

農林水産研究推進事業委託プロジェクト研究

次世代育種・健康増進プロジェクト研究
「海外植物遺伝資源の民間等への提供促進」

令和2年度 最終年度報告書

中課題番号	18064822
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進

研究実施期間	平成30年度～令和2年度（3年間）
代表機関	国立研究開発法人 農業・食品技術総合研究機構 遺伝資源センター
研究開発責任者	川口 健太郎
研究開発責任者 連絡先	TEL : 029-838-7051
	FAX : 029-838-7054
	E-mail : kentaro@affrc.go.jp
共同研究機関	国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構（野菜花き研究部門、次世代作物開発研究センター、北海道農業研究センター）
	国立大学法人弘前大学 農学生命科学部
	国立大学法人信州大学 学術研究院農学系
	国立大学法人岡山大学 大学院環境生命科学研究科
	学校法人東京農業大学（農学部、国際食料情報学部）
	愛知県農業総合試験場 園芸研究部
	国立大学法人筑波大学 生命環境系
	茨城県農業総合センター 生物工学研究所
	鹿児島県農業開発総合センター 大隅支場
	学校法人龍谷大学 農学部
	新潟県農業総合研究所 園芸研究センター
	岡山県農林水産総合センター 農業研究所
	高知県農業技術センター 作物園芸課
	宮崎県総合農業試験場 生物工学部
	学校法人南九州学園 南九州大学 環境園芸学部
	国立研究開発法人 国際農林水産業研究センター 熱帯・島嶼研究拠点
国立大学法人山形大学 農学部	
奈良県農業研究開発センター 大和野菜研究センター	
国立大学法人京都大学 農学研究科	

<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	
	30	31	2		機関	研究室
A. 探索						
A1. ベトナム探索						
(1) A11 ベトナム探索	ベトナムでの 遺伝資源探索				農研機構 野菜花 き研究部門	野菜育種・ゲノム 研究領域 ナス科 ユニット
					宮崎県総合農業試 験場	生物工学部
					信州大学	学術研究院農学系 植物遺伝育種学研 究室
					京都大学	農学研究科 蔬菜 花卉園芸学研究室
					南九州大学	環境園芸学科
					高知県農業技術セ ンター	作物園芸課園芸育 種担当
A2. ラオス探索						
(1) A21 ラオス探索	ラオスでの 遺伝資源探索				農研機構 野菜花 き研究部門	野菜育種・ゲノム 研究領域 ナス科 ユニット
				ラオス探索	龍谷大学	農学部資源生物科 学学科
				ラオス探索	新潟県農業総合研 究所園芸研究セン ター	育種栽培科
				ラオス探索	愛知県農業総合試 験場	野菜研究室
				ラオス探索	岡山県農林水産総 合センター農業研 究所	野菜・花研究室
				ラオス探索	高知県農業技術セ ンター	作物園芸課園芸育 種担当
(2) A22 ラオス探索	ラオスでの 遺伝資源探索				農研機構 遺伝資 源センター	調整室 植物多様性活用チ ーム
A3. カンボジア探索						
(1) A31 カンボジア探索	カンボジアでの 遺伝資源探索				農研機構 野菜花 き研究部門	野菜育種・ゲノム 研究領域 ウリ科・イチゴユ ニット
				カンボジア探索	茨城県農業総合セ ンター	生物工学研究所 野菜育種研究室

(2) A32 カンボジア探索	カンボジア探索	弘前大学	農学生命科学部
A4. ミャンマー探索	ミャンマーでの遺伝資源探索	農研機構 野菜花き研究部門 信州大	ウリ科・イチゴユニット 学術研究院農学系植物遺伝育種学研究室
(1) A41 ミャンマー探索	ミャンマーでの遺伝資源探索	東京農業大学	熱帯作物学研究室 宮古亜熱帯農場 遺伝資源利用学研究室 ゲノム解析センター
(2) A42 ミャンマー探索			
A5. キルギス探索	キルギスでの遺伝資源探索	農研機構 野菜花き研究部門	野菜育種・ゲノム研究領域アブラナ科ユニット 熱帯作物学研究室
(1) A51 キルギス探索	キルギスでの遺伝資源探索	東京農業大学	
(2) A52 キルギス探索		筑波大学 弘前大学	生命環境系 農学生命科学部
B. ウリ科野菜遺伝資源の特性解明			
B1. キュウリ遺伝資源の特性解明	キュウリの耐ウイルス病性評価	農研機構 野菜花き研究部門	ウリ科・イチゴユニット
(1) B11 キュウリ遺伝資源のウイルス病抵抗性の評価	キュウリの耐糸状菌病性評価	農研機構 野菜花き研究部門	ウリ科・イチゴユニット
(2) B12 キュウリ遺伝資源の糸状菌病抵抗性の評価	キュウリのゲノム解析	岡山大学	大学院環境生命科学研究所
(3) B13 キュウリ遺伝資源の遺伝的多様性解析	キュウリの特性評価	愛知県農業総合試験場 筑波大学	園芸研究部 野菜研究室 生命環境系
(4) B14 キュウリ遺伝資源の特性評価	キュウリの耐炭疽病性評価		
(5) B15 キュウリ遺伝資源の炭疽病抵抗性の遺伝解析	メロンのゲノム解析	岡山大学	大学院環境生命科学研究所
B2. メロン遺伝資源の特性解明	メロンの耐ウイルス病性評価	農研機構 野菜花き研究部門	ウリ科・イチゴユニット
(1) B21 メロン遺伝資源の遺伝的多様性解析			
(2) B22 メロン遺伝資源の遺伝的多様性解析			

<p>資源のウイルス(MYSV)病抵抗性の評価 (3) B23 メロン遺伝資源の生育特性および糸状菌病抵抗性評価 (4) B24 マーカーを用いたメロン遺伝資源の耐病虫性評価</p>	<p>メロンの特性評価 ←→ メロンの耐病虫性評価 ←→</p>		<p>き研究部門 茨城県農業総合センター 弘前大学</p>	<p>ユニット 生物学研究所野菜育種研究室 農学生命科学部</p>
<p>B3. カボチャ遺伝資源の特性解明 (1) B31 カボチャ遺伝資源の特性解明およびうどんこ病抵抗性評価 (2) B32 カボチャ遺伝資源のコアコレクションの構築 (3) B33 難増殖カボチャ遺伝資源の特性評価</p>	<p>カボチャの特性評価 ←→ カボチャのコアコレ作成 ←→ カボチャの特性評価 ←→</p>		<p>農研機構 北海道農業研究センター 筑波大学 鹿児島県農業開発総合センター</p>	<p>作物開発研究領域 生命環境系 大隅支場園芸作物研究室</p>
<p>C. ナス科野菜遺伝資源の特性解明</p>			<p>農研機構野菜花き研究部門</p>	<p>野菜育種・ゲノム研究領域ナス科ユニット</p>
<p>C4. ナス遺伝資源の特性解明 (1) C41 ナス遺伝資源の特性解明と種子増殖 (2) C42 ナス遺伝資源の線虫抵抗性評価 (3) C43 ナス遺伝資源のうどんこ病抵抗性評価と種子増殖 (4) C44 ナス遺伝資源の半枯病抵抗性評価と種子増殖 (5) C45 ナス遺伝資源の半身萎凋病抵抗性評価と種子増殖 (6) C46 ナス遺伝資源の青枯病抵抗性評価と種子増殖</p>	<p>ナスの特性評価 ←→ ナスの耐線虫性評価 ←→ ナスの耐うどんこ病性評価 ←→ ナスの耐半枯病性評価 ←→ ナスの耐半身萎凋病性評価 ←→ ナスの耐青枯病性評価 ←→</p>		<p>農研機構野菜花き研究部門 龍谷大学 新潟県農業総合研究所園芸研究センター 愛知県農業総合試験場 岡山県農林水産総合センター農業研究所 高知県農業技術センター</p>	<p>野菜育種・ゲノム研究領域ナス科ユニット 農学部資源生物科学科 育種栽培科環境・施設科 園芸研究部野菜研究室 野菜・花研究室 作物園芸課園芸育種担当</p>

<p>C5. トウガラシ遺伝資源の特性解明</p> <p>(1) C51 トウガラシ遺伝資源の疫病抵抗性の評価</p> <p>(2) C51w カンボジアおよびベトナム現地特性調査</p> <p>(3) C52 トウガラシ青枯病・ネコブセンチュウ抵抗性の評価</p> <p>(4) C53 トウガラシ遺伝資源の特性解明 (一般特性)</p> <p>(5) C53z カンボジアおよびベトナム研修受入</p> <p>(6) C54 海外トウガラシ遺伝資源の特性解明 (カプサイシノイド成分)</p> <p>(7) C55 トウガラシのネコブセンチュウ抵抗性の遺伝解析</p> <p>(8) C56 トウガラシの遺伝資源の特性解明 (一次選択形質)</p>	<p>トウガラシの耐疫病性評価</p> <p>海外現地調査</p> <p>トウガラシの耐病虫性評価</p> <p>トウガラシの特性評価</p> <p>研修受入れ</p> <p>トウガラシの特性評価</p> <p>トウガラシの耐線虫性評価</p> <p>トウガラシの特性評価</p>		<p>農研機構 野菜花き研究部門</p> <p>農研機構 野菜花き研究部門</p> <p>宮崎県総合農業試験場</p> <p>信州大学</p> <p>信州大学</p> <p>京都大学</p> <p>南九州大学 農研機構 野菜花き研究部門</p> <p>高知県農業技術センター</p>	<p>野菜育種・ゲノム研究領域 ナス科ユニット</p> <p>野菜育種・ゲノム研究領域 ナス科ユニット</p> <p>生物工学部</p> <p>学術研究院農学系植物遺伝育種学研究室</p> <p>学術研究院農学系植物遺伝育種学研究室</p> <p>農学研究科 蔬菜花卉園芸学研究室</p> <p>環境園芸学科 野菜育種・ゲノム研究領域 ゲノム解析ユニット</p> <p>作物園芸課園芸育種担当</p>
<p>D. 葉根菜遺伝資源の特性解明</p>				
<p>D6. アブラナ類遺伝資源の特性解明</p> <p>(1) D61 カラシナ遺伝資源の特性解明</p>	<p>カラシナの特性評価</p>		<p>東京農業大学</p>	<p>熱帯作物学研究室 遺伝資源利用学研究室</p>
<p>(2) D62 ダイコン・キャベツ遺伝資源の特性解明</p>	<p>ダイコン・キャベツの特性評価</p>		<p>農研機構 野菜花き研究部門</p>	<p>野菜育種・ゲノム研究領域アブラナ科ユニット</p>
<p>D7. アマランサス遺伝資源の特性解明</p> <p>(1) D71 アマランサス遺伝資源の遺伝的多様性解析</p> <p>(2) D72 アマランサス</p>	<p>アマランサスのゲノム解析</p> <p>アマランサスの特性評価</p>		<p>筑波大学</p> <p>農研機構 次世代</p>	<p>生命環境系</p> <p>畑作物研究領域</p>

<p>ス遺伝資源の諸特性と葉菜用適性の評価 (3) D73 アマランサス遺伝資源の特性調査</p>	<p>アマランサスの特性評価</p> 		<p>作物開発研究センター 信州大学</p>	<p>カンショ・資源作物育種ユニット 植物育伝育種学研究室</p>
<p>E. 穀類遺伝資源の特性解明</p>				
<p>E1. 穀類遺伝資源の特性解明</p>				
<p>(1) E11 海外イネ遺伝資源の基本特性解明</p>	<p>イネの特性評価</p> 		<p>農研機構 遺伝資源センター</p>	<p>植物多様性活用チーム</p>
<p>(2) E12 亜熱帯環境を利用したイネ遺伝子源の評価および利用技術の研究開発</p>	<p>イネの特性評価</p> 	<p>国際農林水産業研究センター</p>	<p>熱帯・島嶼研究拠点</p>	
<p>(3) E13 米の機能性成分に関する遺伝資源評価および素材系統の作成</p>	<p>米の機能性評価</p> 	<p>農研機構 遺伝資源センター</p>	<p>植物多様性活用ユニット</p>	
<p>F. 育種素材の育成</p>				
<p>F1. トマト育種素材の育成</p>	<p>トマト素材の育成</p> 		<p>農研機構 野菜花き研究部門</p>	<p>野菜育種・ゲノム研究領域</p>
<p>(1) F11 トマト育種素材の育成</p>				<p>ナス科ユニット</p>
<p>(2) F11y ベトナム研修受入</p>	<p>研修受入れ</p> 		<p>農研機構 野菜花き研究部門</p>	<p>野菜育種・ゲノム研究領域</p>
<p>(2) F11y ベトナム研修受入</p>				<p>ナス科ユニット</p>
<p>F2. ナス育種素材の育成</p>	<p>ナス素材の育成</p> 		<p>農研機構 野菜花き研究部門</p>	<p>野菜育種・ゲノム研究領域</p>
<p>(1) F21 ナス育種素材の育成</p>				<p>ナス科ユニット</p>
<p>G. データベースの整備と公開</p>				
<p>G1. データベースの整備と公開</p>				
<p>(1) G11 データベースの整備と公開</p>	<p>データベース作成</p> 	<p>農研機構 遺伝資源センター</p>	<p>山形大学</p>	<p>調整室、保存技術・情報チーム</p>
<p>(2) G12 在来品種データベース構築</p>	<p>データベース作成</p> 	<p>農研機構 遺伝資源センター</p>	<p>奈良県農業研究開発センター</p>	<p>植物遺伝資源学研究室</p>
<p>(2) G12 在来品種データベース構築</p>			<p>農研機構 遺伝資源センター</p>	<p>保存技術・情報チーム</p>
<p>(3) G13 公設農試との連携</p>	<p>公設農試と連携</p> 		<p>農研機構 遺伝資源センター</p>	<p>大和野菜研究センター</p>
<p>(3) G13 公設農試との連携</p>			<p>農研機構 遺伝資源センター</p>	<p>調整室</p>
<p>(3) G13 公設農試との連携</p>				
<p>H. 遺伝資源ゲノムデータ基盤の構築による民間育</p>				

<p>種の加速化</p> <p>H1. 遺伝資源ゲノムデータ基盤の構築による民間育種の加速化</p> <p>(1) H11 コアコレクションおよび有望系統の全ゲノム解析</p> <p>(2) H12 コアコレクション有用形質の評価</p>		<p>コアコレのゲノム解析</p>  <p>コアコレの形質評価</p> 		<p>農研機構 遺伝資源センター</p> <p>農研機構 野菜花き研究部門</p> <p>農研機構 高度解析センター</p> <p>岡山大学</p> <p>岡山大学</p> <p>農研機構 野菜花き研究部門</p> <p>筑波大学</p> <p>茨城県農業総合センター</p>	<p>植物多様性活用チーム</p> <p>ウリ科・イチゴユニット</p> <p>ナス科ユニット</p> <p>ゲノム情報大規模解析チーム</p> <p>大学院環境生命科学研究科</p> <p>大学院環境生命科学研究科</p> <p>ウリ科・イチゴユニット</p> <p>生命環境系</p> <p>生物工学研究所野菜育種研究室</p>
--	--	--	--	---	--

I-2. 実施体制

研究項目	担当研究機関・研究室		研究担当者
	機関	研究室	
研究開発責任者	農研機構 遺伝資源センター	遺伝資源センター長	◎加藤 浩 (～2020.3) 川口健太郎 (2020.4～)
A. 探索	農研機構 遺伝資源センター	調整室	○友岡憲彦
A1. ベトナム探索	農研機構 野菜花き研究部門	野菜育種・ゲノム研究領域 ナス科ユニット 野菜育種・ゲノム研究領域 ゲノム解析ユニット	△松永 啓 宮武宏治 新村芳美 布目 司
	高知県農業技術センター	作物園芸課・園芸育種担当	石井敬子 小笠原一真 日置優実 横田 真 尾崎 耕
	宮崎県総合農業試験場	生命工学部	武田和宣
	信州大学	学術研究院農学系 植物遺伝育種学研究室	松島憲一
	南九州大学	環境園芸学部 環境園芸科 園芸育種研究室	杉田 亘
	京都大学	農学研究科 蔬菜花卉園芸学研究室	田中義行
A2. ラオス探索 (1) A21 ラオス探索	農研機構 野菜花き研究部門	野菜育種・ゲノム研究領域 ナス科ユニット	△宮武宏治 松永 啓 新村芳美
	龍谷大学	農学部資源生物科学科	岩堀英晶
	新潟県農業総合研究所園芸研究センター	育種栽培科 環境・施設科	千野史貴 竹田宏行 田崎義孝 小竹 修 黒田智久 宮嶋一郎 宇佐見仁

	愛知県農業総合試験場	園芸研究部野菜研究室	安永美紗子 大川浩司
	岡山県農林水産総合センター農業研究所	野菜・花研究室	岸本直樹 川村宜久 佐野大樹 土居典秀
	高知県農業技術センター	作物園芸課・園芸育種担当	石井敬子 小笠原一真 日置優実 横田 真 尾崎 耕
(2) A22 ラオス探索	農研機構 遺伝資源センター	調整室 植物多様性活用チーム	西川智太郎 有賀裕剛
A3. カンボジア探索 (1) A31 カンボジア探索	農研機構 野菜花き研究部門	野菜育種・ゲノム研究領域 ウリ科・イチゴユニット	△川頭洋一
	茨城県農業総合センター	生物工学研究所 野菜育種研究室	大寺宇織
(2) A32 カンボジア探索	弘前大学	農学生命科学部	△田中克典
A4. ミャンマー探索 (1) A41 ミャンマー探索	農研機構 遺伝資源センター 農研機構 野菜花き研究部門	調整室 野菜育種・ゲノム研究領域 ウリ科・イチゴユニット	△根本 博 下村晃一郎
	信州大学	学術研究院農学系 植物遺伝育種学研究室	松島憲一
	茨城県農業総合センター	生物工学研究所野菜育種研究室	葛谷真輝
(2) A42 ミャンマー探索	東京農業大学	遺伝資源利用学研究室 ゲノム解析センター 宮古亜熱帯農場	△和久井健司 田中啓介 菊野日出彦
A5. キルギス探索 (1) A51 キルギス探索	農研機構 野菜花き研究部門	野菜育種・ゲノム研究領域アブラナ科ユニット	△柿崎智博

	東京農業大学	熱帯作物学研究室	入江憲治
(2) A52 キルギス探索	筑波大学	生命環境系	△吉岡洋輔
	弘前大学	農学生命科学部	田中克典
B. ウリ科野菜遺伝資源の特性解明	農研機構 野菜花き研究部門	野菜育種・ゲノム研究領域 ウリ科・イチゴユニット	○川頭洋一 下村晃一郎
B1. キュウリ遺伝資源の特性解明			
(1) B11 キュウリ遺伝資源のウイルス病抵抗性の評価	農研機構 野菜花き研究部門	野菜育種・ゲノム研究領域ウリ科・イチゴユニット	△川頭洋一 下村晃一郎
(2) B12 キュウリ遺伝資源の糸状菌病抵抗性の評価	農研機構 野菜花き研究部門	野菜育種・ゲノム研究領域ウリ科・イチゴユニット	△下村晃一郎 川頭洋一
(3) B13 キュウリ遺伝資源の遺伝的多様性解析	岡山大学	大学院環境生命科学研究所	△加藤謙司 西田英隆
(4) B14 キュウリ遺伝資源の特性評価	愛知県農業総合試験場	園芸研究部 野菜研究室	△安永美紗子 大川浩司 宇佐見仁
(5) B15 キュウリ遺伝資源の炭疽病抵抗性の遺伝解析	筑波大学	生命環境系	△吉岡洋輔
B2. メロン遺伝資源の特性解明			
(1) B21 メロン遺伝資源の遺伝的多様性解析	岡山大学	大学院環境生命科学研究所	△加藤謙司 西田英隆
(2) B22 メロン遺伝資源のウイルス(MYSV)病抵抗性の評価	農研機構 野菜花き研究部門	ウリ科・イチゴユニット	△川頭洋一 下村晃一郎
(3) B23 メロン遺伝資源の生育特性および糸状菌病抵抗性評価	茨城県農業総合センター	生物工学研究所野菜育種研究室	△葛谷真輝 柏木 優 大寺宇織
(4) B24 マーカーを用いたメロン遺伝資源の耐病虫性評価	弘前大学	農学生命科学部	△田中克典
B3. カボチャ遺伝資源の特性解明			
(1) B31カボチャ遺伝資源の特性解明およびうどんこ病抵抗性評価	農研機構 北海道研究センター	作物開発研究領域	△嘉見大助
(2) B32カボチャ遺伝資源のコアコレクションの構築	筑波大学	生命環境系	△吉岡洋輔

