大学, 京都大学	第237回日本作物 学会講演会 日本 作物学会紀事第	2014	3
28	ダイズ品種の分枝可塑性の評価法一年次間差異とその要因を 考慮した評価法の検討	阿古 達木, 義平 大 樹, 小阪 進一, 白 岩 立彦	京都大学, 酪農学園大学	第237回日本作物 学会講演会 日本 作物学会紀事第	2014	3

29	次世代シーケンスを用いた活動型レトロトランスポゾンの挿入多型解析によるサツマイモ連鎖地図作成	原拓也, 門田有希, 岡田吉弘, 謝花治, 小林晃, 田淵宏朗, 田原誠	岡山大学, 九州沖縄農業研究センター, 沖縄県農業研究センター	日本育種学会第125回講演会	2014	3
30	突然の強光照射に対するダイズ個葉の光合成誘導反応の品種間差異	Mochamad Arief Soleh, 田中 佑, 白岩 立彦	京都大学	第237回日本作物学会講演会 日本作物学会紀事第	2014	3
31	Molecular community analysis for unraveling plant-microbes interactions in arable lands	池田成志, 南澤 究	北海道農業研究センター, 東北大学	The 6th East Asian Federation of Ecological Societies	2014	4
32	Evaluation of resistance to Phytophthora sojae in the soybean mini core collections using a newly developed assay system.	Jiang C-J, Kaga A, Sugano S, Lee S.S, Sugimoto T, Takahashi M, Ishimoto M	農業生物資源研究所	XVI International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions	2014	7
33	Infectivity of Potato virus Y (PVY) to potato cultivars having extreme resistance genes	Takehiro Ohki, Kenji Asano, Kazuyoshi Hosaka, Toshiya Igarashi, Tetsuji Ogawa, Kazusato Ohshima, Tetsuo Maoka	北海道農業研究センター	XVIth International Congress of Virology on Montreal	2014	7
34	Responses of two Spodoptera litura strains to the different soybean strains	K. Kadono-Okuda, A. Jouraku, M. Kihara-Yamamoto, K. Konno, K. Yamamoto, N. Oki	農業生物資源研究所, 九州沖縄農業研究センター	Seventh International Symposium on Molecular Insect Science, Book of Abstracts	2014	7
35	Transcriptome analysis of the common cutworm (Spodoptera litura) feeding on different soybean lines using RNA-seq data	A. Jouraku, K. Kadono-Okuda, N. Oki, M. Kihara-Yamamoto, K. Yamamoto	農業生物資源研究所, 九州沖縄農業研究センター	Seventh International Symposium on Molecular Insect Science, Book of Abstracts	2014	7

36	連作したダイズの収量と根共生細菌の多様性	鶴丸 博人, 板倉学, 大久保卓, 柿崎 芳里, 浅野目 謙之, 石川 伸二, 會田 浩基, 大山 卓爾, 池田 成志, 南澤 究	北海道農業研究センター, 東北大学	土壌肥料学会東北支部会平成26年度仙台大会	2014	7
37	A major and stable QTL associated with seed weight in soybean across multiple environments and genetic backgrounds	Kato S, Sayama T, Fujii K, Kikuchi A, Shiraiwa T, Ishimoto M	東北農業研究センター, 農業生物資源研究所	Molecular and Cellular Biology of the Soybean 15th Biennial Conference	2014	8
38	ダイズの生育過程におけるフラボノイド分泌の変動	杉山暁史, 山崎由実, 山下和晃, 矢崎一史	京都大学	第32回日本植物細胞分子生物学会	2014	8
39	シンポジウム招待講演「植物共生科学の新展開と農学研究のパラダイムシフト」	池田成志, 南澤 究	北海道農業研究センター, 東北大学	平成26年度生物工学会大会シンポジウム	2014	9
40	ダイズにおける新規開花期関連遺伝子の探索	渡邊啓史, 山田哲也, 穴井豊昭, 石本政男, 加賀秋人	佐賀大学, 北海道大学, 他	第126回日本育種学会講演会 講演要旨集 育種学研究	2014	9
41	ダイズの生育過程における根のフラボノイド及び根圏微生物叢の変動	杉山暁史, 上田義勝, 小野愛, 吉川正巳, 高瀬尚文, 矢崎一史	京都大学, 京都府農林水産技術センター	植物微生物研究会第24回研究交流会	2014	9
42	ダイズ品種間における光合成誘導反応の差異をもたらす生理的要因について 日作紀84(別1):60	田中 佑, 岩橋 優, Mochamad Arief Soleh, 白岩 立彦, Stephen P. Long	京都大学	日本作物学会第238回 講演会要旨集	2014	9
43	共生窒素固定を促進するダイズ根粒菌III型分泌系エフェクター	鈴木 悠太, Cristina Sanchez, 柿崎 芳里, 佐藤 修正, 金子 貴一, 南澤 究	東北大学	第24回植物微生物研究交流会	2014	9