(3) B33難増殖カボチャ 遺伝資源の特性評価	鹿児島県農業総合 開発センター	大隅支場園芸作物研究 室	△満留克俊 佐藤光徳
C. ナス科野菜遺伝資源の特 性解明	農研機構 野菜花 き研究部門	野菜育種・ゲノム研究 領域ナス科ユニット	○松永 啓
C4. ナス遺伝資源の特性解 明			
(1) C42 ナス遺伝資源 の線虫抵抗性評価	農研機構 野菜花 き研究部門	野菜育種・ゲノム研究 領域ナス科ユニット	△宮武宏治 松永 啓 新村芳美 △岩堀英晶
(2) C42 ナス遺伝資源 の線虫抵抗性評価	龍谷大学	農学部資源生物科学科	
(3) C43 ナス遺伝資源 のうどんこ病抵抗性評 価と種子増殖	新潟県農業総合研 究所園芸研究セン ター	育種栽培科 環境・施設科	△千野史貴 竹田宏行 田崎義孝 小竹 修 黒田智久 宮嶋一郎
(4) C44 ナス遺伝資源 の半枯病抵抗性評価と 種子増殖	愛知県農業総合試 験場	園芸研究部野菜研究室	△宇佐見仁 安永美紗子 大川浩司
(5) C45 ナス遺伝資源 の半身萎凋病抵抗性評 価、種子増殖と利活用	岡山県農林水産総 合センター農業研 究所	野菜・花研究室	△岸本直樹 川村宜久 佐野大樹 土居典秀
(6) C46 ナス科遺伝資 源の青枯病抵抗性評価 と種子増殖	高知県農業技術セ ンター	作物園芸課・園芸育種 担当	△石井敬子 小笠原一真 日置優実 横田 真 尾崎 耕
C5. トウガラシ遺伝資源の 特性解明			
(1) C51 トウガラシ遺 伝資源の疫病抵抗性の 評価	農研機構 野菜花 き研究部門	野菜育種・ゲノム研究 領域 ナス科ユニット	△松永 啓 宮武宏治 新村芳美
(2) C51w カンボジア 現地特性調査	農研機構 野菜花 き研究部門	野菜育種・ゲノム研究 領域 ナス科ユニット	△松永 啓 宮武宏治 新村芳美
(3) C52 トウガラシ遺 伝資源の青枯病・ネコ ブセンチュウ抵抗性の 評価	宮崎県総合農業試 験場	生物工学部	△武田和宣
(4) C53 トウガラシ遺 伝資源の特性解明（一 般特性）	信州大学	学術研究院農学系 植 物遺伝育種研究室	△松島憲一
(5) C53z ベトナムおよ びカンボジア研修受入	信州大学	学術研究院農学系 植 物遺伝育種研究室	△松島憲一

(6) C54 海外トウガラシ遺伝資源の特性解明 (カプサイシノイド成分)	京都大学	農学研究科 蔬菜花卉園芸学研究室	△田中義行
(7) C55 トウガラシのネコブセンチュウ抵抗性の遺伝解析	南九州大学	環境園芸学部 環境園芸科 生物工学研究室	△杉田 亘 陳 蘭庄
(8) C56 トウガラシの遺伝資源の特性解明 (一次選択形質)	農研機構 野菜花き研究部門	野菜育種・ゲノム研究領域 ナス科ユニット 野菜育種・ゲノム研究領域 ゲノム解析ユニット	松永 啓 布目 司
	高知県農業技術センター	作物園芸課・園芸育種担当	△石井敬子 小笠原一真 日置優実 横田 真 尾崎 耕
D. 葉根菜遺伝資源の特性解明	筑波大学	生命環境系	○吉岡洋輔
D6. アブラナ類遺伝資源の特性解明			
(1) D61 カラシナ遺伝資源の特性解明	東京農業大学	熱帯作物学研究室 遺伝資源利用学研究室 植物病理学研究室	△入江憲治 和久井健司 キムオッキョン
(2) D62 ダイコン・キャベツ遺伝資源の特性解明	農研機構 野菜花き研究部門	野菜育種・ゲノム研究領域アブラナ科ユニット	△小原隆由
D7. アマランサス遺伝資源の特性解明			
(1) D71 アマランサス遺伝資源の遺伝的多様性解析	筑波大学	生命環境系	△吉岡洋輔 大澤 良
(2) D72 アマランサス遺伝資源の諸特性と葉菜用適性の評価	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	△加藤晶子 大瀧直樹 高田明子 竹島亮馬
(3) D73 アマランサス遺伝資源の特性調査	信州大学	植物育伝育種学研究室	△松島憲一 根本和洋
E. 穀類遺伝資源の特性解明			
E1. 穀類遺伝資源の特性解明	農研機構 遺伝資源センター	調整室	○根本 博
(1) E11 海外イネ遺伝資源の基本特性解明	農研機構 遺伝資源センター	植物多様性活用チーム	△江花薫子
(2) E12 亜熱帯環境を利用したイネ遺伝子源の評価および利用技術の研究	国際農林水産業研究センター	熱帯・島嶼研究拠点	△福田善通

究開発 (3) E13 米の機能性成分に関する遺伝資源評価および素材系統の作成	農研機構 遺伝資源センター 農研機構 次世代作物開発研究センター	植物多様性活用ユニット 稲研究領域米品質ユニット	奥泉久人 △荒木悦子
F. 育種素材の育成	農研機構 野菜花き研究部門	野菜育種・ゲノム領域ナス科ユニット	○宮武宏治
F1. トマト育種素材の育成 (1) F11 トマト育種素材の育成 (2) F11y ベトナム研修受入	農研機構 野菜花き研究部門 農研機構 野菜花き研究部門	野菜育種・ゲノム領域ナス科ユニット 野菜育種・ゲノム領域ナス科ユニット	△松永 啓 宮武宏治 新村芳美 △松永 啓 宮武宏治 新村芳美
F2. ナス育種素材の育成 (1) F21 ナス育種素材の育成	農研機構 野菜花き研究部門 龍谷大学 新潟県農業総合研究所園芸研究センター 愛知県農業総合試験場 岡山県農林水産総合センター農業研究所 高知県農業技術センター	野菜育種・ゲノム研究領域 ナス科ユニット 農学部資源生物科学科 育種栽培科 環境・施設科 園芸研究部野菜研究室 野菜・花研究室 作物園芸課・園芸育種担当	△宮武宏治 松永 啓 新村芳美 岩堀英晶 千野史貴 竹田宏行 田崎義孝 小竹 修 黒田智久 宮嶋一郎 宇佐見仁 安永美紗子 大川浩司 岸本直樹 川村宜久 佐野大樹 土居典秀 石井敬子 小笠原一真 日置優実 横田 真 尾崎 耕
G. データベースの整備と公開 G1. データベースの整備と公開 (1) G11 データベース	農研機構 遺伝資源センター 農研機構 遺伝	保存技術・情報チーム 保存技術・情報チーム	○竹谷 勝 (～2020.3) 山崎福容 (2020.4～) △山崎福容

<p>の整備と公開</p> <p>(2) G12 在来品種データベース構築</p> <p>(3) G13 公設農試との連携</p>	<p>資源センター 山形大学</p>	<p>植物遺伝資源学研究室</p>	<p>△江頭宏昌</p>	
	<p>奈良県農業研究 開発センター</p>	<p>大和野菜研究センター</p>	<p>△峯 圭司 米田祥二</p>	
<p>H. 遺伝資源ゲノムデータ基盤の構築による民間育種の加速化</p>	<p>農研機構 遺伝 資源センター</p>	<p>植物多様性活用チーム</p>	<p>○内藤健</p>	
<p>H1. 遺伝資源ゲノムデータ基盤の構築による民間育種の加速化</p>				
<p>(1) H11 コアコレクションおよび有望系統の全ゲノム解析</p>	<p>農研機構 遺伝 資源センター</p>	<p>植物多様性活用チーム</p>	<p>△内藤健</p>	
	<p>農研機構 高度 解析センター</p>	<p>ゲノム情報大規模解析 チーム</p>	<p>矢野亮平</p>	
	<p>農研機構 野菜 花き研究部門</p>	<p>ウリ科・イチゴユニッ ト</p>	<p>下村晃一郎 川頭洋一</p>	
	<p>岡山大学</p>	<p>大学院環境生命科学研 究科</p>	<p>加藤鎌司</p>	
	<p>(2) H12 コアコレクション有用形質の評価</p>	<p>岡山大学</p>	<p>大学院環境生命科学研 究科</p>	<p>△加藤鎌司</p>
	<p>農研機構 野菜 花き研究部門</p>	<p>ウリ科・イチゴユニッ ト</p>	<p>下村晃一郎 川頭洋一</p>	
	<p>筑波大学</p>	<p>生命環境系</p>	<p>吉岡洋輔</p>	
<p>茨城県農業総合セ ンター</p>	<p>生物工学研究所野菜育 種研究室</p>	<p>葛谷真輝 柏木 優 大寺宇織</p>		

(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。

I-3. 研究目的

近年の地球温暖化が我が国の農業生産に深刻な問題を引き起こしている一方で、我が国の農業は国外の農産物との競争に直面しており、画期的な品種育成による国内農業力の強化が強く求められている。そのためには、未利用の多様な遺伝資源を利用する必要があるが、途上国を中心に遺伝資源に対する権利意識が高まっている現状では、我が国の育種家や企業が海外から遺伝資源を導入することが極めて困難になっている。

このため、本研究では、

- A. 探索
- B. ウリ科野菜遺伝資源の特性解明
- C. ナス科野菜遺伝資源の特性解明
- D. 葉根菜遺伝資源の特性解明
- E. 穀類遺伝資源の特性解明
- F. 育種素材の育成
- G. データベースの整備と公開
- H. 遺伝資源ゲノムデータ基盤の構築による民間育種の加速化

により、特にアジア地域の各国との間の二国間共同研究を推進し、海外植物遺伝資源の調査・収集および特性解明、有用変異の遺伝解析・DNAマーカー作成と育種素材の育成、国内植物遺伝資源情報のネットワーク構築、遺伝資源ゲノムデータ基盤の構築を行うことを目標とする。

その結果、

1. 海外植物遺伝資源へのアクセス環境の整備
2. 民間事業者等が植物遺伝資源情報に効率的にアクセスできる環境の整備

が期待される。

I-4. 研究方法

(1) 課題A：探索

ラオス、カンボジア、ベトナム、ミャンマーの4か国と共同研究協定にかかわる覚書(MOU)を締結し、相手国で植物遺伝資源の探索調査・収集を行う。二年目以降に向けて共同研究相手国を増やすための調査や交渉を実施し、5か国以上との共同研究を実施する。主な対象作物は、キュウリ、メロン、カボチャ、ナス、トウガラシ、アブラナ科野菜、アマランサス、穀類とする。相手国の合意に基づいて農研機構ジーンバンクに導入した遺伝資源については、種子増殖と特性評価を実施し、国内民間種苗会社等の育種関係者に提供できる環境を整備する。5年間に未探索遺伝資源3,000点以上の保存(現地保存を含む)を目標とし、探索収集を実施する。

(2) 課題B、C、D、E：特性解明

収集品や相手国保存の植物遺伝資源について、日本および現地で特性解明を行う。キュウリ、メロン、カボチャでは、これまでに作成してきたコアコレクションに対して有用特性情報の充実を図り、公開と利用促進を目指す。日本では、耐病性、耐虫性、機能性成分等の有用形質を評価し、特に有用な特性については、遺伝解析を実施して品種育成用のDNAマーカー作成を行う。1年目から実施する遺伝解析課題は、トウガラシのネコブセンチュウ抵抗性や辛味成分、メロンのうどんこ病抵抗性、キュウリの炭疽病抵抗性、イネのオリザノール含有量とする。

(3) 課題F：育種素材の育成

日本のみならず共同研究相手国にとっても重要な形質に関しては、共同育種を実施して相手国研究者の能力開発という形でのBenefit sharingを行い、信頼関係の深化を通じて有用育種素材を導入するための環境を整備する。具体的には、ベトナムにおいてトマトを、ラオスにおいてナス遺伝資源を利用した育種を進め、最終的に5系統以上の中間母本等の育種素材作出の見通しを立てる。この2件の課題は、平成29年度までに進めていた農水省委託事業「海外植物遺伝資源の収集・提供強化」事業において実施していた高耐暑性トマトや、高度耐病性ナス系統育成の内容を引き継ぐものであり、さらに交配や選抜を実施して、より有効性の高い素材育

成を目指す。ベトナムのトマトでは、高温期の着花性、黄化葉巻病抵抗性、果実糖度の優れた育種素材3点以上を開発する。ラオスのナスでは、交配と選抜を薦め、土壌伝染性病害や高温多湿条件下で影響を受けにくい2点以上の育種素材を開発する。

(4) 課題G：データベースの整備と公開

国内の大学や国立研究開発法人、公設試験場が、個別に保有している植物遺伝資源についての情報を共有できるネットワークを構築し、民間事業者などの育種関係者が効率的に植物遺伝資源の情報にアクセスできる環境を整備する。農業生物資源ジーンバンク事業で整備した国内の育種研究室や国立研究開発法人を結ぶ遺伝資源情報ネットワークに、大学や公設試等の遺伝資源情報を含むシステムを整備する。また、現在実施中の農水省委託「海外植物遺伝資源の収集・提供強化」事業で作成した収集遺伝資源情報や特性評価情報を蓄積するデータベースに関して、データ拡充および検索システムの改良を実施し、民間事業者等が我が国に保存されている植物遺伝資源情報に効率的にアクセスできる環境を整備する。

(5) 課題H：遺伝資源ゲノムデータ基盤の構築による民間育種の加速化

コアコレクション等の全ゲノム配列をロングリードシーケンサーで取得し、塩基置換だけでなく挿入・欠失・重複・逆位などの構造多型を含めたゲノム多型と有用形質との相関解析（アソシエーション解析）が実施できる基盤を構築する。ハイスループットのロングリードシーケンサーPromethIONを導入し、多系統の全ゲノム配列を一挙に取得する。

I-5. 研究結果

本課題は、全体として計画以上に研究が進捗した。探索では平成30年と令和元年の2年間に1,782点を収集し計画を上回る収集点数を達成した。令和2年はコロナウイルス蔓延により現地研究者のみでの探索に計画変更し、3か国で280点以上を収集した。特性評価もウリ科、ナス科、葉根菜で順調に進展し、累積遺伝資源数5,654点、延べ特性項目数82,630点がデータベースに入力されている。トマトとナスの素材化では収量性、果実品質、耐病性に優れた系統の選抜が順調に進んでいる。データベース整備では、沖縄から関東地方の約180品種の在来品種情報を蓄積し、奈良県が保有するスイカ・メロン約120系統を横断検索可能にした。ゲノムデータ基盤整備では、キュウリ全ゲノム配列解読と耐病性情報の付与が開始され、順調にデータの蓄積が進んでいる。

(1) 課題A：探索

探索では、これまでの2年間で1,782点を収集し計画を上回る収集点数が達成できている。今年度はコロナウイルス蔓延のため相手国と交渉し、現地研究者のみでの探索対応が可能な国に関しては運営委員会での提案・了承に基づいて現地研究者のみでの探索に計画を変更した。その結果、ベトナムにおいて1隊72点、ラオスにおいて1隊70点以上計画、カンボジアにおいて2隊140点以上計の遺伝資源が収集された。また、ラオスとの調整が順調に進み、新たに葉根菜を収集品目に追加するとともに、これまでの探索で収集しラオスに保存していたナス203点について追加導入の目処が立った。

(2) 課題B、C、D、E：特性解明

ウリ科野菜遺伝資源の特性解明(B)：国内で調査した遺伝資源は、キュウリでは147点、メロンでは224点、カボチャでは100点である。種子増殖を行った遺伝資源はキュウリ91点、メロン122点、カボチャ88点である。海外で調査した遺伝資源は、メロンでは94点、カボチャでは192点である。また、コアコレクション構築については、キュウリ100点、メロン100点、カボチャ49点の候補を選定した。

ナス科野菜遺伝資源の特性解明 (C) : ナス科遺伝資源を対象に、国内で特性評価と種子増殖をしたのは732点、病虫害抵抗性を評価したのは、のべ1,338点で、現時点で抵抗性と評価されたのは、ナスのネコブセンチュウで6点、ナス青枯病で16点、ナス半枯病で18点、ナス半身萎凋病で71点、トウガラシ疫病で1点、トウガラシ青枯病で2点およびトウガラシのネコブセンチュウで16点であり、また、124点についてトウガラシ辛味成分量を定量した。さらに、遺伝解析については、カプシノイド含量に関するQTLを検出するとともに、トウガラシのネコブセンチュウ抵抗性の遺伝解析のための種間雑種由来の分離集団を作成中である。

葉根菜遺伝資源の特性解明 (D) : アブラナ類ではこれまでにカラシナ遺伝資源103点の一般特性と辛み成分、119点の耐暑性、180点のウイルス抵抗性、およびダイコン・キャベツ遺伝資源56点の一般特性と、60点の黒斑細菌病抵抗性の評価が完了した。また、アブラナ類310点(延数)についてSNP等のDNA分析により多様性を明らかにした。共同研究相手国への技術移転では、これまでにミャンマーから2名の研究員を受入れ、技術指導を行った。アマランサスではこれまでに特性評価マニュアルの作成、遺伝資源40点の特性評価と42点の種子増殖、DNA分析による遺伝資源337点の多様性解析が終了し、一定の成果が得られたことから令和元年度で終了した。

穀類遺伝資源の特性解明 (E) : 海外イネ遺伝資源の基本特性解明では、イネ遺伝資源の高温耐性を評価した。その結果、高温での不稔率が低く、安定した高温耐性を示す系統を確認した。亜熱帯環境を利用したイネ遺伝資源の評価および利用技術の研究開発では、ラオスのイネ遺伝資源86点について、いもち病抵抗性、DNAマーカー多型、粒型、到穂日数等について調査した。ラオスのイネ品種がいくつかのクラスターグループへ分類できることを明らかにした。米の機能性成分に関する遺伝資源評価および素材系統の作成では、玄米の γ -オリザノール含有率に関する遺伝解析用材料の育成を進めた。また、コシヒカリを遺伝背景とする染色体断片置換系統シリーズを用いた解析から再現性のある γ -オリザノール含量に関連するQTLを見出した。一定の成果が得られたことから、令和元年度で終了した。

(3) 課題F : 育種素材の育成

トマトについては、新たな交配組み合わせに由来する F_4 ~ F_5 世代をベトナムと農研機構安濃拠点の露地および施設内で栽培し、収量性、果実糖度、黄化葉巻病抵抗性などに優れる系統を選抜し、現在 F_5 世代を栽培・選抜中である。ナスについては、4組合せの交雑後代について個体選抜を実施し、現在、 F_5 世代を栽培・選抜中であるほか、ラオス産ナス遺伝資源から土壌病害抵抗性の有望な14点を見出した。両課題ともに、コロナ禍で移動や事務手続き、物流の制限がある中で、密に連絡を取り合い、海外研究員の招へいや現地における共同選抜の実施等、育種技術の移転も順調であり、二国間は良好な関係を維持している。

(4) 課題G : データベースの整備と公開

特性評価データの蓄積を進め、累計で遺伝資源数5,654点、延べ特性項目数82,630点の入力を行った。5年間の公開制限期間が終了した特性データについては、一般への公開を開始した。在来品種データベースの構築を進め、沖縄~関東地方の約180品種について、地図上にプロットしたアイコンから写真データを含めた品種情報を表示できるようにした。また、公設農試との連携を進め、奈良県が保有するスイカ・メロン約120系統を横断検索可能にした。

(5) 課題H : 遺伝資源ゲノムデータ基盤の構築による民間育種の加速化

本性課題では、キュウリ・メロン・ナスそれぞれ100系統ずつの全ゲノムをロングリードシーケンサーによって解読し、耐病性等の重要形質についてのアソシエーション解析を実施できる研究基盤を構築する。令和2年度はロングリードシーケンサーPromethION24を導入。納品は当初の予定よりやや遅れて12月10日となったが、すでにキュウリ10系統の全ゲノム配列を取得した。

キュウリ 100 系統の全ゲノム解読は 1 月中に完了する。また、キュウリ 100 系統の炭そ病・うどんこ病の耐病性検定ならびにメロン 50 系統のうどんこ病・つる割病の耐病性検定を実施し、各系統に対して、それぞれ発病評点を付与した。

I-6. 今後の課題

東南アジアでは経済発展にともなって、長年栽培してきた在来品種から、開発された市販品種への切り替えが進んでいる。そのため在来品種を探索収集し、研究機関での保管を急ぐ必要がある。その一方で新型コロナウイルスの流行により、日本人研究員の海外出張が難しくなっている。探索収集を実施するには相手国研究員だけによる探索など、新しい探索収集方法が必要である。同様に、相手国研究員を日本へ招へいして研修を行うことも難しい状態であり、web会議による指導なども検討する必要がある。

収集された特性評価は順調に進み、抵抗性等に関して期待できる遺伝資源が見いだされている。しかし、安定した抵抗性品種を育成するには幅広い遺伝資源が必要であり、今後とも、幅広い遺伝的背景の抵抗性素材を揃えることが必要である。

見いだされた遺伝資源を民間で活発に利用されるためには、民間の研究者が目的とする遺伝資源を見出しやすくするために、データベースの充実を継続して進める必要がある。さらに素材のゲノムデータを揃えるとともに、遺伝的背景を改良した育種素材を開発するなどして、民間の研究者が利用しやすくする必要がある。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行題番号	A1	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	A 探索		
実行課題名	A1 ベトナム探索		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 遺伝資源センター・調整室・友岡憲彦		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領 域・松永啓・宮武宏司・新村芳美		
共同研究機関・研究室・研究者 名等	農研機構北海道農業研究センター・園芸作物育種グルー プ・嘉見大助、ベトナム植物資源センター・Tran Thi Thu Hoai、Nguyen Van Kien、鹿児島県農業開発総合セ ンター・大隅拠点・満留克俊、南九州大学・環境園芸学 部・環境園芸科・生物工学研究室・杉田亘		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

ベトナムは、植物遺伝資源の多様性が高いインドシナ半島に位置し、南北に細長く多様な栽培環境にあることから、植物遺伝資源の宝庫である。また、植物遺伝資源保存への取組を行っており、研究者の意識や能力も高いことから、ベトナム国研究者と協力して遺伝資源調査を行う。本課題では、ナス・トウガラシを中心としたナス科植物遺伝資源を主な対象作物とし、現地の状況に応じてより広い作目を年間70点以上の収集を目指す。

2) 研究方法

平成30年度はベトナム中部高原地域、令和元年度はベトナム中部地域および令和2年度はベトナム北部地域において、トウガラシなどの植物遺伝資源を収集した。平成30年度と令和2年度はベトナム側と日本側の研究員が協力して、令和2年度はベトナムの研究員が単独で探索隊を組織し、遺伝資源を収集した。

3) 研究結果

平成30年度は日本カボチャなど90点、令和元年度はトウガラシなど88点、令和2年度はトウガラシなど72点の合計250点を収集した（表1）。

4) 成果活用における留意点

収集した遺伝資源については、種子で収集した系統等、種の分類が不明確な系統もあるので、特性調査の際に、種同定結果についても再度判定する必要がある。

5) 今後の課題

一般特性調査および種子増殖を実施し、その後、病害抵抗性などについて評価する必要がある。

表1 ベトナム遺伝資源探索での収集点数

	平成30年度	令和元年度	令和2年度	Total
	Gia Lai Province	Thua Thien-Hue Province Quang Binh Province	Ha Giang Province Bac Kan Province	
<i>Amaranthus</i> spp.	16	3	-	19
<i>Capsicum</i> spp.	7	36	44	87
<i>Citrullus lanatus</i>	3	-	-	3
<i>Cucurbita moschanta</i>	24	11	2	37
<i>Cucumis sativus</i>	7	4	-	11
<i>Cucumis melo</i>	18	-	-	18
<i>Lablab purpureus</i>	1	-	-	1
<i>Momordica charantia</i>	2	-	-	2
<i>Phaseolus vulgaris</i>	-	-	6	6
<i>Solanum melongena</i>	10	22	18	50
<i>Solanum lycopersicom</i>	1	1	-	2
<i>Sorghum bicolor</i>	1	-	-	1
<i>Vigna</i> spp.	-	11	2	13
Total	90	88	72	250

<引用文献>

FUJITO et al. (2018) Collaborative Exploration of the Vegetable Genetic Resources in Vietnam, 2017. APEIPGR 34

嘉見大助、満留克俊、Tran Thi Thu Hoai、Nguyen Van Kien (2019) ベトナム中部高原における野菜遺伝資源の探索と収集. 園芸学会令和元年度秋季大会. 2019年9月

杉田亘・松永啓・Tran Thi Thu Hoai・Nguyen Van Kien (2020) ベトナム社会主義共和国中部地域におけるナス科作物を中心とした遺伝資源の共同収集. 園芸学会令和2年度春季大会. 2020年3月

KAMI et al. (2019) Collaborative Exploration of Plant Genetic Resources in the Central Highlands of Vietnam, 2018. APEIPGR 35.

杉田亘、松永啓、Thi Thu Hoai TRAN, Van Kien NGUYEN (2020) ベトナム社会主義共和国中部地域におけるナス科作物を中心とした遺伝資源の共同収集. 園芸学会2020年3月

SUGITA et al. (2020) Collaborative Exploration of Genetic Resources of Mainly Solanaceous Crops in Central Vietnam, 2019. APEIPGR 36 印刷中

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	A2	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	A 探索		
実行課題名	A2 ラオス探索		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 遺伝資源センター・調整室・友岡憲彦		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構野菜花き研究部門・ナス科ユニット・宮武宏治・ 松永啓・新村芳美 農研機構遺伝資源センター・調整室・西川智太郎 農研機構遺伝資源センター・植物多様性活用チーム・有賀裕 剛		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

ラオスは中国、ミャンマー、タイ、カンボジア、ベトナムと隣接し、インドシナ半島の中心に位置し、多様な遺伝資源が豊富に存在していることが期待されることから、ナスを中心とした多様な作物遺伝資源について現地調査・収集を行う。ラオス各地を収集対象とし、各年度、1隊の探索を実施し70点以上、3年間で210点以上の遺伝資源収集を目標とする。以上の作物の現地調査・収集は、ラオスで行う遺伝資源特性評価や遺伝資源増殖・特性評価手法の技術移転、並びに、ラオス以外の国で実施する課題と連動して行う。

2) 研究方法

平成30年および令和元年度にラオス南部（ボリカムサイ、カムアン、サワンナケート県）を探索し、日本側研究者3名のほか、ラオス側研究者2名を加え、ナス遺伝資源を収集した。令和2年度は、新型コロナウイルス感染症拡大の影響から、ラオス側研究者のみで実施し、対象作物に葉根菜類を追加した。令和2年度の探索期間は2月8日～21日で、サイソムブーンおよびシェンクワン県を対象とする。これまでに収集した遺伝資源はラオス園芸研究センター（HRC）、稲研究センター（RRC）およびトウモロコシ・商業作物研究センター（MCRC）にて保管し、順次、特性調査および種子増殖を実施中であり、SMTAによる日本への導入を順次進める。

3) 研究結果

平成30年および令和元年度にラオス南部（ボリカムサイ、カムアン、サワンナケート県）を探索し、135および163点のナス遺伝資源を収集した。令和2年度は、ラオス側研究者2名

によりサイソムブーンおよびシェンクワン県を対象とし、2月8日から実施した。令和元年度までに298点の収集を完了しており、目標とする210点はクリアしている。これまでに収集した遺伝資源のうち、299点については、SMTAにより日本への導入が成功した。なお、ラオスでの現地栽培による特性調査の結果、平成30～令和2年度のデータベース登録点数（系統数）は、ナス351点、ソルガム95点、トウモロコシ47点であった。

4) 成果活用における留意点

ラオスからの遺伝資源導入が一部成功したことから、国内でその特性を評価し、利用可能な状態に整備する必要がある。第1期から合計で1,000点を超えるナス遺伝資源を現地で収集済みであり、全ての遺伝資源の導入を実現するため、相手国との良好な関係の維持に努める。

5) 今後の課題

新型コロナウイルス感染症拡大の影響から日本人が現地に渡航して探索することが難しい状況にある。また、現地との航空便が運行しておらず、種子のやり取り等、船便で実施し大きな遅延が生じている。こうした問題に対しては、これまで以上に現地との連絡を密に取り、確かな情報の伝達と効率的な手続きの実現に努める。一般特性調査および種子増殖を実施し、その後、病害抵抗性などについて評価する必要がある。

<引用文献>

HAMATO et al. (2018) Collaborative Survey of Eggplant Genetic Resources in Lao PDR, 2017. APEIPGR 34.

OKUIZUMI et al. (2019) Collaborative Exploration and Collection of Plant Genetic Resources in Laos, February 2019. APEIPGR 35.

横田真・宇佐見仁・Phattana Sengounkeo・Mekkhala Simeaungkhoun・Thongkhoun Sisaphaithong・宮武宏治 (2020) ラオスにおけるナス遺伝資源の共同探索調査, 2019年. 園芸学会令和2年度春季大会. 2020年3月

MIYATAKE et al. (2020) Collaborative Survey of Eggplant Genetic Resources in Lao PDR, 2019. APEIPGR 36. 印刷中

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	A3	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	A 探索		
実行課題名	A3 カンボジア探索		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 遺伝資源センター・調整室・友岡憲彦		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・川頭洋一		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

カンボジアは東南アジア大陸部中央に位置し、熱帯モンスーン気候の中でも高温・乾燥ストレス等が多発する地域で、ストレス耐性遺伝資源が期待できる。本課題では、ナス・トウガラシを中心としたナス科植物遺伝資源、およびキュウリ・メロンを中心としたウリ科植物遺伝資源を1年目の主な対象作物とし、2年目以降については、現地との協議に基づいて対象作物を決定する。平成30年度および令和元年度はそれぞれ3隊、令和2年度は2隊の現地調査を実施する。1隊につき70点の遺伝資源収集を達成目標にしていることから、平成30～令和2年度の3年間で、延べ8隊で合計560点以上の遺伝資源を収集することを目標とする。

2) 研究方法

2018(平成30)年度は農研機構隊、弘前大隊および信州大隊の3隊で実施した。農研機構隊は11月5日～11月17日に中央部および中西部でナス科野菜を探索し、弘前大隊は11月26日～12月9日に西部でウリ科野菜を探索し、信州大隊は10月2日～10月12日に北部で野菜全般を探索した。2019年度はウリ科隊、葉根菜隊および民間共同隊の3隊で実施した。ウリ科隊および葉根菜隊は10月29日～11月7日に東部を合同で探索(時々別行動)し、ウリ科野菜・アマランサスを中心とした遺伝資源を調査・収集し、民間共同隊は10月1日～10月10日に南部地域において調査・収集した。2018年度および2019年度の探索では、カンボジア農業開発研究所(CARDI)と共同で実施し、CARDIの公用車でカンボジア各地を巡り、農家や市場等において来歴や栽培時期等について聞き取り調査を行い、種子や完熟果実を収集し、果実の場合は数日中に採種した。2020年度はCOVID-19の影響により、日本からの研究者派遣は中止となったことから、CARDIのスタッフのみで、公用車で各地を巡り、現地調査を実施した。1隊目は11月23日～12月2日にカンボジア北部を探索した。2隊目は、1月7日～1月16

日にカンボジア北東部を探索した。

3) 研究結果

2018年度の探索では、農研機構隊はナス科野菜を75点、弘前大隊はウリ科野菜を38点、信州大隊は野菜全般を118点の合計231点を収集した。2019年度の探索では、ウリ科隊はウリ科野菜を中心に72点、葉根菜隊はアマランサスを中心に75点、民間共同隊はウリ科・ナス科野菜を中心に85点の合計232点を収集した。2020年度の探索では、2隊ともにウリ科野菜を中心に収集し、1隊目は71点、2隊目は70点の合計141点を収集した。3年間で合計604点を収集し、目標（合計560点以上）を達成した。

4) 成果活用における留意点

カンボジアから日本に導入した遺伝資源は、SMTAに従って利用する。

5) 今後の課題

一般特性調査および種子増殖を実施し、その後、病害抵抗性などについて評価する必要がある。

<引用文献>

MATSUSHIMA et al. (2018) Collaborative Exploration of Plant Genetic Resources in Eastern Cambodia, 2017. APEIPGR 34.

MATSUNAGA et al. (2018) Collaborative Exploration of Solanaceae Vegetable Genetic Resources in Southern Cambodia, 2017. APEIPGR 34.

TANAKA et al. (2018) Collaborative Survey of Vegetable Genetic Resources in Cambodia, 2017. APEIPGR 34.

KONDO et al. (2019) Collaborative Exploration of Plant Genetic Resources in Northern Cambodia, 2018. APEIPGR 35.

YASHIRO et al. (2019) Collaborative Exploration of Vegetable Genetic Resources in Cambodia, 2018. APEIPGR 35.

MATSUNAGA et al. (2019) Collaborative Exploration of Solanaceae Vegetable Genetic Resources in Central and Mid-Western Cambodia, 2018. APEIPGR 35.

川頭洋一、葛谷真輝、Ouch Sreynech、Sakhan Sophany、Ouk Makara (2020) カンボジア東部における植物遺伝資源の共同探索, 2019. 園芸学会 2020年3月

OKUIZUMI et al. (2020) Collaborative Exploration and Collection of Plant Genetic Resources in Cambodia, April-May 2019. APEIPGR 36. 印刷中

KAWAZU et al. (2020) Collaborative Exploration of Plant Genetic Resources in Eastern Cambodia, 2019. APEIPGR 36. 印刷中

TAKESHIMA et al. (2020) Collaborative Exploration of Vegetable Amaranth Germplasm in Cambodia, 2019. APEIPGR 36. 印刷中

SUDASINGHE et al. (2020) Collaborative Exploration of Plant Genetic Resources in Southern Cambodia, 2019. APEIPGR 36. 印刷中

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
小課題番号	A	小課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	A 探索		
実行課題名	A4 ミャンマー探索		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 遺伝資源センター・調整室・友岡憲彦		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	ミャンマー農業灌漑省農業研究局シードバンク・Min San Thein、Ohm Mar Saw 東京農業大学・熱帯作物学研究室・入江憲司 農研機構野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域ウリ科・イチゴユニット・下村晃一郎 信州大学・農学部・植物遺伝育種学研究室・松島憲一 筑波大学・生命環境系・河瀬眞琴		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

ミャンマーは、インド亜大陸と東南アジア大陸部との境界に位置し、多様な種類の植物遺伝資源が期待できる国である。本課題では、ミャンマーの農業灌漑省農業研究局シードバンクを共同研究相手とし、アブラナ科野菜と作物一般遺伝資源を1年目の種対象作物とする。2年目以降については、現地との協議に基づいて対象作物を決定する。各年度ミャンマー各地を探索対象とし、各年度2隊の現地調査を実施し、年間140点、3年間で420点以上の遺伝資源収集を目標とする。

以上の作物の現地調査と収集は、ミャンマーで行う遺伝資源特性評価や遺伝資源増殖・特性評価手法の技術移転、並びに、ミャンマー以外の国で実施する課題と連動して行う。

2) 研究方法

2018年度：2隊の現地調査を実施した。「農大隊」は2月下旬に東部シャン州地域でアブラナ科野菜類を対象として、「遺資セ・筑波大隊」は2月中旬にチン州で野菜類全般を対象として収集を実施した。

2019年度：2隊の現地調査を実施した。「野菜花き・信大隊」は令和元年11月にミャンマー北西部のザガイン管区でトウガラシ・ウリ科等を中心とした野菜全般を対象として、「農大隊」は2019年12月～翌年1月に同地域でアブラナ科野菜を対象として収集を実施した。

2020年度はシャン州南部とカヤー州を探索候補地として2隊の派遣を予定したが、新型コロナウイルス感染対策として、ミャンマー入国や国内移動に厳しい制限が発令されたため、農業研究局シードバンクと相談し、予定した2件の現地調査は実施不可能として中止した。

3) 研究結果



ミャンマー探索で収集された主要な遺伝資源の点数

作物名	2018年	2019年	計
カラシナ	91	80	171
インゲンマメ	11	17	28
ダイコン	16	11	27
きゅうり	8	16	24
とうがらし	8	15	23
ササゲ	8	9	17
とうもろこし	16	1	17
西洋かぼちゃ	10	5	15
稲(水稲)	15	0	15
ツルアズキ	8	6	14
カイラン	0	13	13
ブロッコリ	11	0	11

図. PGRAsiaにおけるミャンマー探索地域 (2018、2019)

2018年度は2隊でカラシナ、インゲンマメ、ダイコン等について49種計286点を収集した (YOSHIDA et al. 2019)。2019年度は2隊でとうがらし、キュウリ、カラシナ等について、計313点を収集した (SHIMOMURA et al. 2020, KONDO et al. 2020)。2年間で計599点の遺伝資源をSMTAに基づき、日本に導入したことから、3年間の目標点数420点を達成することができた。

4) 成果活用における留意点

農業研究局シードバンクは共同研究に積極的であり、共同研究者の能力も高い。問題点としては日本側が提案した地域について、治安等の懸念からミャンマー側の承認が得られなかった地域があった。

5) 今後の課題

一般特性調査および種子増殖を実施し、その後、病害抵抗性などについて評価する必要がある。

<引用文献>

Ohm Mar Saw et al. (2018) A Field Study Exploring Plant Genetic Resources in Kachin State and Chin State of Myanmar in 2017. APEIPGR 34

YOSHIDA et al. (2018) Collaborative Survey and Collection of Brassica Vegetable Genetic Resources in the Myanmar. APEIPGR 34.

NAGASHIMA et al. (2018) Field Survey and Collection of “chinbao”, Hibiscus spp. in Chin State of Myanmar (20th of December 2017–1th of January 2018) APEIPGR 34.

YOSHIDA, S., K. WAKUI, Zin Thu Zar Maung, Than Naing Oo, Ohm Mar Saw, K. IRIE (2019) Collaborative Survey and Collection of Brassica Vegetable Genetic Resources in Myanmar in 2018 and 2019. AREIPGR Vol. 35: 205-21.

吉田 沙樹・島村 優季・谷ちぐさ・長嶋麻美・菊野日出彦・和久井健司・ Sander MOE・
Ohm Mar Saw・ Than Naing Oo・入江憲治 (2020) ミャンマー連邦共和国 におけるアブラ
ナ 科野菜 ” Mohn Nyin” の 探索収集 とその実態. 日本熱帯農業学会第125回講演会. 2020
年3月

SHIMOMURA, K., Ohm Mar Saw, Min San Thein (2020) Collaborative Exploration of
Cucurbitaceae Vegetable Genetic Resources in Myanmar in 2019. AREIPGR Vol. 36: 印
刷中

KONDO, F., O. M. Saw, K. MATSUSHIMA (2020) Collaborative Exploration of Capsicum
Plant Genetic Resources in Northwest Myanmar. AREIPGR Vol. 36: 印刷中

Kondo, F., S. Yoshida, Ohm Mar Saw, K. Shimomura, N. Yomooka, K. Matsushima (2020)
Collaborative exploration of Capsicum plant genetic resources in Northwest Myanmar.
日本熱帯農業学会. 2020年3月

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	A5	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	A 探索		
実行課題名	A5 キルギス探索		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 遺伝資源センター・調整室・友岡憲彦		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	筑波大学・生命環境系・吉岡洋輔、農研機構・野菜花き研究部門・柿崎智博、農研機構・北海道農業研究センター・嘉見大助、弘前大学・農学生命科学部・田中克典、東京農業大学・熱帯作物学研究室・入江憲治		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

キルギス共和国は中央アジアに位置し、野菜類とその近縁種等の多様な植物遺伝資源の収集が期待できる国である。本課題では、キルギス共和国農業土地改良省農作物専門局・ジーンバンクを共同研究相手とし、果菜（特にウリ科）と葉根菜の遺伝資源を1年目の主対象作物とする。2年目以降については、前年度の探索結果と現地との協議に基づいて対象作物を決定する。各年度キルギス各地を探索対象とし年間2隊の現地調査を実施する。年間140点、2年間で240点以上の収集を目標とする。以上の作物の現地調査・収集は、キルギス国内で行う遺伝資源特性評価や遺伝資源増殖・特性評価手法の技術移転、並びに、キルギス以外の国で実施する課題と連動して行う。

2) 研究方法

各年度、葉根菜隊とウリ科隊の2隊（各2名）をキルギスに派遣し、キルギス・ジーンバンクやキルギス国立科学アカデミーの研究者とともにキルギス全土で野菜類遺伝資源の調査・収集を行う。収集された遺伝資源は二国で折半し、日本分の種子はキルギス側の輸出許可が得られ次第、農研機構ジーンバンクに送付する。

3) 研究結果

令和元年度に葉根菜隊とウリ科隊の2隊（各2名）をキルギスに派遣し、キルギス・ジーンバンクやキルギス国立科学アカデミーの研究者とともに調査・収集を行った。葉根菜隊は7月9日から17日かけて、キルギス北部・西部のビシュケク特別市、チュイ州、イシククル州、ナリン州およびタラス州において、ホウレンソウ、アブラナ科作物、ニンジン、レタスとその近縁種を主として、野菜類全般について調査と収集を行った。ウリ科隊は9月19日から25日にかけて、ビシュケク特別市、チュイ州、オシ州およびジャララバード州に