44	共生窒素固定を促進するダイズ根粒菌III型分泌系エフェクター	鈴木 悠太, Cristina Sanchez, 柿崎 芳里, 佐藤 修正, 金子 貴一, 南澤 究	東北大学	日本土壌肥料学会 2014年度東京大会	2014	9
45	菌根菌応答率を評価するダイズ栽培法の構築	今泉(安楽)温子	農業生物資源研究所	第24回植物微生物 研究交流会	2014	9
46	次世代シーケンスを利用したサツマイモにおける品種間挿入多型を示す新規レトロトランスポゾンのスクリーニング	今井佑美, 門田有希, 岡田吉弘, 謝花治, 小林晃, 田淵宏朗, 田原誠	岡山大学, 九州沖縄農業研究センター, 沖縄県農業研究センター	日本育種学会第 126回講演会	2014	9
47	圃場で生育したダイズにおけるフラボノイドの解析	山崎由実, 杉山暁史, 高瀬尚文, 矢崎一史	京都大学	植物微生物研究会 第24回研究交流会	2014	9
48	圃場条件下でのダイズ根粒菌の多様性に対するRj遺伝子型の影響評価	池田成志, 海野佑介, 城 惣吉, 信濃卓郎, 南澤 究, 佐伯雄一	北海道農業研究センター, 東北大学	2014年度土壌肥料 学会大会	2014	9
49	Importance of multiplex genotypes in potato breeding and their rapid selection by quantitative real-time PCR	Kenji Asano	北海道農業研究センター	7th Crop Science Seminar in East Asia 2014, Book of Abstracts	2014	10
50	PVY抵抗性ジャガイモ品種「コナフブキ」でのえそ斑形成と全身移行に対する温度の影響	大木健広, 浅野賢治, 中山尊登, 眞岡哲夫	北海道農業研究センター	平成26年度日本植 物病理学会北海道 部会	2014	10
51	Rj2不和合性を起こすエフェクターの探索	岩野 裕也, 鈴木 悠太, Cristina Sanchez, 柿崎 芳里, 佐藤 修正, 金子 貴一, 南澤 究	東北大学	環境微生物系学会 合同大会2014	2014	10

52	ダイズのRj遺伝子型が共生細菌群集構造に与える影響の評価	海野佑介, 城 惣吉, 信濃卓郎, 南澤 究, 佐伯雄一, 池田成志	東北大学, 北海道農業研究センター	環境微生物系学会合同大会2014	2014	10
53	根圏微生物がダイズ根粒着生数に与える影響に関して	横山 正, 中村紘之, 大津直子	東京農工大学	環境微生物系学会合同大会2014	2014	10
54	A novel method for screening retrotransposons that show high insertion polymorphism among sweet potato cultivars via high-throughput sequencing platform.	今井佑美, 門田有希, 岡田吉弘, 謝花治, 小林晃, 田淵宏明, 田原誠	岡山大学, 九州沖縄農業研究センター, 沖縄県農業研究センター	農研機構シンポジウム「東アジア地域におけるサツマイモ研究の新時代」	2014	11
55	Development of rapid estimation method of multiplex genotypes for disease resistance genes in potato	Kenji Asano	北海道農業研究センター	Potato Research Workshop in Obihiro	2014	11
56	Dry matter production and nitrogen utilization of high yielding soybean cultivars	Y. Kawasaki, Y. Tanaka, K. Katsura, T. Shiraiwa	京都大学	ASA, CSSA, SSSA International Annual Meeting, 2014, Nov.2-5, Long beach, CA	2014	11
57	Innovations of NGS (Next-Generation Sequencer) applications on retrotransposon analyses created distinctive genetic methods for sweet potato.	田原誠, 門田有希	岡山大学	農研機構シンポジウム「東アジア地域におけるサツマイモ研究の新時代」	2014	11
58	RNA-seqによるハスモンヨトウ抵抗性大豆摂食後におけるハスモンヨトウの発現遺伝子解析	上樂 明也, 門野 敬子, 大木信彦, 山本公子, 木原 眞実	農業生物資源研究所, 九州沖縄農業研究センター	第37回日本分子生物学会年会 講演要旨集	2014	11
59	ダイズ根からのフラボノイドの分泌と根圏での運命	杉山暁史	京都大学	第3回植物二次代謝フロンティアシンポジウム	2014	11
60	嫌気条件下におけるダイズ品種タチナガハと伊豫大豆の主根の破生細胞間隙形成パターンの解析	藤本周平, 高橋宏和, 望月俊宏, 高橋良二, 中園幹生	九州大学, 名古屋大学	第22回育種学会中部地区談話会	2014	11