において、メロンとカボチャ遺伝資源の調査と収集を行った。葉根菜隊は路肩、畑、草原、山などの自生地で種子を採種するとともに、市場において来歴等について聞き取り調査を行い、種子を入手した。ウリ科隊は市場等において来歴や栽培時期等について聞き取り調査を行い、種子や熟果を収集し、熟果の場合は数日中に採種した。以上の探索により、葉根菜隊は9科16属30種の合計138点の野菜類およびその近縁種の遺伝資源を収集した。ウリ科隊はメロン遺伝資源23点、カボチャ遺伝資源93点（セイヨウカボチャ23点、ニホンカボチャ38点、ペポカボチャ7点）を収集した。収集した遺伝資源合計254点の種子はそれぞれ二等分し、片方をキルギス・ジーンバンクに保存し、もう片方を日本へ輸送した。ただし、種子が十分に乾燥していない遺伝資源が31点、輸入時の書類不備により廃棄処分となった遺伝資源が2点あったため、令和元年度中に日本に導入できた遺伝資源は合計221点であった。令和2年度には8月上旬に葉根菜隊を、8月下旬にウリ科隊を派遣し、キルギス・ジーンバンクと共同で探索を実施する予定であったが、新型コロナウイルス感染症の問題で日本から研究者を派遣できないことから探索を中止した。

4) 成果活用における留意点

導入した遺伝資源は増殖・特性評価終了後に配布可能になる予定である。

5) 今後の課題

導入した遺伝資源を農研機構ジーンバンクから公開・配布できるように、特性評価および種子増殖を進める必要がある。

<引用文献>

柿崎智博、吉岡洋輔、Nazugl Zhumakadyrova、Bermet Imanbaeva、Usupbaev Adilet (2020) キルギス共和国における葉根菜類遺伝資源の探索と収集 1. 園芸学会2020年3月
YOSHIOKA et al. (2020) Collaborative Exploration of Vegetable Genetic Resources in Kyrgyz in 2019. APEIPGR 36. 印刷中

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	B11	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	B11 キュウリ遺伝資源のウイルス病抵抗性の評価		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・ 川頭洋一		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・ 川頭洋一・下村晃一郎		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

わが国におけるキュウリの産出額は年間1,500億円近く、野菜では常に上位を占める主要野菜の一つである。今後の地球温暖化問題への対応や、安定生産・需要拡大による国内農業の競争力強化のためには、実需者・消費者ニーズに対応した新品種の開発が重要である。特にキュウリ産地では多くの病害が発生し、その生産に大きな影響を及ぼしていることから、民間種苗会社では病害抵抗性品種の育成が最重要視されている。しかし、多くの病害で抵抗性品種は育成されておらず、新規遺伝資源の導入により抵抗性素材を見だし、これらの特性情報や素材を民間種苗会社に提供することで早期に育成を着手できることが望まれる。そこで本課題では、画期的新品種開発を促進するため、日本を含むアジア地域で問題になっている重要なウイルス病（パパイヤ輪点ウイルスススイカ系（PRSV-W））に対する抵抗性を調査する。また平成30年度は、共同研究相手国（ベトナムPRC）においてキュウリ遺伝資源の特性調査を行う。

2) 研究方法

キュウリ遺伝資源のPRSV-W抵抗性を人工接種により評価した。ガラス温室または恒温器（25℃、16時間日長条件）で栽培した。播種後7日前後の幼苗の子葉2枚にPRSV-Wを接種、接種約14日後の上位葉における発病程度に基づいて抵抗性を評価した。発病評点は、0：無病徴、1：本葉に僅かなモザイク症状が認められる、2：本葉にモザイク症状が認められる、3：本葉に奇形を伴う激しいモザイク症状が認められる、とした。

ベトナムにおける特性調査については、キュウリ遺伝資源をPRCの圃場で栽培し、特性評価マニュアル一次必須（19項目）、二次必須（1項目）、三次必須（4項目）を調査した。

3) 研究結果

各年度50点、3年間で合計150点のキュウリ遺伝資源について、PRSV-W抵抗性一次スクリーニングを行った。1年目に選抜した6系統について、2年目に抵抗性検定を行った結果、6系統とも中程度抵抗性が確認された。2年目に選抜した10系統について、3年目に抵抗性検

定を行った結果、7系統で中程度抵抗性が確認された。3年目は、発病評点が低い3系統を選抜した。

ベトナムにおける特性調査については、PRC保有キュウリ遺伝資源64点および日本型キュウリ3点の特性調査・種子増殖を行い、合計950点の新規特性情報を得た。

4) 成果活用における留意点

本課題で見いだされた抵抗性系統は、完全な抵抗性ではないことに留意する必要がある。

5) 今後の課題

3年目（最終年度）に選抜した3系統の二次検定を行う必要がある。PRSV-W抵抗性検定が未調査の海外遺伝資源について抵抗性を調査する必要がある。育種に効率的に利用できるよう、抵抗性素材の遺伝解析を行い、DNA選抜マーカーを開発することが望ましい。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	B12	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	B12 キュウリ遺伝資源の糸状菌病抵抗性の評価		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・川頭洋一		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者名	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・下村晃一郎・川頭洋一		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

キュウリ産地では多くの病害が発生し、その生産に大きな影響を及ぼしており、民間種苗会社では病害抵抗性品種の育成が最重要視されている。糸状菌病害であるうどんこ病、べと病は古くから発生しているにもかかわらず、いまだに全国のキュウリ産地で発生し甚大な被害をもたらしている。現在の主力品種でも防除することは難しく、生産者は被害低減策として農薬散布、養分管理、施設内の温湿度管理などを実施しているのが現状である。しかし、これらに強い抵抗性を示す品種は育成されておらず、新規遺伝資源から抵抗性素材を見だし、特性情報や素材を民間種苗会社に提供することは早期の品種育成、病害問題の解決につながる。そこで本課題では、画期的新品種開発をめざし、日本を含むアジア地域で問題になっている重要な糸状菌病（うどんこ病、べと病）に対する抵抗性を、国内外の遺伝資源を用いて調査する。

2) 研究方法

東南アジア、南アジア等から探索・収集したキュウリ遺伝資源および野菜花き研究部門が有する海外キュウリ遺伝資源約150点のうどんこ病、べと病抵抗性を人工接種により評価した。抵抗性検定試験は人工気象室またはインキュベーター内（うどんこ病：20℃および25℃、べと病：20℃、16時間日長条件）で行なった。検定個体は苗テラスで育成し、播種後2～3週間の苗の第1または第2本葉を供試した。葉を直径8mmの生検用パンチで切り抜き、マンニトールを含む寒天培地に置床した。うどんこ病については、完全に罹病した接種葉（およそ5cm²）の胞子を物理的に一定の面積（415cm²）に振り落とすことによって検定葉に接種した。べと病については、濃度1～0.5×10⁵個/mLの胞子懸濁液を作成し、噴霧接種した。発病評点は、0：無病徴、1：わずかに病徴が認められる、2：病徴が認められる、3：子葉および本葉全体に病徴が認められる、とした。

3) 研究結果

キュウリ遺伝資源のうどんこ病・べと病抵抗性評価：147品種・系統のキュウリ遺伝資源

についてうどんこ病およびべと病抵抗性の一次スクリーニングを実施した。うどんこ病で10系統、べと病で2系統の抵抗性系統を選抜した。また、一次スクリーニングで抵抗性と評価されたもののうちうどんこ病については7系統の二次スクリーニング、べと病については1系統の二次スクリーニングを実施した。うどんこ病の二次スクリーニングを実施した7系統について、25℃の処理区では7系統とも中程度抵抗性を示し、そのうち2系統は20℃の処理区でも中程度抵抗性を示した。べと病の二次スクリーニングを実施した1系統については、罹病性を示した。

4) 成果活用における留意点

うどんこ病抵抗性系統は、20℃および25℃の両温度処理区で中程度の抵抗性を持つことから、育種素材として有望であると考えられる。

5) 今後の課題

引き続きうどんこ病抵抗性、べと病抵抗性について一次および二次スクリーニングを実施する必要がある。その後、抵抗性を有する系統については、罹病性系統との交雑後代を用いた遺伝解析を実施し、抵抗性遺伝子座の同定と抵抗性系統を選抜できるマーカーの開発が望まれる。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	B13	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	B13 キュウリ遺伝資源の遺伝的多様性解析		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・ 川頭洋一		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	岡山大学環境生命科学研究科・植物遺伝育種学研究室・加 藤鎌司・西田英隆		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

キュウリはアジア原産であることから、原産地に近い南アジア・東南アジアのキュウリは多様性が高く、病害抵抗性等の有用形質が見いだされる可能性が高い。そこで本課題では、新品種開発を促進するため、アジア原産のキュウリ遺伝資源を主に用いて病害抵抗性などの特性情報を取得し、アクセス可能な遺伝資源として農研機構ジーンバンクから公開する。具体的には、プロジェクトで収集したキュウリ遺伝資源および野菜花き研究部門保有の遺伝資源を用いて、既知の病虫害抵抗性遺伝子について、抵抗性判別マーカーを開発してコアコレクション候補系統の遺伝子型を評価する。加えて、病害抵抗性や栄養・機能性等の有用な形質をもつ新たな育種素材を探索する際に、多様性を網羅する小規模な系統セット（コアコレクション）から研究を開始することが効率的であることから、核・葉緑体のDNAマーカーを用いてキュウリ遺伝資源を評価し、コアコレクションを構築し農研機構ジーンバンクから公開する。

2) 研究方法

- ①農研機構野菜花き研究部門が保有するキュウリ遺伝資源について、各5個体程度の幼苗の子葉を混合してCTAB法によりDNAを抽出し、次世代シーケンサー（イルミナ社，HiSeq 4000）を用いたGBS解析によりゲノムワイドかつより詳細な多様性データを獲得する。
- ②ゲノムワイドな配列多型データを用いてクラスター解析し、遺伝資源の類縁関係を明らかにする。遺伝資源の多様性を代表しうる80点程度を選定し、コアコレクション候補とする。さらに耐病性などの有用形質をもつ20点程度を加えて、計100点のコアコレクション系統を選定する。
- ③コアコレクション候補を栽培して特性評価するとともに種子を増殖する。
- ④褐斑病抵抗性遺伝子およびZYMV抵抗性遺伝子の選抜DNAマーカーを開発し、コアコレクション候補系統の遺伝子型を決定する。

3) 研究結果

- ① キュウリ 遺伝資源648点のGBS解析によりゲノムワイドなDNA多型データを取得した。解析した遺伝資源は4つのクラスターに分類されたが、それぞれ南アジア、欧米、東南アジア、東アジアの遺伝資源が多くを占めるクラスターであり、遺伝資源の原産地と概ね対応する結果が得られた。
- ② Genocoreを用いた解析により遺伝資源648点の多様性を代表しうる81点を選定した。さらに耐病性などの有用形質をもつ19点を加えて、計100点のコアコレクション系統を選定した。
- ③ 2019年と2020年の2カ年にわたってコアコレクション各25系統の栽培を実施した。栽培個体数は各系統5個体であり、一次必須項目の特性を調査し、自家受精により種子を増殖した。
- ④ 2019年と2020年の2カ年に渡ってコアコレクション各25系統の病害抵抗性遺伝子型を解析した結果、ネパールとカンボジアに褐斑病抵抗性系統が多いこと、ネパールとラオスにZYMV抵抗性系統が多いことが明らかになった。これらの付加情報によりコアコレクションの高度化が図られた。

4) 成果活用における留意点

コアコレクション系統の中には病害抵抗性遺伝子型がヘテロのものがある。ヘテロであっても抵抗性遺伝子を持つので有用な遺伝資源であるが、その維持・配布には注意が必要である。

5) 今後の課題

コアコレクション100系統のうち50系統については特性評価、種子増殖、病害抵抗性遺伝子型解析を完了したが、残りの50系統についても進める必要がある。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	B14	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	B14 キュウリ遺伝資源の特性評価		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・ 川頭洋一		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	愛知県農業総合試験場・園芸研究部・野菜研究室 安永美紗子・宇佐見仁・大川浩司		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

キュウリは年間1,400億円近い産出額をあげるわが国の主要野菜の一つであり、さらなる安定生産や需要拡大のためには、病害の発生や実需者・消費者ニーズに対応した新品種の開発が重要である。特に近年、キュウリ産地において微小昆虫媒介性のウイルス病の発生が問題となっており、地球温暖化に伴いその発生地の拡大が懸念されている。産地からは抵抗性品種の導入が求められているが、多くの病害で抵抗性品種は育成されておらず、新規の遺伝資源からの抵抗性素材の導入が必要とされている。キュウリはアジア原産であることから、アジア地域における多様性が高く、アジア地域の遺伝資源からの有用な育種素材の発見が期待される。しかし、アジア地域の途上国の多くは食糧および農業のための植物遺伝資源に関する国際条約（ITPGR）に加盟しているものの「多数国間の制度」への遺伝資源登録は進んでいないため、どのような遺伝資源を保有しているのか把握できない状況にある。よって、これら国の遺伝資源を調査し、遺伝資源の特性を評価することは、今後の育種に大きく貢献する。そこで本課題では、画期的新品種開発を促進するため、特性評価・病害検定等に専門的な知識・技術をもつ国内の研究機関が参画・連携し、アジアを中心としたキュウリ遺伝資源を用いて病害抵抗性などの特性情報を取得し、アクセス可能な遺伝資源として農研機構ジーンバンクから公開する。愛知県農業総合試験場では、年間20～30点の海外キュウリ遺伝資源を用い、植物体・果実の重要特性（植物特性評価マニュアル改訂版の一次必須評価項目）を調査するとともに、種子増殖を実施する。

2) 研究方法

3月下旬に、供試系統30系統と標準品種を播種し、5～8月に植物体・果実の重要特性の調査および種子増殖を実施した。

3) 研究結果

89系統の海外キュウリ遺伝資源について、植物体・果実の重要特性を調査した。また、そのうち81系統で目標の50g以上の種子を採種した。

4) 成果活用における留意点

なし

5) 今後の課題

現在、海外遺伝資源探索で収集したキュウリ遺伝資源のうち、特性評価と種子増殖が実施されていないものが多く残されている。これらも同様に植物体・果実の重要特性を調査し、種子増殖を図って、アクセス可能な遺伝資源として農研機構ジーンバンクから公開できるよう準備を進める必要がある。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	B15	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	B15 キュウリ遺伝資源の炭疽病抵抗性の遺伝解析		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・ 川頭洋一		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	筑波大学生命環境系・吉岡洋輔		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

わが国のキュウリ生産は出荷時期によって冬春キュウリと夏秋キュウリに分類され、前者は施設栽培で、後者は主に露地栽培で生産されている。露地栽培は導入の簡便さや省コスト等の利点がある一方で、温湿度や土壌水分量等の栽培環境を人為的に制御することが難しく、病害が蔓延しやすいという大きな欠点がある。露地栽培において減収をもたらす代表的な病害にキュウリ炭疽病がある。キュウリ炭疽病は広範なウリ科植物を宿主とするウリ類炭疽病菌 (*Colletotrichum orbiculare*) によって引き起こされる病害である。本菌は葉、茎および果実を侵し、これら器官の表面に形成された分生子が降雨によって移動することで植物体全体に感染が拡大する。病勢が進むと著しく減収となるほか、果実表面にも病斑が形成されるため収穫果の品質も低下する。本病に対しては、圃場の排水性の向上、適切な肥培管理、疎植による風通しの向上および次作の伝染源となる被害残渣の徹底した除去等の処置や薬剤散布による予防が行われている。しかし、これらの防除法を徹底しても病気の発生・蔓延を完全に抑えることは困難であり、産地では抵抗性品種の開発が強く望まれている。そこで本研究では、過去の研究で見出された抵抗性遺伝資源の炭疽病抵抗性の遺伝性を明らかにするとともに、DNAマーカー選抜技術を確立する。

2) 研究方法

PGRAsiaプロジェクト第I期において選抜した炭疽病抵抗性系統「晩黄瓜」とカンボジア由来の2系統を対象にして、①異なる炭疽病菌株を用いた抵抗性の再評価を行うとともに、②既報の炭疽病抵抗性遺伝子との関連を調査した。また、③抵抗性系統と罹病性系統の交雑後代 (F₂世代およびF₂系統別F₃世代) を作出し、④交雑後代の抵抗性評価と遺伝子型評価 (SNP) 結果に基づいてQTL解析を行った。さらに、⑤共同研究相手国への技術移転を目的に、共同研究相手国から研究員を招へいし、キュウリの耐病性検定法およびDNA分析法等に関わる技術指導を行った。

3) 研究結果

①炭疽病抵抗性の再評価：中国由来の遺伝資源「晩黄瓜」は弱毒型菌株 (MAF240422) では

強度の抵抗性（無病徴）を示し、強毒型菌株（MAF306737）に対しても中程度の抵抗性を示した。一方、カンボジア由来の2系統も弱毒型菌株に対しては強い抵抗性を示し、強毒型菌株に対しては中程度の抵抗性を示したものの、その抵抗性の強さは「晩黄瓜」ほどではないことがわかった。この結果から、以下の解析では「晩黄瓜」のみを対象にした。

- ②既報の炭疽病抵抗性遺伝子との関連性の調査：主にアメリカで長年用いられてきた複合病害抵抗性（炭疽病を含む）の育種素材が保有する抵抗性関連遺伝子 *STAYGREEN* について、「晩黄瓜」のアリルをCAPSマーカーにより調査した結果、「晩黄瓜」は抵抗性型アリルを保有しないことが明らかになった。さらに、*STAYGREEN* 遺伝子が抵抗性型ホモである系統でもわが国の菌株には強度の抵抗性を発揮しないことが分かった。
- ③遺伝解析材料の作出：罹病性親として、ベイトアルファ型の固定系統を選定し、抵抗性親の「晩黄瓜」との交雑後代（ F_1 、 F_2 および F_2 系統別 F_3 世代種子（206系統））を作出した。
- ④QTL解析：交雑後代（ F_2 世代）の各個体をRAD-Seq解析に供試し、得られたSNPsのうち623個を用いて、全長1357.2cM、平均ギャップ2.2cM、最大ギャップ12.7cMの連鎖地図を構築した。弱毒型菌株の接種検定において、罹病性親と抵抗性親「晩黄瓜」の平均DSI（発病指数：接種1週間後に病斑の数と大きさを基準に8段階で評価）はそれぞれ5.4、1.3、正逆 F_1 の2系統は2.1と1.8であった。 F_2 系統別 F_3 系統の平均DSIは0～6の範囲で連続的に分離した。強毒型菌株の接種検定では、罹病性親の平均DSIと生存率はそれぞれ6.9、11.1%、抵抗性親「晩黄瓜」は3.6、100%、正逆 F_1 の2系統はそれぞれ6.2、61.5%と6.0、91.7%となった。多くの F_2 系統別 F_3 系統の平均DSIは6から7の範囲に分布し、生存率は非連続的な分離を示した。QTL解析により、弱毒型菌株では第5連鎖群の34.0cMと第2連鎖群の120.0cMにQTLが検出された。一方、強毒型菌株の平均DSIでは第1連鎖群の115.3cMと第2連鎖群の161.0cM、第6連鎖群の85.5cMにQTLが検出された。生存率では第1、第2および第6連鎖群で検出され、第1と第2連鎖群上のQTLのピーク位置と座乗領域は、平均DSIで検出されたQTLと概ね一致した。ただし、第6連鎖群のQTLは、平均DSIとは異なる位置（40.4cM）に検出された。以上の結果から、検出されたQTLは、②で供試した既知の炭疽病抵抗性遺伝子 *STAYGREEN* とは異なる物理位置にあり、新規抵抗性遺伝子座であると示唆された。全てのQTLにおいて「晩黄瓜」由来のアリルはDSIを減少させ、生存率を向上させる効果を示した。この内、弱毒型菌株で第5連鎖群に検出されたQTLと、強毒型菌株で第1および第2連鎖群に検出された2つのQTLは寄与率が高く、「晩黄瓜」由来アリルがDSIを大幅に下げ、生存率を最も向上させた。これらのQTLは「晩黄瓜」の抵抗性における主動遺伝子座として、特に重要であると考えられる。
- ⑤共同研究相手国への技術移転：2019年1月にベトナム植物資源センターから研究員1名を受け入れ、筑波大学においてジェノタイピングデータに基づく多様性解析に関する研修を行い、農研機構野菜花き研究部門でSSRマーカーによるDNA分析法の研修を行った。

4) 成果活用における留意点

炭疽病抵抗性系統「晩黄瓜」は異なる炭疽病菌株に対して強度または中程度の抵抗性をもつことから、育種素材として有望であると考えられる。ただし、その抵抗性には複数の遺伝子が関与していることが示唆され、育種において選抜効率を上げるためにはDNAマーカー選抜の確立とその利用が必要である。

5) 今後の課題

引き続き抵抗性系統「晩黄瓜」と罹病性系統の交雑後代を用いたQTL解析を行うとともに、戻し交雑集団等を用いて、検出されたQTLの効果を検証する必要がある。また、抵抗性系統「晩黄瓜」と日本型固定系統の交雑後代についても抵抗性評価と遺伝子型分析を行い、「晩黄瓜」の抵抗性アレルが日本型キュウリの遺伝的背景で機能するかを確認する必要がある。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	B21	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	B21 メロン遺伝資源の遺伝的多様性解析		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・川頭洋一		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	岡山大学環境生命科学研究科・植物遺伝育種学研究室・加藤鎌司・西田英隆		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

病害抵抗性や栄養・機能性等の有用な形質をもつ新たな育種素材を探索する際に、多様性を網羅する小規模な系統セット（コアコレクション）から研究を開始することが効率的であることから、核ゲノム（課題B21）および葉緑体ゲノム（課題B24）の解析結果を総合して約750点の遺伝資源の中から約100点程度のコアコレクション候補系統を選定する。コアコレクション候補系統の種子を配布するために、特性評価および種子増殖を行う。さらに、栽培メロンでは抵抗性素材が見つからない場合に対応するために野生種遺伝資源の形態的・生態的特性・耐病性、並びにメロンとの交雑親和性を評価し、種子増殖する。

2) 研究方法

- ① 農研機構野菜花き研究部門が保有するメロン遺伝資源について、各5個体程度の幼苗の子葉を混合してCTAB法によりDNAを抽出し、次世代シーケンサー（イルミナ社, HiSeq 4000）を用いたGBS解析によりゲノムワイドかつより詳細な多様性データを獲得する。
- ② ゲノムワイドな配列多型データを用いてクラスター解析し、遺伝資源の類縁関係を明らかにする。遺伝資源の多様性を代表しうる80点程度を選定し、コアコレクション候補とする。さらに耐病性などの有用形質をもつ20点程度を加えて、計100点のコアコレクション系統を選定する。
- ③ コアコレクション候補を栽培して特性評価するとともに種子を増殖する。
- ④ MNSV抵抗性遺伝子の選抜DNAマーカーを開発し、コアコレクション候補系統の遺伝子型を決定する。
- ⑤ 岡山大学が保有する *Cucumis* 属の野生種遺伝資源を栽培し、特性評価と種子増殖を行う。

3) 研究結果

- ① メロン遺伝資源778点のGBS解析によりゲノムワイドなDNA多型データを取得した。解析した遺伝資源は5つのグループに分類されたが、細胞質ゲノム型とよ

く対応しており、また遺伝資源の原産地と概ね対応する結果が得られた。

- ② Genocoreを用いた解析により遺伝資源778点の多様性を代表しうる68点を選定した。さらに耐病性などの有用形質をもつ32点を加えて、計100点のコアコレクション系統を選定した。
- ③ 2019年と2020年の2カ年にわたってコアコレクション各25系統の栽培を実施した。栽培個体数は各系統5個体であり、一次必須項目の特性を調査し、自家受精により種子を増殖した。
- ④ 2019年と2020年の2カ年にわたってコアコレクション各25系統のMNSV抵抗性遺伝子型を解析した結果、8点が抵抗性遺伝子をもつことが明らかになった。これらの付加情報によりコアコレクションの高度化が図られた。
- ⑤ 岡山大学が保有する *Cucumis* 属の野生種遺伝資源のうち3種について、特性評価、種子増殖を行った。特性評価の結果、つる割病レース1.2yに抵抗性の遺伝資源を見出した。

4) 成果活用における留意点

コアコレクション系統の中には病害抵抗性遺伝子型がヘテロのものがある。ヘテロであっても抵抗性遺伝子を持つので有用な遺伝資源であるが、その維持・配布には注意が必要である。

5) 今後の課題

コアコレクション100系統のうち50系統については特性評価、種子増殖、病害抵抗性遺伝子型解析を完了したが、残りの50系統についても進める必要がある。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	B22	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	B22 メロン遺伝資源のウイルス病（MYSV）抵抗性の評価		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・川頭洋一		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・川頭洋一・下村晃一郎		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

メロンに固有の問題として、高品質果実の生産が不可欠であり、栽培施設や高度な栽培技術が必要とされることから、特定の産地においてブランドメロンが大規模に栽培されている。その結果、メロン産地において、ウイルス病や糸状菌病等が発生し、大きな問題となっている。既存および新規の病害に対する抵抗性品種の導入が産地から求められているが、一部を除き抵抗性品種は育成されておらず、新規遺伝資源からの抵抗性素材導入が必要とされている。メロンはアフリカ起源とされているが、インドおよび周辺地域は多様性の二次中心として知られており、耐病性遺伝資源の宝庫として期待されている。そこで、アジアを中心としたメロン遺伝資源を用いてウイルス病（メロン黄化えそウイルス（MYSV））抵抗性の特性情報を取得し、アクセス可能な遺伝資源として農研機構ジーンバンクから公開する。

2) 研究方法

メロン遺伝資源のMYSV抵抗性を人工接種により評価した。抵抗性検定試験は恒温器内（14～16時間日長、25～30℃）で行い、播種後7日前後の子葉および播種後14日前後の本葉にMYSV-Sを接種し、一定期間後に上位葉における発病程度を評価した。発病評点は、0：無病徴、1：本葉に僅かな退緑斑点・モザイク症状が認められる、2：本葉に退緑斑点・モザイク症状が認められる、3：本葉に激しいえそ症状・モザイク症状が認められる、とした。

3) 研究結果

1～3年目にそれぞれ39、50、42点、3年間で合計131点のメロン遺伝資源について、MYSV抵抗性一次スクリーニングを行った。1年目に選抜した3系統について、2～3年目に抵抗性検定を行った結果、3系統とも中程度抵抗性が確認された。2年目に選抜した4系統について、3年目に抵抗性検定を行った結果、3系統で中程度抵抗性が確認された。3年目は、発病評点が低い6系統を選抜した。

4) 成果活用における留意点

本課題で見いだされた抵抗性系統は、完全な抵抗性ではないことに留意する必要がある。

5) 今後の課題

3年目（最終年度）に選抜した6系統の二次検定を行う必要がある。MYSV抵抗性検定が未調査の海外遺伝資源について抵抗性を調査する必要がある。育種に効率的に利用できるよう、抵抗性素材の遺伝解析を行い、DNA選抜マーカーを開発することが望ましい。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	B23	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	B23 メロン遺伝資源の生育特性および糸状菌病抵抗性評価		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・川頭洋一		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	茨城県農業総合センター生物工学研究所・野菜育種研究室 葛谷真輝・大寺宇織・柏木優		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

アジアを中心としたメロン遺伝資源を用いて病害抵抗性および重要形質の特性情報を取得し、アクセス可能な遺伝資源として、農研機構ジーンバンクから公開する。

2) 研究方法

(特性評価および種子増殖)

メロン遺伝資源各5株をガラス温室で栽培し(立性栽培、1本仕立て、1株1～2果採り、定植：6月上旬～8月中旬、交配(自殖)：6月下旬～11月中旬)、生育(5項目)および果実特性(9項目)評価、種子増殖を行った。

(糸状菌病抵抗性評価)

つる割病菌レース1, 2yに対する抵抗性検定は、浸根接種法により、接種21日後の病徴について、発病度を4段階(0：無病徴～3：枯死)で達観評価した。うどんこ病菌レース0に対する抵抗性検定は、リーフディスク検定法により、接種14日後の病徴面積を5段階(0：無病徴、1：0～10%、2：10～30%、3：30～50%、4：50～100%)で達観評価した。

また、抵抗性検定により病害抵抗性を持つと判断した遺伝資源については、自殖と接種検定を繰り返し、抵抗性の固定を図った。

3) 研究結果

(遺伝資源の特性評価および種子増殖)

カンボジア、キルギス国内から新規に導入された遺伝資源60点について、生育特性(草姿、主つるの節間長、葉身の大きさ、花性、雌花着生率)、ならびに果実形質(果実の縦断面の形、果皮の地色、果実のいぼの有無、成熟果の果柄の付着の強さ、果実の溝の強弱、果実の表面のしわの強弱、ネットの密度、果実の重量、種子の長さ)の14項目について、特性調査と種子増殖を行った。生育特性については、どの遺伝資源も系統内で分離は見られなかったが、果実形質については、系統内で分離が見られた。このことから、収集された遺伝資源は系統内に遺伝的な変異を保有しており、自殖により固定度が進むことが推定された。

(糸状菌病抵抗性評価)

アジア、アフリカから新規に導入された遺伝資源について、重要な糸状菌病害（つる割病菌レース1, 2yおよびうどんこ病菌レース0）に対する抵抗性評価を行った。これまでに、117点の遺伝資源（カンボジア遺伝資源78点、キルギス遺伝資源20点、岡山大保有のスーダン遺伝資源19点）について、一次検定を終了している。つる割病菌レース1, 2yに対する一次検定の結果、カンボジア由来の3系統、キルギス由来の3系統が、系統内で反応に分離が見られ、中間型または抵抗性の反応を示す個体を含んでいた。現在、二次検定中であり、年度内に調査が終了する予定である。うどんこ病菌レース0に対する一次検定の結果、スーダン由来の遺伝資源1点が中間型の反応を示したが、二次検定で抵抗性を示す個体はなく、罹病性であると判断した。また、うどんこ病菌レース0に対して抵抗性を示す個体を含むインド遺伝資源2点について、自殖と接種検定による選抜により固定を進め、自殖第3世代までを得ている。また、うち1点については圃場抵抗性を示し、既存の抵抗性とは異なる抵抗性遺伝子を保有していることが推察された。

4) 成果活用における留意点

つる割病菌レース1, 2yに対する一次検定の結果、有望な6系統が見いだされた。系統内で反応に分離が見られたことから、二次検定により抵抗性の程度を確認する必要がある。うどんこ病菌レース0に対し、2点のインド遺伝資源は抵抗性の個体を多く含んでおり、有望であると思われた。系統内で反応に分離が見られたことから、自殖により固定を進めるとともに、特に圃場抵抗性を示す1点については、うどんこ病に対する反応を再度詳細に評価する必要がある。

5) 今後の課題

導入された遺伝資源は、系統内に遺伝的な変異を含むことが示唆された。病害抵抗性に関しては反応に分離が見られることから、一次選抜、二次選抜を終了後、自殖により固定を進めるとともに、反応を再度詳細に評価する必要がある。有望な抵抗性遺伝資源については、遺伝解析を実施し、遺伝資源の有する抵抗性遺伝子が、新規の抵抗性遺伝子か否かを評価する。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	B24	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	B24 マーカーを用いたメロン遺伝資源の耐病虫性評価		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・川頭洋一		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	弘前大学農学生命科学部・植物遺伝育種学研究室・田中克典 弘前大学農学生命科学部・作物育種学研究室・石川隆二		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

耐病虫性メロン品種の育成には抵抗性素材の探索が不可欠であるが、これまで行われてきた接種検定法では解析可能な系統数が限られていた。そこで、コアコレクションを含むメロン遺伝資源から効率的に耐病虫性系統を見出すためにワタアブラムシの寄生とワタアブラムシ媒介性ウイルス病への耐性に関わる遺伝子 (*Vat*遺伝子)、つる割病抵抗性遺伝子 (*Fom-1*, *Fom-2*) およびうどんこ病抵抗性遺伝子にDNAマーカーの開発ならびに抵抗性遺伝子を保有する系統の検出を試みた。

2) 研究方法

ワタアブラムシ抵抗性遺伝子 (*Vat*) については、既知の抵抗性系統と罹病性系統について *Vat* 遺伝子ならびに類似の塩基配列を解析することによって機能的に重要な塩基配列変異を特定し、遺伝子型識別用マーカーへ改良した。耐病虫性系統の検出効率は、メロン遺伝資源について抵抗性遺伝子型を評価することによって検討した。つる割病抵抗性遺伝子 (*Fom-1*, *Fom-2*) については、シーケンス解析によって機能的に重要なSNPを解析した。うどんこ病のレース1とレース2に対する抵抗性遺伝子については、遺伝子とその近傍の塩基配列データについてマーカー開発のために解析した。

3) 研究結果

ワタアブラムシの寄生とワタアブラムシ媒介性ウイルス病への耐性に関わる遺伝子 (*Vat*) は、CC-NBS-LRRという特徴を持つ配列で構成されている。このうち、LRRの反復単位数は、耐性系統で4回、感受性系統では2回と異なる。反復を含む領域について塩基配列を解読したことによって、耐性系統には *Vat* 遺伝子とは別にLRRの反復単位数が4回の配列が検出された。そこで、*Vat* 遺伝子のみを識別するために、nested PCRと制限酵素処理とを組み合わせる方法を開発した (第1図)。この方法によって、耐性が既知の系統を識別することができたが、PCR増幅できない系統や *Vat* 遺伝子に類似の領域が増幅される系統が認められた。そこでこれらの15の系統について塩基配列を解読し、*Vat* 遺伝子と類似の領域とを識別できる塩基配列を見出した後に、nested PCRに用いるプライマー配列を改良した。この

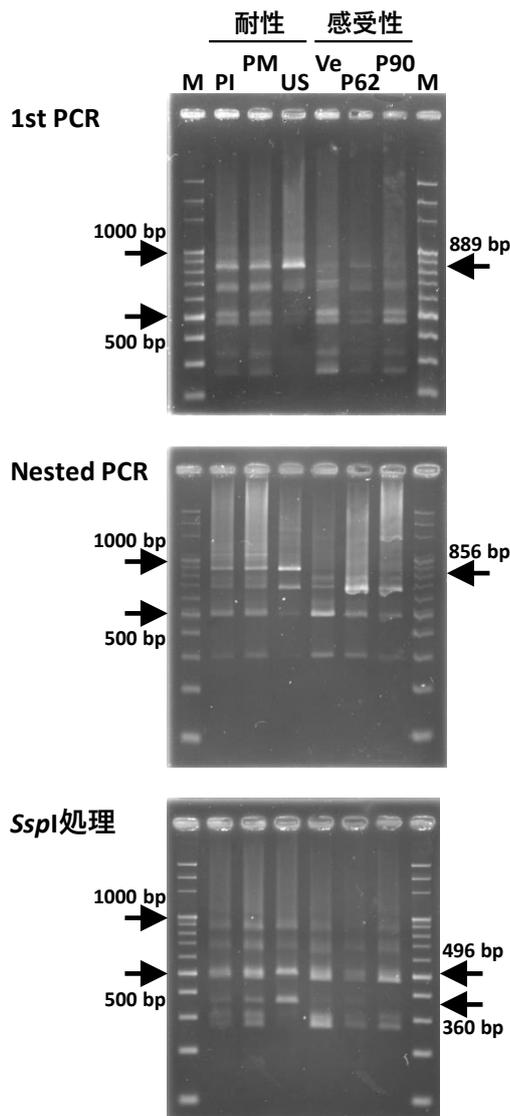
方法によって前述の15系統を含む多様な219系統のメロンから*Vat*遺伝子を有する系統を分類することが可能であった。なお、*Vat*遺伝子を有する系統が9系統 (3.6%)と低頻度であったことから、本方法は耐性検定に用いる系統数を大幅に減らして、検定の省力化に貢献することがわかった。

4) 成果活用における留意点

特になし。

5) 今後の課題

ワタアブラムシ抵抗性遺伝子マーカーについて実用性が確認できた。マーカーを用いてコアコレクションを含むメロン遺伝資源を解析することで、新規の抵抗性系統を見出すとともに、コアコレクションの高度化を図る。つる割病抵抗性遺伝子 (*Fom-1*, *Fom-2*) とうどんこ病のレース1と2に対する抵抗性遺伝子におけるマーカーは早々に開発を完了させて、コアコレクションの評価に適用することで、抵抗性系統を選出することにつなげる。



第1図 *Vat*遺伝子特異的DNAマーカーによる耐性系統の識別

系統の並びは上段と中段および下段との電気泳動において同じである。M1: 100bp DNA ladder。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	B31	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	B31 カボチャ遺伝資源の特性解明およびうどんこ病抵抗性評価		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・川頭洋一		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 北海道農業研究センター・嘉見大助		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

カボチャは栽培面積が約18,000haと野菜の中でも大きく、特に、北海道は国内供給の約半分を占める大産地であることから、重要な作物に位置づけされている。しかし、栽培期間中の病虫害や果実の貯蔵性の問題があり、安定生産や周年供給を行うための妨げとなっている。特に、うどんこ病については、強度抵抗性の素材が無いため、抵抗性の品種がなく、生産地では対応に苦慮しているのが現状である。また、国産カボチャの周年供給への要望は強いが、これまで長期貯蔵に耐えうる高貯蔵性と品質（粉質性、糖度、色など）を兼ね備えた品種はなかったため、海外からのカボチャで独占される状況を招いてきた。熱帯アジア地域は、病害の発生が多く、果実も腐敗しやすい環境にある。そのため、これら地域の遺伝資源を調査し遺伝資源の特性を評価して、目的とするうどんこ病抵抗性や貯蔵性の高い育種素材の探索を行う。

本課題では、カボチャ国内最大産地の北海道において、海外の遺伝資源の主要項目を調査するとともに、幼苗への菌接種および圃場における目視調査によるうどんこ病の耐病性検定を実施し、有望な系統を選定する。加えて、果実が採取できた場合には貯蔵性を中心に評価する。

2) 研究方法

海外（ベトナム、カンボジア、ミャンマー、キルギス）から導入されたカボチャ遺伝資源（3年合計で100点）を5月上旬に72穴セルトレイに播種し、5月下旬に黒マルチフィルムを幅約1mで張った畝に定植した。株間は60cmで畝間は5mとした。肥料は極少量とし、農薬は散布しなかった。栽培期間中に草姿特性と開花日を調査し、果実がついた場合は10月15日を最終収穫日として、開花後45日を目途に適宜収穫した。収穫された果実は10℃の冷蔵庫に保存し、保存3か月後の腐敗程度を測定した。

加えて、幼苗検定のため、8月上中旬に遺伝資源を10.5cmポリポットに播種した。自然発生しているうどんこ病感染株から本葉を採取し、これから取り出した菌叢を培養二週間後の幼苗の本葉と子葉に塗布する形で接種を行った。接種10日後を目途に感染程度を評価

した。対照としては日本で最も栽培されているセイヨウカボチャ「えびす」を用いた。

3) 研究結果

海外遺伝資源の殆どはつる性のニホンカボチャ (*Cucurbita moschata*) であった。これらは全般的に開花が遅いことから、北海道においては着果が遅いまたは着果しなかった。そのため、果実貯蔵の評価は殆どの遺伝資源においてできなかった。圃場達観ならびに幼苗検定によるうどんこ病抵抗性評価の点から、ほとんどの遺伝資源が「えびす」よりも高い抵抗性を有していることが確認された。このような経緯から、うどんこ病抵抗性の観点からは海外遺伝資源は優れた遺伝資源が多く見つけられたものの、開花期が遅いため北海道における増殖が困難であることがわかった。

4) 成果活用における留意点

本プロジェクトの遺伝資源は極晩生のニホンカボチャが殆どであることから、日本のカボチャ育種における素材として扱うには、セイヨウカボチャ (*C. maxima*) との種間雑種からの戻し交雑を行う必要がある。加えて、当該遺伝資源は遺伝的に雑駁であるため、育種に用いる場合は遺伝的な固定を別途行う必要がある。

5) 今後の課題

本プロジェクトの遺伝資源は極晩生のニホンカボチャが大部分であることから、増殖そのものが難しく、北海道では殆ど増殖できない場合が多い。九州・沖縄などの比較的東南アジアの気象に近いところでの増殖を検討することが望ましい。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	B32	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	B32 カボチャ遺伝資源のコアコレクションの構築		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・ 川頭洋一		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	筑波大学生命環境系・吉岡洋輔		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

カボチャは栽培面積が約18,000haと野菜の中でも大きく、全国的に栽培されている重要な作物であり、民間種苗会社を中心に活発に育種が行われている。民間種苗会社による遺伝資源の利活用を促進し、わが国のカボチャ品種開発力の維持・向上を図るためには、アクセス可能な多様な遺伝資源を確保するとともに、その特性や来歴等の情報の蓄積と公表が不可欠である。そこで、本課題では農研機構ジーンバンクや共同研究相手国が保存する遺伝資源について、DNA分析に基づいて多様性解析を行い、系統間の類縁関係を明らかにするとともに、保存遺伝資源の多様性を網羅する代表的な品種・系統を選定し、コアコレクションを作成する。また、共同研究相手国でも分子遺伝学的解析ができるよう、カボチャのDNA分析法の研修を実施し、当該技術を移転する。これにより、今後、わが国におけるカボチャ遺伝資源の有効的な探索・収集計画を設計することが可能になり、また、民間種苗会社が耐病虫性や栄養・機能性等の有用な形質をもつ新たな育種素材を探索する際に、評価対象となる遺伝資源を効率的に選定することが可能になる。