61	病害虫抵抗性遺伝子数の迅速推定法の開発	浅野賢治	北海道農業研究センター	2014年度次世代バレイショセミナー	2014	11
62	サツマイモネコブセンチュウ抵抗性遺伝子の同定に向けた連鎖地図の構築	岸本和樹, 門田有希, 岡田吉弘, 謝花治, 小林晃, 田淵宏明, 田原誠	岡山大学, 九州沖縄農業研究センター, 沖縄県農業研究センター	中国育種談話会 (2014年12月)	2014	12
63	異なる遺伝的背景及び栽培環境において安定な種子粒重のQTLqSW17-1	加藤信	東北農業研究センター	平成26年度秋田育種談話会	2014	12
64	次世代シーケンスを利用したサツマイモにおける品種間挿入多型を示す新規レトロトランスポゾンのスクリーニング	今井佑美, 門田有希, 岡田吉弘, 謝花治, 小林晃, 田淵宏明, 田原誠	岡山大学, 九州沖縄農業研究センター, 沖縄県農業研究センター	中国育種談話会 (2014年12月)	2014	12
65	圃場環境下でのダイズと根圏微生物の相互作用	杉山暁史	京都大学	関西土壌肥料協議会講演会	2014	12
66	Detection of the genetic factors affecting the number of seeds per pod in soybean	Komatsu K, Sayama T, Fujii K, Yano R, Hirose A, Takahashi M, Ishimoto M	農業生物資源研究所	Plant & Animal Genome XXIII Conference	2015	1
67	DNAマーカーの利用によるジャガイモYウイルス抵抗性遺伝子Rychcを二重式に有するバレイショ系統「愛系230」の育成	森一幸, 松尾祐輝	長崎県農林技術開発センター	いも類研究会	2015	1
68	Identification of QTLs for single seed weight and their relationships to other seed yield components in soybean	Fujii K, Sayama T, Takagi K, Kosuge K, Okano K, Komatsu K, Yamaguchi N, Suzuki C, Kaga A, Ishimoto M	農業生物資源研究所, 地方独立行政法人北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	Plant & Animal Genome XXIII Conference	2015	1

69	ダイズの開花早晚性を規定するqDsf1 のファインマッピング	竹島 亮馬, 山口 直矢, 佐山 貴司, 石本 政男, 渡邊 啓史, 山田 哲也, 阿部 純	佐賀大学, 北海道大学, 他	日本育種学会第127回講演会 講演要旨集 育種学研究	2015	3
70	ダイズの群落生産機能の品種間差異および環境応答に関する研究	白岩 立彦	京都大学	第239回日本作物学会講演会 日本作物学会紀事第	2015	3
71	ダイズの栽植密度に対する分枝可塑性の簡易評価 茎伸育性の異なる品種系統を用いた摘心による推定の試み	鈴木 暖佳, 義平 大樹, 白岩 立彦	酪農学園大学, 京都大学	第239回日本作物学会講演会 日本作物学会紀事第	2015	3
72	ダイズミニコアコレクションにおける幼苗期嫌気耐性の品種・系統間差異	末松 恵祐, 望月 俊宏	九州大学	日本作物学会講演会第239回講演会要旨集	2015	3
73	ダイズ低温裂開を引き起こす低温処理開始時期についての検討	千田 峰生, 平岡 未帆, 山口 直矢	弘前大学, 道総研 十勝農業試験場	日本育種学会第127回講演会	2015	3
74	ダイズ低温裂開抵抗性の遺伝解析	山口 直矢	地方独立行政法人北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	第8回ダイズ研究会	2015	3
75	ポーランドのダイズ品種を用いた早生耐冷性系統の開発と早生に關与するゲノム領域の推定	山口 直矢, 黒崎 英樹, 青山 聡, 石本 政男, 三好 智明, 千田 峰生	地方独立行政法人北海道立総合研究機構 十勝農業試験場, 地方独立行政法人北海道立総合研究機構北見農業試験場, 農業生物資源研究所, 弘前大学	日本育種学会第127回講演会	2015	3
76	リーフパンチを利用したダイズ個葉における炭素安定同位体の簡易分析法の検討	福田 泰子, 片山 寛斗, 田中 佑, 白岩 立彦	京都大学	第239回日本作物学会講演会 日本作物学会紀事第	2015	3

77	嫌気条件下におけるダイズ幼苗の根系形成に関する量的形質遺伝子座解析	田端倫大, 堤伸子, 坂園聡美, 永田敬文, 佐藤良介, 松尾理華, 梶原さゆり, 佐山貴司, 石本政男, 原田久也, 望月俊宏	九州大学, 他	日本作物学会講演会第239回講演会要旨集	2015	3
78	2015)ダイズの収量構成要素関連QTLの特徴とシンクサイズ向上への試み	藤井健一朗, 加藤信, 小松邦彦, 佐山貴司, 高木恭子, 矢野亮一, 小菅一真, 岡野克紀, 池田千亜紀, 高橋将一, 大木信彦, 加賀秋人, 石本政男	東北農業研究センター, 農業生物資源研究所	日本育種学会第128回講演会 講演要旨集 育種学研究	2015	9
79	DNAマーカーの利用によるジャガイモYウイルス抵抗性遺伝子Rychcを二重式に有するバレイショ系統「愛系230」の育成	森一幸, 松尾祐輝, 渡邊亘	長崎県農林技術開発センター	日本育種学会第128回講演会	2015	9
80	サツマイモネコブセンチュウ抵抗性遺伝子の同定に向けた連鎖解析	岸本 和樹, 笹井 瑠美, 門田 有希, 岡田 吉弘, 田淵 宏朗, 小林 晃, 謝花 治, 翁長彰子, 磯部 祥子, 平川 英樹, 白澤 健太, 田原 誠	岡山大学, 九州沖縄農業研究センター, 沖縄県農業研究センター	日本育種学会第128回講演会	2015	9
81	サツマイモ品種「ジェイレッド」におけるサツマイモネコブセンチュウ抵抗性についての遺伝解析	田淵宏朗, 小林晃, 門田有希, 謝花治, 翁長彰子, 岸本和樹, 田原誠, 岡田吉弘	九州沖縄農業研究センター, 沖縄県農業研究センター, 岡山大学	日本線虫学会大会	2015	9
82	サツマイモ立枯病抵抗性遺伝資源のスクリーニング	小林晃, 小林有紀, 岡田吉弘, 吉田政博, 境哲文, 甲斐由美, 高畑康浩	九州沖縄農業研究センター	日本育種学会第128回講演会	2015	9

83	ハスモンヨトウの発現遺伝子解析:ハスモンヨトウ抵抗性ダイズの影響	門野敬子, 木原眞実, 行弘文字, 上樂明也, 山本公子, 大木信彦	農業生物資源研究所, 九州沖縄農業研究センター	蚕糸・昆虫機能利用学術講演会日本蚕糸学会第85会大会 講演要旨集	2015	9
84	嫌気条件下におけるダイズ品種タチナガハと伊豫大豆の根系発達の種類間差の解析	藤本周平, 高橋宏和, 望月俊宏, 高橋良二, 中園幹生	九州大学, 名古屋大学	第23回育種学会中部 地区談話会	2015	11
85	暖地二期作におけるPVY抵抗性育種と方向性	森一幸, 松尾祐輝	長崎県農林技術開発センター	2015年度次世代バレイショセミナー	2015	11
86	ダイズの開花期に関わるJ連鎖群QTLのファインマッピングと候補遺伝子の解析	竹島亮馬, 朱江慧, 山口直矢, 佐山貴司, 石本政男, 渡邊啓史, 孔凡江, 山田哲也, 阿部純	佐賀大学, 北海道大学, 他	日本育種学会北海道談話会	2015	12
87	ダイズ低温裂開抵抗性に関与するQTLについての研究ー準同質遺伝子系統を用いた種皮プロアントシアニン蓄積の比較ー	山下一騎, 山口直矢, 川崎通夫, 千田峰生	地方独立行政法人北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	平成27年度日本育種学会・日本作物学会 北海道談話会	2015	12
88	黄ダイズおよびその種皮着色突然変異体における種皮プロアントシアニンの定量比較	川田聡, 前多隼人, 山口直矢, 千田峰生	地方独立行政法人北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	平成27年度日本育種学会・日本作物学会 北海道談話会	2015	12
89	高密度条件下における長花梗QTLを有したダイズ品種「トヨハルカ」の準同質遺伝子系統の収量および収量関連形質	古熊奎輔, 義平大樹, 山口直矢, 小林聡, 佐山貴司, 石本政男	酪農学園大学, 地方独立行政法人北海道立総合研究機構 十勝農業試験場, 農業生物資源研究所	平成27年度日本育種学会・日本作物学会 北海道談話会	2015	12
90	次世代シーケンス解析データを利用したダイズのDNAマーカーの開発と利用	渡辺啓史, 塚元親晴, 山田哲也, 加賀秋人, 穴井豊昭	佐賀大学, 北海道大学	日本育種学会第128回講演会講演要旨集 育種学学術研究	2015	12
91	QTL analysis for root development related to flooding tolerance in soybean.	Nguyen Van Loc, Ryoji Takahashi, Toshihiro Mochizuki	九州大学, 農研機構	第241回日本作物学会講演会 講演要旨集	2016	3