2) 研究方法

農研機構ジーンバンクおよび共同研究相手国から新規導入した遺伝資源を対象に、①オルガネラDNAマーカーを用いて種の再同定を行うとともに、②核SSRマーカーにより遺伝的多様性を評価した。また、③SNPジェノタイピングデータに基づいてコアコレクション候補系統を選定した。さらに、④共同研究相手国への技術移転を目的に、共同研究相手国から研究員を招へいし、カボチャの特性評価およびDNA分析法等に関わる技術指導を行った。

3) 研究結果

①オルガネラDNAマーカーを用いた種の再同定：葉緑体の4マーカー (*matK*, *rbcL*, *trnL-F*, *rp116-rp114*) とミトコンドリアの1マーカー (*atp4-ccmc*) について、4種 (*Cucurbita maxima*, *C. moschata*, *C. pepo*, *C. ficifolia*) の塩基配列多型を調査した結果、ミトコンドリアマーカーのみで種を同定できることが分かった。このマーカーを用いて、種の未同定または誤同定が疑われる遺伝資源と、キルギス等から新規導入したカボチャ遺伝

資源41点（キルギス：19、ベトナム：16、カンボジア：2、ミャンマー：4）の種を同定した。

- ②核SSRマーカーによる遺伝的多様性評価：30個の核SSRマーカーのジェノタイピングの結果、遺伝資源612系統について欠損データがほぼない十分なデータが得られ、1マーカーあたり4～24個、平均12.7個、合計380個の対立遺伝子が検出された。遺伝子型データから算出した対立遺伝子数（Na）、ヘテロ接合度の観察値（Ho）、ヘテロ接合度の期待値（He）、近交係数（Fis）および多型情報含有値（PIC）を算出し、主要3種の遺伝資源の遺伝的多様性を明らかにした。また、系統樹と主座標分析により、遺伝資源は主にニホンカボチャ、ペポカボチャおよびセイヨウカボチャの系統から構成される3つのグループが形成され、これら3種以外の遺伝資源の多くはペポカボチャのグループ近傍に位置した。また、セイヨウカボチャについて、遺伝資源と市販F₁品種を比較すると、市販品種にはみられない遺伝的背景をもつ遺伝資源が存在することが分かった。さらに、キルギス等から新規導入したカボチャ遺伝資源41点（キルギス：19、ベトナム：16、カンボジア：2、ミャンマー：4）について、既存の遺伝資源との類縁関係を明らかにした。
- ③コアコレクション候補系統の選定：保存点数の最も多いニホンカボチャを対象に、RAD-Seq解析によりSNPデータを取得し、マイナーアリル頻度や欠損率等に基づくフィルタリングにより、最終的に5,201個のSNPと270系統を解析対象にした。CoreFinderにより270系統の遺伝的変異を100%網羅する49系統をコアコレクション候補系統として選定した。このコアコレクション候補系統には国内由来遺伝資源14点、海外由来遺伝資源34点、由来不明の遺伝資源1点が含まれている。
- ④共同研究相手国への技術移転：2019年1月にベトナム植物資源センターから研究員1名を、2019年8月にキルギス・ジーンバンクから研究員1名を受け入れ、筑波大学においてカボチャ等の野菜類のジェノタイピングデータに基づく多様性解析や栽培・特性評価に関する研修を行った。

4) 成果活用における留意点

ニホンカボチャのコアコレクションの構築では、当初想定していた数よりも少ない49点が選定された。そのため、次年度以降は選定したコアコレクション候補系統の遺伝的多様性を海外ジーンバンクが保有する遺伝資源と比較することで再評価する必要がある。

5) 今後の課題

今後も引き続き遺伝資源の収集と遺伝子型評価を進め、その結果に基づいてコアコレクションの拡充を図る必要がある。また、コアコレクションの配布に向けて、コアコレクション候補系統の種子増殖を行う必要がある。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	B33	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	B33 難増殖カボチャ遺伝資源の特性評価		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・ウリ科・イチゴユニット・ 川頭洋一		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	鹿児島県農業開発総合センター・大隅支場園芸作物研究 室・満留克俊・佐藤光徳		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

カボチャは全国での栽培面積が約18,000haと野菜の中でも大きい。鹿児島県は北海道に次ぐ大産地であることから、県の重要な作物に位置づけされている。しかし、栽培期間中の病虫害や果実の貯蔵性の問題があり、安定生産や周年供給を行うための妨げとなっている。特に、うどんこ病については、強度抵抗性の育種素材が無いため、抵抗性の品種がなく、生産地では対応に苦慮しているのが現状である。また、国産カボチャの周年供給への要望は強いが、これまで長期貯蔵に耐えうる高貯蔵性と品質（粉質性、糖度、色など）を兼ね備えた品種はなかったため、海外からのカボチャで独占される状況を招いてきた。

熱帯アジア地域は、カボチャ生産において、病害の発生が多く、果実も腐敗しやすい環境にある。そのため、これら地域の遺伝資源を調査し遺伝資源の特性を評価して、目的とするうどんこ病抵抗性や貯蔵性の高い育種素材の探索を行う。

しかし、アジア地域のカボチャ遺伝資源のほとんどが、時期を選ばずに開花するセイヨウカボチャ (*Cucurbita maxima*) ではなく、ニホンカボチャ (*Cucurbita moschata*) であるため、雌花が開花するためには短日条件が必要であり、高緯度地帯の北海道では開花がし難く、果実の評価や増殖が困難であるものが多い。

そこで本課題では、短日条件下での栽培が可能な立地条件にある鹿児島県において、北海道で評価が困難な遺伝資源について、うどんこ病、貯蔵性を中心に評価するとともに、種子増殖を行う。また、増殖した系統については、アクセス可能な遺伝資源として農研機構ジーンバンクから配布できるようにする。

2) 研究方法

供試材料はカンボジアとベトナムから導入され、北海道では果実評価と種子増殖が困難であった難増殖遺伝資源とした。まず、難増殖遺伝資源の果実評価と種子増殖に適した作期を明らかにすることを目的に、鹿児島県における8月播種の抑制作型と2月播種の早熟トンネル作型における雌花開花期および着果性について検討した。次に、着果性の優れた早熟トンネル作型において、合計62点の難増殖遺伝資源を供試し、一次必須項目の特性調

査、圃場におけるうどんこ病の発生調査および貯蔵3ヶ月程度における果実の腐敗発生調査を行い、さらに種子増殖も行った。

3) 研究結果

難増殖遺伝資源の果実評価および種子増殖に適した作期を明らかにすることを目的に、作型の違いによる雌花開花期および着果性の違いを検討した結果、供試系統の雌花着生開始節位は抑制作型および早熟トンネル作型のいずれにおいても30節以上で、一般栽培用品種の‘えびす’と比較して極めて高かった。その結果、抑制作型では、雌花開花期以降の気温が低下し、完熟果を得ることが困難であったのに対して、早熟トンネル作型では、雌花開花期以降の気温が上昇することで、完熟果での収穫が可能であった(表1)。以上のことから、難増殖性遺伝資源の特性評価および種子増殖には早熟トンネル作型が適することが明らかとなった。

次に、早熟トンネル作型において3年間で合計62点の難増殖遺伝資源について、一次必須項目の特性調査、うどんこ病の発生調査および貯蔵3ヶ月程度における腐敗発生調査を行い、うどんこ病については発生の少ない13系統、貯蔵性については腐敗の少ない8系統を有望～やや有望として選定した。また、58系統について種子増殖を行った。

4) 成果活用における留意点

うどんこ病抵抗性について有望～やや有望として選定した系統については、着果負担が少ない中で評価を行った系統も含まれるため、着果負担が大きい条件での検討や二次検定が必要と考えられる。また、多くの系統は系統内で果実形状が異なるなど系統内変異を認めたことから、育種利用に当たっては個体での評価および固定化を進める必要があると考えられる。

5) 今後の課題

引き続き難増殖遺伝資源の評価および種子増殖を行い、ジーンバンクからアクセス可能な遺伝資源数を確保するとともに、うどんこ病および貯蔵性について有望～やや有望と評価された系統については、二次検定を行う必要がある。

表1 作型の違いが雌花着生および株当たり収穫果数に及ぼす影響 (2018)

作型	JP番号	雌花着生 ^a (節)	雌花開花期 (月/日)	播種から雌花 開花までの日数 (日)	株当たり 収穫果数 ^b (果/株)	1果重 (kg)
抑制作型 播種日 2017/8/20	JP253526	40.3	11月5日	77	0	—
	JP253534	36.8	10月28日	69	0	—
	JP253554	41.5	11月8日	80	0	—
	JP253555	35.5	10月25日	66	0	—
	JP253557	33.5	10月27日	68	0	—
	えびす	12.0	10月4日	45	1.2	2.23
早熟トンネル作型 播種日 2018/2/9	JP253526	41.5	5月20日	100	0.4	4.75
	JP253534	42.0	5月20日	100	0.4	3.91
	JP253554	39.5	5月15日	95	0.6	4.20
	JP253555	39.2	5月18日	98	1.6	3.47
	JP253557	37.8	5月15日	95	1.4	4.59
	えびす	9.0	4月12日	62	1.8	2.48

^a雌花着生開始節位は5株の平均 ^b株当たり収穫果数は完熟果を調査

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	C41	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	C ナス科野菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	C41 ナス遺伝資源の特性解明と種子増殖		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・宮武宏治・新村芳美・松永啓		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

ナスは、我が国の主要野菜であるが、近年、地球温暖化を始めとする環境条件の変化等より、その生産量は漸減傾向にある。このような状況を打破し、競争力を強化するには、実需者・消費者ニーズに対応可能な、生産性の高い新品種の開発が必要である。そのためには、育種素材となり得る遺伝資源の導入・評価・利用が不可欠である。ナスはアジア原産であることから、アジア地域における多様性が高く、アジア地域の遺伝資源からの有用育種素材の発見が期待される。そこで本課題では、多様なナス遺伝資源を有するラオスとベトナムを共同研究相手国とし、配布可能になっていない農研機構ジーンバンクや野菜花き研究部門が保有するナス遺伝資源、これまでに「PGRAsiaプロ」(H26-29年度)にて海外調査を実施し共同研究相手国に保管しているナス遺伝資源等を対象に、病害虫抵抗性等の特性情報を取得し、アクセス可能な遺伝資源として農研機構ジーンバンクから公開し、産官学におけるナス新品種開発に資する。非金銭的ベネフィットシェアリングとして、共同研究相手国において遺伝資源の特性調査を行い、相手国でも特性評価ができるよう、相手国からの研究者を受入れ、現地での指導を通じてナスの特性評価手法等の能力開発を行う。

2) 研究方法

野菜花き研究部門では、参画機関との調整を図りつつ、独自でも諸特性の評価等を実施し、最終的に参画機関全体として300点(野菜花き研究部門として60点)の遺伝資源を農研機構ジーンバンクから配布可能な状態にする。具体的には、ラオス等から探索・収集したナス遺伝資源および野菜花き研究部門が有する海外ナス遺伝資源20点/年を供試し、重要形質の特性調査を実施するとともに自殖種子を得る。また、青枯病、半身萎凋病および半枯病について、参画機関で抵抗性と判定された品種・系統を供試し、野菜花き研究部門でも

再検定を実施する。さらに、参画機関への供試材料の提供や諸試験の調整等の連携を図る。加えて、相手国における特性調査と種子増殖の実施と指導を行う。

野菜花き研究部門にて、平成30～令和2年度までの3年間、ナス遺伝資源20点を目標に3月播種の露地普通作型で9月下旬まで栽培し、特性調査（38項目）および種子を増殖した。主要病害虫抵抗性評価、特性評価および種子増殖を担当する関係機関と連携・補佐した。令和元年度までに各機関における検定で抵抗性と判断された品種・系統について、二次検定を行った。青枯病については5月下旬に汚染圃場へ定植して9月下旬まで栽培し、萎凋程度等を調査した。半枯病および半身萎凋病については幼苗を用いた人工接種検定を実施した。ラオス北部で現地調査しHRCに保存したナス遺伝資源のうち90点を供試し、45点については4月播種、残り45点については12月播種とし、HRC圃場で栽培し、特性調査（33項目）および種子増殖した。

3) 研究結果

平成30～令和2年度までの3年間に、64点を特性評価に供試し、全ての系統で自殖種子を得た（表1）。また、参画機関のうち、愛知農総試での一次検定で半枯病抵抗性と判定された9点および、高知農技センターでの一次検定で青枯病抵抗性と判定された4点について、青枯病・半枯病・半身萎凋病の各種抵抗性の二次検定を安濃野菜研究拠点において実施したところ、表2の通り、青枯病抵抗性を示す系統が9点、半枯病抵抗性を示す系統が8点、半身萎凋病抵抗性を示す系統が1点見出された。しかし、全ての病害に抵抗性を示すと判定されたES512については、種子の状態が悪く、判定が正確であるか不安があるため、再試験により確認を取る必要がある。また、岡山県における半身萎凋病抵抗性の一次検定で抵抗性と判定された93点のうち、71点について、令和2年度の農研機構の試験においても強度抵抗性と判定された（表3）。ラオスでは、平成30年度、令和元年度に90点ずつ、令和2年度は、半分は計画通りに特性調査および種子増殖を完了し、残り半分を実施中である。ベトナムでは2年間に101点の特性調査を実施した。

4) 成果活用における留意点

参画機関を含め、複数の試験において青枯病・半枯病・半身萎凋病に抵抗性を示す系統が確認された。実用品種への活用には、これら系統が有する遺伝因子を有望な育種母本へ導入し、劣悪形質との連鎖が生じないことを確認する必要がある。特に、半身萎凋病については、抵抗性素材が全て近縁種であることに留意する。

5) 今後の課題

本課題で見出された抵抗性素材のうち、青枯病・半枯病については、栽培種であることから、有望な育種母本への導入は可能であると考えられる。しかし、実用品種の開発に向けて、抵抗性個体を効率よく選抜するには、連鎖マーカーの開発が欠かせない。また、近縁種に由来する半身萎凋病抵抗性因子を栽培種に導入するには、胚珠培養等、何らかの育種操作が必要であることが予想される。

表1 平成30年度から令和2年度の特性調査および種子増殖に供試した系統と採種量

採種年度	品種・系統名	GB保存番号	JP番号	種名	増殖種子量 (g)
2018	1 早生民田	27009178	126450	<i>S. melongena</i>	111
	2 くぼた丸	27009179	126451	<i>S. melongena</i>	102
	3 薄皮丸	27009180	126452	<i>S. melongena</i>	51
	4 絹皮	27009182	126453	<i>S. melongena</i>	169
	5 絵山長ナス	27009183	126454	<i>S. melongena</i>	88
	6 白茄	27009184	126455	<i>S. melongena</i>	130
	7 萩ナス	27009186	126457	<i>S. melongena</i>	43
	8 杉谷ナス	27009284	126554	<i>S. melongena</i>	136
	9 立石ナス	27009285	126555	<i>S. melongena</i>	115
	10 巾着みず茄子	27009286	126556	<i>S. melongena</i>	87
	11 絹皮水なす	27009287	126557	<i>S. melongena</i>	121
	12 交配改良水茄子	27009288	126558	<i>S. melongena</i>	105
	13 在来水なす	27009289	126559	<i>S. melongena</i>	129
	14 蘭州円茄	27009290	126560	<i>S. melongena</i>	106
	15 蘭州長茄	27009291	126561	<i>S. melongena</i>	99
	16 小布施丸茄子	27009293	126563	<i>S. melongena</i>	114
	17	27028104	139713	<i>S. melongena</i>	100
	18 長ナス	27010859	127849	<i>S. melongena</i>	103
	19 鴨部	27011526	127914	<i>S. melongena</i>	124
	20	27011556	127937	<i>S. melongena</i>	124
	21 賀茂ナス	27011560	68148	<i>S. melongena</i>	124
	22 小切ナスR	27011561	68149	<i>S. melongena</i>	124
	23 小切ナスL	27011562	68150	<i>S. melongena</i>	124
	24 岡11号	27011580	33266	<i>S. melongena</i>	124
	25 興津1号	27018330	132272	<i>S. melongena</i>	117
2019	1 COL/LAOS/2014/NIVTS/003	30062723	253365	<i>S. melongena</i>	142
	2 COL/LAOS/2014/NIVTS/004	30062724	253366	<i>S. melongena</i>	160
	3 COL/LAOS/2014/NIVTS/005	30062725	253367	<i>S. melongena</i>	152
	4 COL/LAOS/2014/NIVTS/006	30062726	253368	<i>S. melongena</i>	151
	5 COL/LAOS/2014/NIVTS/008	30062728	253370	<i>S. melongena</i>	124
	6 COL/LAOS/2014/NIVTS/009	30062729	253371	<i>S. melongena</i>	139
	7 COL/LAOS/2014/NIVTS/010	30062730	253372	<i>S. melongena</i>	197
	8 COL/LAOS/2014/NIVTS/011	30062731	253373	<i>S. melongena</i>	177
	9 COL/LAOS/2014/NIVTS/012	30062732	253374	<i>S. aethiopicum</i>	88
	10 COL/LAOS/2014/NIVTS/013	30062733	253375	<i>S. melongena</i>	247
	11 COL/LAOS/2014/NIVTS/014	30062734	253376	<i>S. melongena</i>	140
	12 COL/LAOS/2014/NIVTS/015	30062735	253377	<i>S. melongena</i>	251
	13 COL/LAOS/2014/NIVTS/016	30062736	253378	<i>S. melongena</i>	239
	14 COL/LAOS/2014/NIVTS/017	30062737	253379	<i>S. melongena</i>	169
	15 COL/LAOS/2014/NIVTS/019	30062739	253381	<i>S. melongena</i>	171
	16 COL/LAOS/2014/NIVTS/020	30062740	253382	<i>S. melongena</i>	157
	17 COL/LAOS/2014/NIVTS/021	30062741	253383	<i>S. melongena</i>	196
	18 COL/LAOS/2014/NIVTS/022	30062742	253384	<i>S. melongena</i>	209
	19 COL/LAOS/2014/NIVTS/023	30062743	253385	<i>S. melongena</i>	177
	20 COL/LAOS/2014/NIVTS/024	30062744	253386	<i>S. melongena</i>	163
2020	1 COL/LAOS/2014/NIVTS/070	30062790	253432	<i>S. melongena</i>	101
	2 COL/LAOS/2015/NIVTS/001	30064880	255069	<i>S. melongena</i>	102
	3 COL/LAOS/2015/NIVTS/002	30064881	255070	<i>S. melongena</i>	101
	4 COL/LAOS/2015/NIVTS/003	30064882	255071	<i>S. melongena</i>	85
	5 COL/LAOS/2015/NIVTS/004	30064883	255072	<i>S. violaceum</i>	95
	6 COL/LAOS/2015/NIVTS/005	30064884	255073	<i>S. melongena</i>	101
	7 COL/LAOS/2015/NIVTS/006	30064885	255074	<i>S. melongena</i>	102
	8 COL/LAOS/2015/NIVTS/008	30064887	255076	<i>S. melongena</i>	101
	9 COL/LAOS/2015/NIVTS/011	30064890	255079	<i>S. melongena</i>	101
	10 COL/LAOS/2015/NIVTS/012	30064891	255080	<i>S. melongena</i>	101
	11 COL/LAOS/2015/NIVTS/013	30064892	255081	<i>S. melongena</i>	108
	12 COL/LAOS/2015/NIVTS/015	30064894	255083	<i>S. melongena</i>	91
	13 COL/LAOS/2015/NIVTS/019	30064898	255087	<i>S. melongena</i>	101
	14 COL/LAOS/2015/NIVTS/020	30064899	255088	<i>S. melongena</i>	101
	15 COL/LAOS/2015/NIVTS/021	30064900	255089	<i>S. melongena</i>	101
	16 COL/LAOS/2015/NIVTS/024	30064903	255092	<i>S. melongena</i>	101
	17 COL/LAOS/2015/NIVTS/028	30064907	255096	<i>S. macrocarpon</i>	102
	18 COL/LAOS/2015/NIVTS/030	30064909	255098	<i>S. melongena</i>	103
	19 COL/LAOS/2015/NIVTS/031	30064910	255099	<i>S. melongena</i>	101