92	ダイズミニコアコレクションにおける嫌気条件および湛水条件下での根系形成能の比較.	末松恵祐, 望月俊宏	九州大学	第241回日本作物学会講演会 講演要旨集	2016	3
93	ダイズ低温裂開抵抗性に関わるQTLsについての研究. I. 準同質遺伝子系統間における裂開粒率および種皮プロアントシアニン蓄積の比較	山口直矢, 山下一騎, 平岡未帆, 田口文緒, 石本政男, 川崎通夫, 千田峰生	地方独立行政法人北海道立総合研究機構 十勝農業試験場	日本育種学会第129回講演会	2016	3
94	ダイズ品種タチナガハと伊豫大豆を用いた湛水条件下における根系の耐湿性形質の評価.	藤本周平, 高橋宏和, 望月俊宏, 高橋良二, 中園幹生	九州大学, 名古屋大学	日本育種学会第129回講演会	2016	3
95	ダイズ幼苗の嫌気条件下における根の伸長成長と通気組織形成の関係.	古賀雅大, 末松恵祐, 望月俊宏	九州大学	第241回日本作物学会講演会 講演要旨集	2016	3
96	アコースティック・エミッションを利用したダイズ種子の吸水ストレス評価法の開発	寺石政義, 近藤卓也, 西田昌弘, 渡辺祐基, 藤井義久, 奥本裕	京都大学	日本育種学会第130回	2016	9
97	サツマイモネコブセンチュウ (<i>Meloidogyne incognita</i>) 抵抗性遺伝子の同定に向けた高密度連鎖地図の構築	岸本和樹 白澤健太 笹井瑠美 藏本晃栄 磯部祥子 田原誠 岡田吉弘 田淵宏朗 小林晃 門田有希 (岡山大院, 環境生命科学, . かずさDNA研究所, . 京大院農, . 九冲農研)	岡山大院・環境生命科学、かずさDNA研究所、京大院農、九冲農研	日本育種学会第130回講演会	2016	9
98	サツマイモネコブセンチュウレースSP6のサブグループ	田淵宏朗, 小林晃, 門田有希, 岸本和樹, 田原誠, 岡田吉弘, 岩堀英晶	九冲農研・岡山大学・龍谷大学	日本線虫学会第24回大会	2016	9

99	サツマイモ立枯病抵抗性遺伝子の同定に向けた高密度連鎖地図の作成	相川祥胤, 日澤健太, 藏本晃栄, 今井佑美, 磯部祥子, 田原誠, 岡田吉弘, 謝花治, 門田有希 (岡山大学院, 環境生命科学, . かずさDNA研究所, . 京大院農, . 鳥大技術部, . 九沖農研, . 沖縄農研)	岡山大学院・環境生命科学、かずさDNA研究所、京大院農、鳥大技術部、九沖農研、沖縄農研)	日本育種学会第130回講演会	2016	9
100	ダイズの主要開花経路—E1-FT2a/FT5a—制御下にある開花遺伝子群の解析	竹島 亮馬, 朱 江慧, 渡邊 啓史, 孔凡江, 山田 哲也, 阿部 純	北海道大学	日本育種学会第130回講演会 講演要旨集 育種学研究	2016	9
101	ダイズの無限伸育型が一粒重に及ぼす影響	加藤信, 佐山貴司, 石本政男, 西尾剛, 島村聡, 平田香里, 菊池彰夫	農研機構 東北農業研究センター, 農研機構 次世代作物開発研究センター	日本育種学会第130回講演会 育種学研究	2016	9
102	茎伸育型および熟期がダイズ3品種の生育・収量に及ぼす影響	片山 寛斗, 福田 泰子, 田中 佑, 中崎 鉄也, 白岩 立彦	京都大学	日本作物学会第242回講演会	2016	9
103	次世代シーケンサーを利用したダイズ新規開花期関連遺伝子のマッピング	渡邊 啓史, 塚元 親晴, 山田 哲也, 加賀 秋人, 穴井 豊昭	佐賀大学	日本育種学会第130回講演会 講演要旨集 育種学研究	2016	9
104	Construction of a high-density linkage map for identifying root-knot nematode (<i>Meloidogyne incognita</i>) resistance gene in sweetpotato	Kazuki Kishimoto (Okayama Univ.), Kenta Shirasawa (Kazusa DNA Res. Ins.), Rumi Sasai (Okayama Univ.), Akihide Kuramoto (Kyoto Univ.), Sachiko Isobe (Kazusa DNA Res. Ins.), Makoto Tahara (Okayama Univ.), Yoshihiro Okada (KARC, NARO), Hiroaki Tabuchi (KARC,	Okayama Univ., Kazusa DNA Res. Ins., Kyoto Univ., KARC/NARO	7th China-Japan-Korea International Sweetpotato Workshop	2016	10

105	High-density linkage map construction for identifying <i>Streptomyces ipomoeae</i> pathogen resistant gene in sweetpotato.	Yoshikazu Aikawa (Okayama Univ.), Kenta Shirasawa (Kazusa DNA Res. Ins.), Akihide Kuramoto (Kyoto Univ.), Yuki Imai (Tottori Univ.), Sachiko Isobe (Kazusa DNA Res. Ins.), Makoto Tahara (Okayama Univ.), Yoshihiro Okada (KARC, NARO), Osamu Jahana (Okinawa P	Okayama Univ., Kazusa DNA Res. Ins., Kyoto Univ., Tottori Univ., KARC/NARO, Okinawa Pref.	7th China-Japan-Korea International Sweetpotato Workshop	2016	10
106	Rychc遺伝子を持つジャガイモ品種が示すPVY強度抵抗性に対する温度の影響	大木健広, 浅野賢治, 佐野正和, 中山尊登, 眞岡哲夫	農研機構北海道農業研究センター	日本植物病理学会北海道部会	2016	10
107	SNP情報を用いたサツマイモ立枯病抵抗性に関わるゲノム領域の同定	相川祥胤, 白澤健太, 藏本晃栄, 今井佑美, 磯部祥子, 田原誠, 岡田吉弘, 謝花治, 門田有希 (岡山大学院, 環境生命科学, かずさDNA研究所, 京大院農, 鳥大技術部, 九冲農研, 沖縄農研)	岡山大学院・環境生命科学、かずさDNA研究所、京大院農、鳥大技術部、九冲農研、沖縄農研	中国育種談話会	2016	12
108	サツマイモネコブセンチュウ (<i>Meloidogyne incognita</i>) 抵抗性遺伝子の同定に向けた遺伝解析	岸本和樹, 白澤健太, 笹井瑠美, 藏本晃栄, 磯部祥子, 田原誠, 岡田吉弘, 田淵宏朗, 小林晃, 門田有希 (岡山大学院, 環境生命科学, かずさDNA研究所, 京大院農, 九冲農研)	岡山大学院・環境生命科学、かずさDNA研究所、京大院農、九冲農研	中国育種談話会	2016	12