表 2 平成 30 年度、令和 1 年度の青枯病・半枯病二次検定結果

試験 年度	品種・ 系統名	青枯病		半枯病1		半枯病2		半身萎凋病		備考
		発病 株率 (%)	発病 程度							
2018	LS1860	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	92.9	2.5	F
	LS1934	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	100.0	2.5	F
	LS2219	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	100.0	3.0	FB
	LS2436	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	94.4	2.3	F
	LS2439	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	100.0	2.4	F
	LS2440	50.0	1.3	0.0	0.0	0.0	0.0	100.0	2.9	F
	LS2209	0.0	0.0	95.5	1.3	31.7	0.3	100.0	3.0	B
	LS2397	0.0	0.0	100.0	3.2	50.0	0.5	95.5	2.9	B
	トナシム	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	不発芽	不発芽	対照
	台太郎	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	100.0	3.0	対照
	台三郎	25.0	1.0	0.0	0.0	0.0	0.0	100.0	2.5	対照
	耐病VF	100.0	3.3	0.0	0.0	0.0	0.0	100.0	1.3	対照
	千両二号	50.0	0.9	100.0	4.0	100.0	3.4	100.0	3.0	対照
2019	ES512	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	F
	LS4024	100.0	4.0	0.0	0.0	不発芽	不発芽	72.2	1.1	F
	LS3835	0.0	0.0	58.3	0.9	100.0	1.9	41.7	0.8	FB
	トナシム	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	対照
	台太郎	0.0	0.0	0.0	0.0	3.3	0.0	70.0	0.9	対照
	台三郎	12.5	0.5	0.0	0.0	0.0	0.0	66.7	1.1	対照
	耐病VF	100.0	3.9	0.0	0.0	0.0	0.0	50.0	0.7	対照
	千両二号	100.0	3.9	100.0	3.9	100.0	4.0	100.0	1.7	対照

青枯病：青枯病汚染圃場における抵抗性検定結果 半枯病：幼苗検定結果 半身萎凋病：幼苗検定結果

発病程度：0（無）、1（小）、2（中）、3（大）、4（枯死）

備考のB、Fおよび対照は二次検定の目的を示し、それぞれ青枯病、半枯病および対照品種

表 3 令和 2 年度の半身萎凋病二次検定結果

品種・系統名	発病程度					発病指数	品種・系統名	発病程度					発病指数	品種・系統名	発病程度					発病指数			
	0	1	2	3	4			0	1	2	3	4			0	1	2	3	4				
ES210	10	0	0	0	0	0	LS0186-39	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS0553	10	0	0	0	0	0
ES211	10	0	0	0	0	0	LS0186-41	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS0557	6	0	0	0	0	0
ES212	0	5	5	0	0	1.5	LS0186-42	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS0577-02	10	0	0	0	0	0
ES249	8	2	0	0	0	0.2	LS0186-44	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS0714	10	0	0	0	0	0
ES250	10	0	0	0	0	0	LS0186-45	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS0912	10	0	0	0	0	0
ES253	9	1	0	0	0	0.1	LS0186-46	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1084	10	0	0	0	0	0
ES319	5	5	0	0	0	0.5	LS0186-47	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1116	10	0	0	0	0	0
ES326	5	5	0	0	0	0.5	LS0186-48	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1120	10	0	0	0	0	0
ES338	5	5	0	0	0	0.5	LS0186-55	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1138	0	5	5	0	0	1.5
ES408	10	0	0	0	0	0	LS0186-56	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1162	10	0	0	0	0	0
ES421	10	0	0	0	0	0	LS0186-58	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1164	3	7	0	0	0	0.7
ES488	6	4	0	0	0	0.4	LS0186-59	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1169	10	0	0	0	0	0
LS0043-02	0	5	2	3	0	1.8	LS0186-62	0	0	6	2	2	2.6	0	0	0	LS1171	8	0	1	1	0	0.5
LS0043-03	10	0	0	0	0	0	LS0186-63	0	0	10	0	0	2	0	0	0	LS1172	0	4	3	2	1	2
LS0128-07	10	0	0	0	0	0	LS0186-65	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1177	8	2	0	0	0	0.2
LS0128-13	10	0	0	0	0	0	LS0186-66	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1183	10	0	0	0	0	0
LS0128-17	10	0	0	0	0	0	LS0186-68	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1186	0	0	2	5	3	3.1
LS0128-18	10	0	0	0	0	0	LS0186-70	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1189	10	0	0	0	0	0
LS0128-21	10	0	0	0	0	0	LS0186-71	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1192	10	0	0	0	0	0
LS0186-03	10	0	0	0	0	0	LS0186-72	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1200	10	0	0	0	0	0
LS0186-04	10	0	0	0	0	0	LS0186-74	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1202	10	0	0	0	0	0
LS0186-10	0	5	3	2	0	1.7	LS0186-75	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1206	0	0	10	0	0	2
LS0186-15	0	4	4	2	0	1.8	LS0186-77	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1208	10	0	0	0	0	0
LS0186-22	10	0	0	0	0	0	LS0186-78	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1310	10	0	0	0	0	0
LS0186-23	10	0	0	0	0	0	LS0186-79	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1502	10	0	0	0	0	0
LS0186-24	10	0	0	0	0	0	LS0187-01	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1780A	10	0	0	0	0	0
LS0186-27	10	0	0	0	0	0	LS0248	10	0	0	0	0	0	0	0	0	LS1817	10	0	0	0	0	0
LS0186-28	10	0	0	0	0	0	LS0249	0	9	1	0	0	1.1	0	0	0	LS1841	10	0	0	0	0	0
LS0186-30	10	0	0	0	0	0	LS0250	7	3	0	0	0	0.3	0	0	0	LS1866	5	5	0	0	0	0.5
LS0186-32	10	0	0	0	0	0	LS0257	0	10	0	0	0	1	0	0	0	トナシム（抵抗性）	0	8	2	0	0	1.2
LS0186-33	10	0	0	0	0	0	LS0273	10	0	0	0	0	0	0	0	0	千両二号（罹病性）	0	0	0	2	8	3.8
LS0186-36	10	0	0	0	0	0	LS0510	1	0	0	0	0	0	0	0	0	耐病VF	0	10	0	0	0	1
																	台太郎（抵抗性）	0	0	8	2	0	2.2

R2.4.16挿種、R2.5.20接種、R2.6.20調査（浸根接種：2.0×10⁶個/ml）

発病評点：0=健全、1=一部が萎凋、2=半分以上が萎凋、3=全葉が萎凋、4=枯死

発病指数=Σ（発病評点×個体数）/総個体数

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
小課題番号	C42	小課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	C ナス科野菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	C42 ナス遺伝資源の線虫抵抗性評価		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	龍谷大学・農学部資源生物科学科育種栽培科・岩堀英晶		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

ナスはネコブセンチュウ（以下線虫）による被害を受けやすく、有効な抵抗性遺伝子が知られていない。別種であるトルバム種は線虫抵抗性を持ち、ナスの台木として利用されているものの、接ぎ木作成の手間・経費等を考えるとナス自根での栽培が望まれる。そこで、農研機構野菜花き研究部門の有するコアコレクション候補のナス遺伝資源、および多様性の高いアジア地域で収集されたナスに対する線虫抵抗性素材探索を行うことにより特性を解明し、新品種開発に資する。

2) 研究方法

①平成30～令和2年度に、野菜花き研究部門より提供されたナス300系統に対して、ナスを加害する最も重要な線虫種であるサツマイモネコブセンチュウの3個体群（西合志、熊本、および都城）を用いて接種試験（一次および二次検定）を行った。一次検定では約300頭のネコブセンチュウ2期幼虫を供試ナス3～4週苗に接種し、接種6週間後、根に形成された線虫の卵嚢が0または1であったものを選抜した。二次検定では一次検定で選抜された株に対して卵嚢1個を接種し、接種6週間後根に形成された線虫の卵嚢が0または1であったものを選抜した。

②平成26～令和元年度（PGRAsia第1期含む）に供試を受けた系統のうち、二次検定においても抵抗性と判定された個体のうち19系統から自殖種子が得られられたため、これらを播種・育苗し、汚染圃場に定植して実用的な抵抗性を検定した。根こぶ程度が2以下のものを実用的な抵抗性素材として評価した。

3) 研究結果

①平成30～令和2年度に野菜花き研究部門より提供されたナス300系統に対して、サツマイモネコブセンチュウ3個体群を用いて接種試験を行った結果、二次検定終了時において

て、西合志個体群に対して13系統17個体、熊本個体群に対して11系統15個体、都城個体群に対して3系統3個体の、線虫抵抗性育種素材として利用可能と考えられる株が得られた。しかしながら、供試した3個体群のすべてに対して安定して抵抗性を示す育種素材は見出されなかった。今後、三次検定である線虫汚染圃場における栽培を行い、線虫に寄生されない系統・株を選抜する予定である。

- ②線虫抵抗性と判定された個体の自殖後代への三次検定を行った結果、4系統について平均根こぶ程度が2以下となり、汚染圃場における有望な線虫抵抗性系統を見出した。また、株ごとの根こぶ程度では0または1のものが38株得られ、有用な遺伝資源として利用できると思われる。

4) 成果活用における留意点

見いだされた線虫抵抗性ナス遺伝資源については、線虫抵抗性についてのみ選抜されたものであり、育種のための素材に過ぎず、すぐさま商業的な品種となるわけではない。

5) 今後の課題

見いだされた7点の線虫抵抗性ナス遺伝資源について、これらの果実、収量、品質等を調査し、線虫抵抗性母本としての利用価値について検討する必要がある。品種化のための育種計画を設計する必要がある。また、抵抗性の遺伝様式、および抵抗性の機作についても未解明なため、今後解明して行く必要がある。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	C43	小課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	C ナス科野菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	C43 ナス海外遺伝資源のうどんこ病抵抗性評価と種子増殖		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	新潟県農業総合研究所園芸研究センター・育種栽培科・千野史貴、環境・施設科・宮嶋一郎		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

アジア地域から導入したナス遺伝資源を中心に供試し、80点について、重要形質を評価するとともに種子増殖し、農研機構ジーンバンクからの配布を可能にする。また、うどんこ病抵抗性の評価方法を開発し、ナス遺伝資源120点について、うどんこ病抵抗性を評価する。

2) 研究方法

ラオスにて収集したナス遺伝資源合計91点について、3月上旬播種5月中旬定植の露地作型で10月まで栽培し、特性調査（45項目）および種子増殖を行う。また、同様にラオスにて収集したナス遺伝資源合計40点および、ナスコアコレクション80点について、6月と10月の2回、平成30年度に確立した幼苗接種法（本葉2～3枚展開期に5×105個/mlの孢子懸濁液を株あたり0.5ml噴霧し、接種11日後に発病度を調査する）によりナスうどんこ病抵抗性の評価を行う。

3) 研究結果

特性調査および種子増殖について、平成30年～令和2年度に実施した。ラオスにて収集したナス遺伝資源91点のうち発芽しなかった6点を除く85点および標準品種「千両二号」、「橘田」（「橘田」は令和2年度のみ）についてジーンバンク特性評価表一次必須16項目および一次選択24項目、合計40項目の特性調査と種子増殖を実施し、合計3,400点の特性情報を取得した。着果しなかった又は種子が得られなかった3系統を除く82系統について種子増殖を行った。

ナスうどんこ病抵抗性の評価について、令和元年度および2年度に実施した。6月と11月（令和2年度は7月と11月に実施）に3×10⁵個/mlの孢子懸濁液を本葉2～3枚展開期の幼苗に接種し、発病度により抵抗性を評価した。発病度の低かったナス種5系統、ナス近

縁種5系統について、鉢上げを行い、採種栽培を開始した。

4) 成果活用における留意点

アジア原産ナス遺伝資源の特性データが得られるとともに種子増殖されることにより、新たにアクセス可能な遺伝資源が増加し、育種の可能性が広がる。また、ナス遺伝資源のうどんこ病抵抗性の有無と、評価方法に関する知見が得られる。

5) 今後の課題

概ね当初計画どおりに順調に進捗している。特性調査と種子増殖については、ラオスから収集したナス遺伝資源について、3月播種5月中旬定植の露地普通作型で継続して行う。また、うどんこ病抵抗性評価についても、ナスコアコレクションについて、抵抗性評価を継続して行う。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行題番号	C44	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	C ナス科野菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	C44 ナス遺伝資源の半枯病抵抗性評価と種子増殖		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	愛知県農業総合試験場・園芸研究部野菜研究室・宇佐見仁・安永美紗子・大川浩司		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

ナスはアジア原産であることから、アジア地域における多様性が高く、アジア地域の遺伝資源からの有用育種素材の発見が期待される。そこで本課題では、近年の地球温暖化問題に対応するとともに国内農業の競争力を強化するため、アジア地域を中心としたナス遺伝資源の収集や遺伝特性の解明に取り組み、新品種開発に資する。具体的には、基本的な諸特性（一次特性等）を明らかにして種子増殖し、アクセス可能な遺伝資源として農研機構ジーンバンクから公開するとともに、ナスの重要病害（半枯病抵抗性）に対する抵抗性素材を検索する。

2) 研究方法

（半枯病抵抗性の評価）

ナス遺伝資源98点について、1区4株2反復で半枯病抵抗性を評価する。農研機構から分譲された半枯病菌を培養し、浸根接種法で検定する。発病指数と発病個体率の低い個体を抵抗性と判定する。抵抗性と判定された系統については、野菜花き研究部門における二次スクリーニングへ向けて、自家採種により種子増殖を行う。

（特性調査）

ナス遺伝資源64点について、1区4株2反復で特性調査（『植物特性評価マニュアル』に基づく一次必須16項目および一次選択17項目、収穫開始日および完熟日）および種子増殖を行う。

3) 研究結果

（半枯病抵抗性の評価）

平成30年度から令和2年度までに98系統を供試した。発芽しなかった5系統を除く93系統で半枯病抵抗性検定を行った結果、7系統が抵抗性を有すると判定した。この7系統につ

いては野菜花き研究部門における二次スクリーニングに向けて種子増殖を行った。

(特性調査)

平成30年度から令和2年度までにナス遺伝資源64系統を供試し、発芽しなかった3系統を除く61系統の特性調査(『植物特性評価マニュアル』に基づく一次必須16項目、一次選択17項目、収穫開始日および完熟日)および種子増殖を行った。特性調査で得られた情報は農研機構ジーンバンクで公開していく予定である。

4) 成果活用における留意点

なし

5) 今後の課題

(半枯病抵抗性の評価)

半枯病のレースが発生した際に対応するには、異なる作用機作で抵抗性を発揮する素材が求められるため、より多くの抵抗性素材を見つける必要がある。

(特性調査)

本プロジェクトでラオス等のアジア地域から収集したナス遺伝資源には未調査の資源が多く残っている。それらを育種材料として有効に活用していくためには、引き続き特性調査を実施し、アクセス可能な遺伝資源として農研機構ジーンバンクから公開する必要がある。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	C45	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	C ナス科野菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	C45 ナス遺伝資源の半身萎凋病抵抗性評価、種子増殖と 利活用		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領 域・松永啓		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	岡山県農林水産総合センター農業研究所・野菜・花研究 室・岸本直樹、佐野大樹、川村宜久、土居典秀		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

ナスはアジア原産であることから、アジア地域における多様性が高く、アジア地域の遺伝資源からの有用育種素材の発見が期待される。そこで本課題では、近年の地球温暖化問題に対応するとともに国内農業の競争力を強化するため、アジア地域を中心としたナス遺伝資源の収集や遺伝特性の解明に取り組み、新品種開発に資する。具体的には、基本的な諸特性（一次特性等）を明らかにして種子増殖し、アクセス可能な遺伝資源として農研機構ジーンバンクから公開するとともに、ナスの半身萎凋病に対する抵抗性素材を検索する。また、抵抗性の素材については既存品種等との雑種作出に取り組む。

2) 研究方法

一般特性の評価については、毎年20点程度の遺伝資源を供試し、畝幅2m、株間70cm、一条植えの露地普通作型で栽培し、「植物特性評価マニュアル（農業生物資源ジーンバンク）」に基づく一次必須16項目および一次選択17項目の特性調査と、種子増殖を行った。また、半身萎凋病抵抗性の一次スクリーニングについては、毎年100点程度の遺伝資源を供試し、岡山県内産地から分離・増殖した菌液を幼苗に浸根接種する方法で半身萎凋病抵抗性を評価（一次スクリーニング）した。さらに、一次スクリーニングで抵抗性と判断された系統をビニルハウス等で栽培し、農研機構野菜花き研究部門での二次スクリーニングに向けて種子増殖を図った。加えて、一次スクリーニングで抵抗性と判断された系統については、既存品種との交雑を行った。

3) 研究結果

一般特性の評価については、3年間で64点の遺伝資源（ナス栽培種）を供試し、露地普通作型における特性調査と種子増殖を行った。

半身萎凋病抵抗性の一次スクリーニングについては、3年間で289点の遺伝資源（ナス近

縁種)を供試し、そのうち供試苗を確保できた198系統に対して、岡山県内産地から分離・増殖した菌液に幼苗を浸根接種する方法で半身萎凋病抵抗性を評価した。その結果、既存の抵抗性品種と同等以上の抵抗性を持つと考えられるものが47系統確認された。また、このうち33系統を用いて既存品種と交配したところ、7組合せで採種できた。

4) 成果活用における留意点

当実行課題での半身萎凋病抵抗性の一次スクリーニング結果は岡山県内産地から採取した菌株を用いた小規模試験で得られたものである。このため、野菜花き研究部門での二次スクリーニングの結果を待って最終的に評価したい。

一般特性評価については特になし。

5) 今後の課題

半身萎凋病抵抗性が認められた系統と既存の台木品種等との交配により土壌病害に対する高度抵抗性を有するナス用台木新品種の育成が期待される。しかし、半身萎凋病抵抗性が認められた系統はナス近縁種であり、既存の台木品種との交配で採種できたものもあったが、F₂以降の後代を得ることができるかは今後の検討事項である。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
小課題番号	C46	小課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	C ナス科野菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	C46 ナス遺伝資源の青枯病抵抗性評価と種子増殖		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	高知県農業技術センター 作物園芸課 園芸育種担当 石井敬子・小笠原一真・日置優実・横田 真・尾崎 耕		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

アジア地域から導入したナス遺伝資源の青枯病抵抗性を評価し、抵抗性個体の種子を増殖する。また、ナス遺伝資源の一次必須項目16形質および一次選択項目17形質を調査するとともに種子を増殖し、農研機構ジーンバンクからの配布を可能にする。

2) 研究方法

(青枯病抵抗性の評価)

1系統1～12個体を供試した。ガラス温室でのポット試験とし、青枯病菌懸濁液を断根接種し、発病指数を算出した。抵抗性個体については自家採種した。

(特性調査と種子増殖)

1系統1～5個体(1区制)を供試した。ガラス温室内での普通栽培において、一次必須項目(16項目)および一次選択項目(17項目)の特性を調査し、種子を増殖した。

3) 研究結果

(青枯病抵抗性の評価)

ナス遺伝資源92系統(平成30年度15系統、令和元年度39系統、令和2年度38系統)のうち、10系統(平成30年度1系統、令和元年度6系統、令和2年度3系統)を抵抗性と評価し、種子を増殖した。

(特性調査と種子増殖)

ナス遺伝資源42系統(平成30年度22系統、令和元年度20系統)については、全形質の特性データを得るとともに、種子を増殖した。令和2年度の20系統については、植物体に係る特性データを得た。果実に係る特性調査および種子増殖は年度内に完了見込みである。

4) 成果活用における留意点

(青枯病抵抗性の評価)

抵抗性系統内にも個体差がみられたため、抵抗性素材として活用するには引き続きスクリーニングが必要である。

(特性調査と種子増殖)

得られた特性データは検定地におけるガラス温室での普通栽培によるものであり、育種に利用する際は気候条件等の違いを考慮する必要がある。

5) 今後の課題

なし。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行題番号	C51	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	C ナス科野菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	C51 トウガラシ遺伝資源の疫病抵抗性の評価		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構・野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓・宮武宏司・新村芳美		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

本プロジェクトで収集した遺伝資源などアジア原産のトウガラシ遺伝資源の疫病抵抗性検定を実施する。また、C52の一次検定で青枯病抵抗性と評価された系統の汚染圃場での青枯病抵抗性検定を実施する。

2) 研究方法

疫病抵抗性検定では、平成30年度は平成27年度にネパールで収集した44点、令和元年度は平成28年度にカンボジアで収集した40点、令和2年度は平成29年度にカンボジアで収集した30点と平成28年度にネパールで収集した10点の合計124点のトウガラシ遺伝資源の疫病抵抗性を評価した。抵抗性検定は、浸根接種法と灌注接種法の2種類の方法により疫病菌を接種し、0=無病徴、1=萎凋、2=枯死の3段階の発病評点で抵抗性を株毎に判定し、対照品種の病徴と比較することにより、抵抗性程度を判定した。

また、上述の2種の方法による抵抗性判定精度が高かったため、これまで浸根接種法のみでの検定で罹病性と判定された88点について上述と同様の灌注接種法により再検定を実施した。