109	NGSを利用したサツマイモにおける高密度連鎖地図の構築	門田有希	岡山大学	平成28年度(第30回)いも類研究会	2016	12
110	Draft genome sequencing of genome of buckwheat (<i>Fagopyrum esculentum</i>) and application for identifying agronomically useful genes	Hideki Hirakawa, Yasui Yasuo, Mariko Ueno, Katsuhiko Matsui, Tomoyuki Katsube-Tanaka, Soo Jung Yang, Jotaro Aii, Shingo Sato, and Masashi Mori	かずさDNA研、京大、九州沖縄農研、新潟大、石川県立大	Plant and Animal Genome 2017 (PAG 2017)	2017	1
111	染色体断片置換系統群 (CSSLs) を用いたダイズの個葉光合成能力に寄与する遺伝的要因の解明	迫田和馬・田中佑・鈴木晴大・加賀秋人・石本政男・白岩立彦	京都大学	日本作物学会第243回講演会講演要旨集	2017	3
112	RNA-seq profiling of soybean near-isogenic lines for root development under hypoxia conditions	Van Loc Nguyen, Keisuke Suematsu, Shuhei Fujimoto, Hirokazu Takahashi, Mikio Nakazono, Eri Ogiso-Tanaka, Masao Ishimoto, Ryoji Takahashi, Tomomi Abiko, Toshihiro Mochizuki	九州大学大学院農学研究院	日本作物学会第243回講演会	2017	3
113	ダイズ幼苗の嫌気条件下での根系発達に関する要因の解析	末松恵祐・グエン ヴァン ロック・古賀雄大・安彦友美・望月俊宏	九州大学大学院農学研究院	日本作物学会第243回講演会	2017	3
114	ダイズ褐色種子の易裂皮性に関する研究	千田峰生、山口直矢、平岡未帆、川田聡、飯吉亮太、山下一騎、園木和典、前多隼人、川崎通夫	弘前大学、十勝農試	日本育種学会第131回講演会	2017	3
115	Perspective for breaking stagnation of soybean yield under the monsoon climate	Tatsuhi Shiraiwa	京都大学	9th Asian Crop Science Conference	2017	6

116	ダイズ種子の冠水時におけるAE発生数と発芽時冠水耐性との関係	近藤卓也・渡辺 祐基・寺石政義・藤井義久・奥本裕	京都大学	近畿作物・育種研究会 第183回例会	2017	6
117	サツマイモネコブセンチュウに対する3種類の抵抗性評価指標の比較	田淵宏朗、小林晃、門田有希、岸本和樹、田原誠、岡田吉弘	九州沖縄農研、岡山大	日本線虫学会第25回大会	2017	9
118	六倍体サツマイモにおけるゲノムワイドな多型情報を利用したネコブセンチュウ抵抗性選抜マーカーの開発	笹井瑠美、岸本和樹、白澤健太、田淵宏朗、岡田吉弘、藏本晃栄、小林晃、磯部祥子、田原誠、門田有希	岡山大、かずさDNA研、九州沖縄農研	日本育種学会第132回講演会	2017	10
119	サツマイモ(2n=6x=90)における高密度連鎖地図を用いたネコブセンチュウ抵抗性関連マーカーの開発	笹井瑠美・田淵宏朗・岸本和樹・白澤健太・岡田吉弘・藏本晃栄・小林晃・磯部祥子・田原誠・門田有希	岡山大、九州沖縄農研、かずさDNA研、京大	第9回中国地域育種談話会	2017	11
120	サツマイモ立枯病抵抗性選抜DNAマーカーの開発	文屋慧亮・相川祥胤・白澤健太・岡田吉弘・謝花治・藏本晃栄・今井佑美・磯部祥子・田原誠・門田有希	岡山大、かずさDNA研、九州沖縄農研、沖繩農研、京大、鳥大	第9回中国地域育種談話会	2017	11
121	ダイズのフロリゲン遺伝子-FT2a-の開花後の生殖生長への影響	針谷康平・竹島亮馬・山田哲也・孔凡江・阿部純	北海道大学	日本育種学会北海道談話会年次講演会	2017	12
122	ソバにおける自家和合性系統とゲノムデータベース利用による高付加価値品種開発の加速化	松井勝弘・安井康夫	農研機構次世代作物開発研究センター、京大	SATテクノロジー・ショーケース2018	2018	2

(3) 出版図書

区分: ①出版著書、②雑誌(注)(1)学術論文に記載したものを除く、重複記載をしない。)、③年報、④広報誌、⑤その他

整理番号	区分	著書名(タイトル)	著者名	機関名	出版社	発行年	発行月
1	②	土と微生物(日本土壌微生物学会誌)(根圏微生物がダイズ根粒着生数に与える影響に関して)	横山 正, 中村紘之, 大津直子	東京農工大学		2014	10

(4) 国内特許権等

整理番号	特許権等の名称	発明者	権利者(出願人等)	機関名	特許権等の種類	番号	出願年月日	取得年月日
1	ポティウイルス抵抗性を有するポリヌクレオチド、タンパク質およびそれらの用途	加賀 秋人、石橋 和夫、清水 武彦、石本 政男、石川 雅之、猿田 正恭	農業・食品産業技術総合研究機構	農業・食品産業技術総合研究機構	特許権	特願2015-056946	2015年3月19日	

(5) 国際特許権等

整理番号	特許権等の名称	発明者	権利者(出願人等)	機関名	特許権等の種類	番号	出願年月日	取得年月日	出願国
1	ポティウイルス抵抗性を有するポリヌクレオチド、タンパク質およびそれらの用途	加賀 秋人、石橋 和夫、清水 武彦、石本 政男、石川 雅之、猿田 正恭	農業生物資源研究所	農業生物資源研究所	特許権	WO2016/148074	2016年3月11日		
1	1に係る共同出願	同上	農業・食品産業技術総合研究機構	農業・食品産業技術総合研究機構	同上	同上	同上		

(6) 報道等

区分: ①プレスリリース、②新聞記事、③テレビ放映、④その他

区分	記事等の名称	掲載紙・放送社名等	掲載年	掲載月	掲載日	機関名	備考
①	ソバの安全性、高品質性、収量安定性の鍵となる遺伝情報の発見		2016			京都大学	

(7) 普及に移しうる成果

区分:①普及に移されたもの、製品化して普及できるもの、②普及のめどがたったもの、製品化して普及のめどがたったもの、③主要成果として外部評価を受けたもの

区分	成果の名称	機関名	普及(製品化) 年月		主な利用場面	普及状況
③	第60回 日本土壌肥料学会賞 (バイオ肥料微生物の特性解明とその利用)	東京農工大学	2014	10		
③	日本育種学会賞(ダイズ種子成分の分子育種に関する研究)	農業生物資源研究所	2015	3		
③	日本作物学会第243回講演会 優秀発表賞(染色体断片置換系統群(CSSLs)を用いたダイズの個葉光合成能力に寄与する遺伝的要因の解明)	京都大学	2017	5		
③	優秀発表賞(サツマイモ(2n=6x=90)における高密度連鎖地図を用いたネコブセンチュウ抵抗性関連マーカーの開発)	岡山大、九州沖縄農研、かずさDNA研、京大	2017	11		

(8) 発表会の主催の状況

(シンポジウム・セミナー等を記載する。)

整理番号	発表会の名称	年月日			開催場所	参加者数	機関名	備考
1	第7回ダイズ研究会	2014	3	7,8	京都大学益川ホール		京都大学	
2	第8回ダイズ研究会	2015	3	6,7	岩手大学農学部		岩手大学	
3	第9回ダイズ研究会	2016	3	10,11	福山市生涯学習プラザ		近畿中国四国農業研究センター	
4	TASUKE for soybean講習会	2016	8	1	筑波産学連携支援センター	24	次世代作物開発研究センター	
5	第10回ダイズ研究会	2017	3	10,11	つくば国際会議場		次世代作物開発研究センター	
6	沖縄県農業研究センターセミナー;かんしょゲノム研究最前線	2017	6	29	沖縄県農業研究センター中会議室	30	九州沖縄農研、岡山大	

(9)アウトリーチ活動の状況

当事業の研究課題におけるアウトリーチ活動の内容は以下のとおり。

区分； ①一般市民向けのシンポジウム、講演会及び公開講座、サイエンスカフェ等、 ②展示会及びフェアへの出展、大学及び研究所等の一般公開への参画、
③その他(子供向け出前授業等)

整理番号	区分	アウトリーチ活動	年月日			開催場所	参加者数	主な参加者	機関名	備考
1	①	生存圏研究所公開講演会「微生物の力でダイズを育てよう」	2014	10	26	京都大学宇治おうばくプラザ きはだホール	130	一般(中高生、社会人等)	京都大学	
2	③	子どもの知的好奇心をくすぐる体験授業「根の周りにおける微生物の世界」	2015	7	9	高の原小学校	70	小学生	京都大学	
3	③	子どもの知的好奇心をくすぐる体験授業「根の周りにおける微生物の世界」	2016	7	8	美濃山小学校	140	小学生	京都大学	
4	③	子どもの知的好奇心をくすぐる体験授業「これからの食料生産を支える微生物」	2016	11	1	桂高校	40	高校生	京都大学	
5	①	第81回 京都大学丸の内セミナー「生存圏を支える微生物 ～根圏微生物の機能を活用した食糧生産～」	2017	4	7	京都大学東京オフィス		一般(中高生、社会人等)	京都大学	