青枯病抵抗性検定を令和元年度と2年度に実施した。供試材料はいずれの試験もC52の一次検定で青枯病抵抗性と評価された11および13点とし、農研機構安濃野菜研究拠点内にある青枯病汚染圃場に定植し、7月中旬に青枯病原菌を断根灌注接種し、0=無病徴、1=一部の葉が萎凋、2=半分以上の葉が萎凋、3=全ての葉が萎凋、4=枯死の5段階の発病評点で抵抗性を株毎に判定し、対照品種の病徴と比較することにより、抵抗性程度を判定した。

3) 研究結果

疫病抵抗性検定では、平成30年度の試験では中程度抵抗性が1点、令和元年度の試験では強度抵抗性が1点、中程度抵抗性が2点、令和2年度の試験では中程度抵抗性が1点認められ、

他の系統はすべて罹病性であった（表1）。また、再検定では、強度抵抗性が2点、中程度抵抗性が5点認められた。

青枯病抵抗性検定では、令和元年度の試験では強度抵抗性が8点、中程度抵抗性が3点、令和2年度の試験では強度抵抗性が2点、中程度抵抗性が11点認められた（表1）。

表1 トウガラシ疫病抵抗性幼苗検定および青枯病汚染圃場検定結果

	供試点数	強度抵抗性	中程度抵抗性	罹病性
疫病				
2018年度	44	0	1	43
2019年度	40	1	2	37
2020年度 ^z	128	2	6	120
小計	212	3	9	200
青枯病				
2019年度	11	8	3	0
2020年度 ^z	13	2	11	0
小計	24	10	14	0

4) 成果活用における留意点

青枯病については、青枯病原菌株によって抵抗性強度が異なる場合があるので注意する。

5) 今後の課題

未検定の系統について、疫病抵抗性検定を実施する必要がある。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行題番号	C51w	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	C ナス科野菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	C51w ベトナムおよびカンボジアでのトウガラシ遺伝資源特性評価		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者名	農研機構・野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓・宮武宏司・新村芳美		
共同研究機関・研究室・研究者名等	ベトナム植物資源センター・Tran Thi Thu Hoai、 Nguyen Van Kien、Ha Minh Loan、Nguyen Thi Bich Thuy、 カンボジア農業開発研究所・Sakhan Sophany、 Thun Vathany、Orn Chhourn		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

本プロジェクトで収集した遺伝資源などアジア原産のトウガラシ遺伝資源の一般特性をベトナムとカンボジアで調査する。

2) 研究方法

カンボジアでの特性調査では、平成30年度は平成29年度にカンボジアで収集した56点、令和元年度は平成30年度に収集した48点、令和2年度は令和元年度に収集した29点と平成27年度に収集し特性評価未実施の19点の併せて48点のトウガラシ遺伝資源を供試し、12形質の特性調査を実施するとともに種子を増殖する。

ベトナムでの特性調査では、令和元年度から課題を開始し、令和元年度はベトナム植物資源センター（PRC）で保存している50点、令和2年度はこれまでにPGRAsiaでベトナム国内で収集した48点のトウガラシ遺伝資源を供試し、12形質の特性調査を実施するとともに種子を増殖する。

3) 研究結果

カンボジアでの特性調査では、平成30年度の試験では、11点が不発芽のため、4点が定植後すぐに全株枯死したため特性調査ができなかった（表1）。また、試験途中に萎凋・枯死する個体が多く、18点は12形質すべてについて調査できたが、他の27点は形質の一部が調査できず、種子増殖できたのは13点のみであった。令和元年度の試験では、7系統が不発芽で特性調査ができなかった。30点は12形質すべての特性調査および種子増殖ができたが、

他の13点は一部の形質しか調査できず、種子増殖はできなかった。令和2年度の試験は実施中である。

ベトナムでの特性調査では、令和元年度の試験では、50点とも12形質の調査および種子増殖できた。令和2年度の課題は実施中である。

表1 カンボジアCARDIおよびベトナムPRCで実施した
トウガラシ遺伝資源の特性調査および種子増殖点数

	供試点数	特性評価点数	種子増殖点数
カンボジア			
平成30年度	56	41	13
令和元年度	48	41	28
令和2年度 ^y	48	-	-
小計	152	82	41
ベトナム ^z			
平成30年度	-	-	-
令和元年度	50	50	50
令和2年度 ^y	48	-	-
小計	98	50	50
合計	250	132	91

^zベトナムでの試験は令和元年度から実施した

^yカンボジアおよびベトナムともに令和2年度の試験は現在実施中

4) 成果活用における留意点

令和元年度にベトナムで種子増殖した系統は、ベトナムPRCで保存している系統なので、増殖種子の日本への送付はない。

5) 今後の課題

カンボジアでは、トウガラシ遺伝資源の収量性調査、ベトナムでは、ベトナム国内での探索により収集したトウガラシ遺伝資源の特性調査と種子増殖を行う必要がある。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行題番号	C52	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	C ナス科野菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	C52 トウガラシ遺伝資源の青枯病・ネコブセンチュウ抵抗性の評価		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	宮崎県総合農業試験場・生物工学部・武田和宣		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

地球温暖化の影響により、ピーマンの青枯病やネコブセンチュウによる被害が多発している。そのため、新たな抵抗性品種の育成が求められているが、利用できる育種素材に限られている。そこで、多様性に富んだアジア地域のトウガラシ遺伝資源を用いて、新たな抵抗性を有する有望な育種素材を検索する。

2) 研究方法

(青枯病接種検定)

菌は2-d菌株（宮崎県国富町採取）を用い、 2.0×10^8 個に濃度を調整した菌液を、播種後21日程度の幼苗を断根して接種し、2週間後に評価した。

(サツマイモネコブセンチュウ抵抗性検定)

線虫は普通系線虫としてMi西合志（九州農研より分譲）を、打破系線虫としてLS2341由来系統（宮崎県宮崎市採取）を用い、両線虫の2期幼虫をそれぞれ播種後30日程度の幼苗に接種し、接種45日～60日後に評価した。

3) 研究成果

(青枯病接種検定)

平成30年度から令和2年度にかけて、計124系統の一次検定を実施し、うち15系統と、平成29年度以前に一次検定実施済みの8系統を合わせた計23系統について、二次検定を実施した。二次検定を終了した系統においては、11系統が強度抵抗性を示し、種別では8系統が *Capsicum annuum*、2系統が *Capsicum frutescens*、1系統が *Capsicum chinense*であった（表1）。原産国別では、カンボジアが10系統、ネパールが1系統であった（表1）。

(サツマイモネコブセンチュウ抵抗性検定)

平成30年度から令和2年度にかけて、計124系統の一次検定を実施し、うち29系統と、平

成29年度以前に一次検定実施済みの20系統を合わせた計49系統について、二次検定を実施した。二次検定を終了した系統においては、38系統が強度抵抗性を示し、37系統が*Capsicum frutescens*、1系統が*Capsicum baccatum*であった(表2)。原産国別では、カンボジアが35系統、ネパールが3系統であった(表2)。また、各原産国における強度抵抗性系統の割合は、カンボジアが44%、ネパールが6%であった(表3)。以上より、カンボジアの*Capsicum frutescens*の系統に多くの強度抵抗性遺伝資源があることが示された。

4) 成果の活用における留意点

遺伝資源の抵抗性遺伝子の固定度が不明であるため、抵抗性が確認された系統を育種に使用する際は、必要に応じて、自殖・選抜を重ねた後代を使用する必要がある。

5) 今後の課題

- ・これまでに一次検定を実施した系統において、抵抗性が確認された系統の二次検定。

表1 トウガラシ遺伝資源の青枯病抵抗性検定結果(強度抵抗性系統抜粋)

研究室 番号	COL番号	JP番号	属・種	原産国	JP名	二次検定			
						検定 年度	供試 株数	発病 株率	発病度
CS467	14CJV103	253146	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2014/NIVTS/103	2019	19	10.5	9.2
CS471	15CJV1	255459	<i>Capsicum annuum</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/001	2019	23	21.7	16.3
CS472	15CJV2	255460	<i>Capsicum annuum</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/002	2019	22	4.5	4.5
CS487	15CJV20	255478	<i>Capsicum annuum</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/020	2019	26	7.7	6.7
CS488	15CJV21	255479	<i>Capsicum annuum</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/021	2019	30	10.0	10.0
CS504	15CJV45	255502	<i>Capsicum annuum</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/045	2019	27	14.8	13.9
CS506	15CJV48	255505	<i>Capsicum annuum</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/048	2019	28	17.9	14.3
CS586	SU-16-087	256506	<i>Capsicum chinense</i>	ネパール	Khursani	2019	26	23.1	17.3
CS588	16CJVS-2	258269	<i>Capsicum annuum</i>	カンボジア	Mates Dai Neang	2020	30	0.0	0.0
CS592	16CJVS-6	258273	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Sor	2020	29	6.9	4.3
CS595	16CJVS-9	258276	<i>Capsicum annuum</i>	カンボジア	Mates Dai Neang	2020	30	3.3	0.8

発病指数: 0=健全、1=一部の羽が萎凋、2=2から3枚程度の葉が萎凋、3=全ての葉が萎凋、4=枯死

発病株率: 発病株数÷総株数×100

発病度: $\sum(\text{発病指数別株数} \times \text{発病指数}) \div (\text{総株数} \times 4)$

・新たにネパール・

表2 トウガラシ遺伝資源のサツマイモネコブセンチュウ(LS2341由来系統) 抵抗性検定結果(強度抵抗性系統抜粋)

研究室 番号	COL番号	属・種	原産国	JP名	二次検定		
					検定 年度	供試 株数	平均 卵のう程 度
CS475	15CJV5	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/005	2019	5	0.60
CS477	15CJV9	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/009	2019	6	0.33
CS478	15CJV10	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/010	2019	6	0.33
CS480	15CJV12	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/012	2019	6	0.17
CS481	15CJV13	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/013	2019	5	0.80
CS485	15CJV18	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/018	2019	5	0.00
CS486	15CJV19	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/019	2019	6	0.33
CS489	15CJV22	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/022	2019	6	0.33
CS491	15CJV26	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/026	2019	6	0.33
CS492	15CJV27	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/027	2019	6	0.33
CS495	15CJV34	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/034	2019	6	0.83
CS496	15CJV35	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/035	2019	6	1.00
CS497	15CJV36	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/036	2019	6	0.50
CS499	15CJV38	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/038	2019	6	1.00
CS500	15CJV39	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/039	2019	6	1.00
CS507	15CJV49	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/049	2019	6	0.83
CS508	15CJV50	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/050	2019	6	0.67
CS515	15CJV57	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/057	2019	6	0.33
CS517	15CJV60	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	COL/CAMBODIA/2015/NIVTS/060	2019	6	0.67
CS553	SU-16-017	<i>Capsicum baccatum</i>	ネパール	Boke Khursani	2019	6	1.00
CS573	SU-16-063	<i>Capsicum frutescens</i>	ネパール	Seto Jire Khursani	2019	6	0.17
CS585	SU-16-086	<i>Capsicum frutescens</i>	ネパール	Jire Khursani	2019	6	0.67
CS589	16CJVS-3	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Ach Sath	2020	6	0.50
CS592	16CJVS-6	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Sor	2020	6	0.17
CS598	16CJVS-12	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Ach Sath	2020	6	0.50
CS601	16CJVS-15	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Khmer	2020	6	0.17
CS602	16CJVS-16	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Ach Sath	2020	6	0.67
CS606	16CJVS-20	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Ach Sath	2020	6	0.50
CS607	16CJVS-21	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Ach Sath	2020	6	0.17
CS609	16CJVS-23	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Ach Sath	2020	6	0.50
CS612	16CJVS-26	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Sor	2020	6	0.33
CS613	16CJVS-27	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Ach Sath	2020	6	0.33
CS615	16CJVS-29	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Ach Sath	2020	6	0.17
CS616	16CJVS-30	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Kdor Chmar	2020	6	0.17
CS617	16CJVS-31	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Ach Sath	2020	6	0.50
CS619	16CJVS-33	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Sor	2020	6	0.17
CS622	16CJVS-36	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Sor	2020	6	0.50
CS623	16CJVS-37	<i>Capsicum frutescens</i>	カンボジア	Mates Sor	2020	3	0.33

卵のう程度: 0=卵のうなし、1=卵のう1個以上5個以下、2=卵のう6個以上20個以下、3=卵のう21個以上100個以下、4=卵のう101個以上

表3 両国におけるトウガラシ遺伝資源のサツマイモネコブセンチュウ(LS2341由来系統) に対する抵抗性割合

抵抗性	カンボジア		ネパール	
	系統数	割合(%)	系統数	割合(%)
強度抵抗性	31	44	3	6
中程度抵抗性	15	21	14	26
感受性	24	34	35	65
未確認	0	0	2	4

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
小課題番号	C53	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	C53 トウガラシ遺伝資源の特性解明（一般特性）		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域 ナス科ユニット・松永啓		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	信州大学学術研究院農学系・植物遺伝育種学研究室・松島 憲一		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

カンボジア等のアジア地域で収集したトウガラシ遺伝資源の一次必須項目10形質、二次選択項目11形質および三次選択項目1形質について評価するとともに、ジーンバンクで保存および配布を可能とするために種子の増殖を行う。

また、毎年ベトナムおよびカンボジアからの研究員を約2週間受入れ、トウガラシのDNA分析手法、特性調査方法、セミナー等での発表方法などについて技術移転を行う。

2) 研究方法

カンボジアとミャンマーから収集したトウガラシ遺伝資源について、信州大学農学部附属アルプス圏フィールド科学研究教育センター農場（長野県南箕輪村、標高773m）にて栽培し、開花期、花色、果実断面型等の一次必須項目10形質、草丈、花柄の向き等の二次選択項目11形質および三次選択項目として辛味の強弱を評価する。なお、辛味の強弱については高速液体クロマトグラフィー（HPLC）による辛味成分カプサイシノイド定量分析も行う。また、各系統とも系統間交雑を防ぐための網室内で栽培し、種子更新と増殖を実施する。

また、平成30年度は、カンボジアから1名、令和元年度はベトナムから2名およびカンボジアから1名の研修員を信州大学で受入れ、トウガラシのDNA分析手法、特性調査方法、セミナー等での発表方法などの技術移転を行ったが、令和2年度は、新型コロナウイルス感染拡大防止のため、研修員の受入を中止した

3) 研究結果

平成30年度はカンボジア収集53系統、令和元年度はカンボジア収集93系統について、さらに令和2年度はミャンマー収集22系統について一次必須項目10形質、二次選択項目11形質および三次選択項目1形質について実施し、併せて、種子の更新、増殖を行った。カンボジア収集系統は*Capsicum annuum* および*C. frutescen*と同定され、いずれも晩生で、特に

*C.frutescens*系統の開花は遅かった。また、果実は両種とも細長い果実型の系統が多かったが、*C.frutescens*系統は小型の果実が多く、*C.annuum*系統の中には一部、球形に近い果実型の系統もあった。さらに、これら果実の辛味成分含量（辛味強度）に幅広い変異がみられた。一方、ミャンマー収集系統には前述2種に加え、アジア地域での分布が非常に少ない*C.chinense*と同定された系統も13系統あった。ミャンマー収集系統もカンボジア収集系統と同様に晩生であり、特に*C.chinense*系統は開花日が遅くなった。また、*C.chinense*系統の果実型は紡錘形で果皮に細かい突起がある特徴的な果実であり、その辛味成分含量は非常に多く（すなわち非常に辛味が強く）、比較に用いた‘本鷹の爪’より35倍程度辛味成分含量の系統もあった（MYSU-8）。

研修員の受入については、平成30年度はカンボジアからMs. Mat Leakhena、令和元年度は、カンボジアからMs. Mat Leakhena、ベトナムからMr. Nguyen Van KienおよびMs. Dinh Bach Yenを信州大学で受入れ、トウガラシのDNA分析手法、特性調査方法、セミナー等での発表方法などの技術指導を行った。なお、令和元年度は新型コロナウイルス感染拡大防止のため、海外機関からの研修員の受入を中止した。

4) 成果活用における留意点

概ね全ての系統で順調に進捗したが、一部の極晩生系統や輸入手続きが遅れたために播種が送れた系統については増殖等が十分にできなかったため、今後、さらに種子増殖を行う必要がある。

5) 今後の課題

今後、新たにミャンマーおよびベトナムで収集する予定となっている系統や、これまでにカンボジア、ネパール、ミャンマー、ベトナムにおいて収集を完了しているが、未だ栽培、評価、種子増殖を実施していない系統もあるので、これら系統についても、順次、評価と種子増殖を実施する必要がある。

<引用文献>

なし。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行題番号	C54	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	C ナス科野菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	C54海外トウガラシ遺伝資源の特性解明（カプサイシノイド成分）		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	京都大学・農学研究科・蔬菜花卉園芸学研究室・田中義行		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

アジア産トウガラシ遺伝資源について、HPLC分析により、辛味成分カプサイシノイドおよびその類縁物質の含量組成を明らかにし、新たなピーマン・トウガラシ品種を育成するための有望な新規素材を検索する。さらに低辛味類似物質カプシノイドの高含有系統について遺伝解析を行い、新品種育成に有用なDNAマーカーを開発する。

2) 研究方法

（辛味成分カプサイシノイド類の評価）

平成30～令和2年度にかけて、合計122点のトウガラシ遺伝資源について、辛味関連成分の含量を評価した。平成30年度はネパールで収集された44系統、令和元年度はカンボジアで収集された39系統、令和2年度は39系統(カンボジア系統30点、ネパール系統9点)を供試した。各系統についてHPLC分析を行い、辛味成分カプサイシノイドおよび低辛味成分カプシノイドの含量を明らかにした。

（低辛味カプサイシン類似物質の含量に関する遺伝解析）

平成30年度は、カプシノイド高含量系統と低含量系統との交雑後代 F₃を用いて、*pAMT* 遺伝子型と成分含量の関係を調査し、辛味関連成分含量に及ぼす効果を調査した。高含量系統と低含量系統との交雑後代 F₃ 66個体を栽培し、各個体の*pAMT*遺伝子型を設計したDNAマーカーで判定し、成分組成との関係を調査した。

令和元年度～令和2年度においては、*pAMT*以外のカプシノイド含量の増強に関わるDNAマーカーを作成することを目的として、*pAMT*遺伝子型が同一ながら含量の異なる系統の交雑集団についてQTL解析を行った。交雑後代F₂ 100個体を栽培し、各個体の未熟果実におけるカプシノイド含量を調査した。また各個体の遺伝子型をGenotype-by-sequencing法により決定し、含量に関するQTL解析を行った。

3) 研究結果

(辛味成分カプサイシノイド類の評価)

辛味成分カプサイシノイド含量については、69~38,691 $\mu\text{g/gDW}$ の系統間差が認められた。低辛味成分カプサイシノイドについては、0~691 $\mu\text{g/gDW}$ の系統間差が認められた。カンボジアやネパールで収集された系統の中には、一般的な辛味系統‘タカノツメ’ (*C. annuum*) より高いカプサイシノイド含量を示す*C. annuum*系統 (表1で「やや強」に区分) が多く認められた (表1)。また、*C. frutescens*系統には「強」に区分される系統が多く認められた。特に、2018年度に測定したネパール産系統の中には、38,691 $\mu\text{g/gDW}$ と他系統と比較して、著しく高い含量を示す系統が存在した。低辛味成分カプサイシノイドについては、「少」以下に区分される系統が大部分であった (表2)。

(辛味成分カプサイシノイドおよびその類似物質に関するQTL解析)

*pAMT*近傍にDNAマーカーを設計し、カプサイシノイド含量の増加が*pAMT*遺伝子と連鎖していることを明らかにした。高含有系統型*pAMT*は辛味成分カプサイシノイド含量を減少させ、低辛味成分カプサイシノイド含量を増加させることが示された (図1)。*pAMT*に関するDNAマーカーは、カプサイシノイド高含有化に有用であろう。

令和1年度~令和2年度においては、*pAMT*以外のカプサイシノイド含量の増強に関わるDNAマーカーを作成することを目的として、QTL解析を行った。高含量系統と低含量系統との交雑後代 F_2 集団におけるカプサイシノイド含量の平均値は2092 $\mu\text{g/gDW}$ であり、最大値は4539 $\mu\text{g/gDW}$ 、最小値は489 $\mu\text{g/gDW}$ であった。QTL解析の結果、第2染色体にカプサイシノイド含量の増強に関与するQTLが検出された (図2)。

4) 成果活用における留意点

特になし

5) 今後の課題

PGRAsiaプロジェクトで収集されたミャンマーやベトナムのトウガラシ遺伝資源についての成分評価は未実施である。本実験で検出されたカプサイシノイド含量の増強に関わるQTLの効果は複数年で評価する必要がある、DNAマーカー化をするためには、さらなる調査が必要である。

表1 トウガラシ遺伝資源における辛味成分カプサイシノイド含量の特性評価

	無	極弱	より弱	弱	やや弱	中	やや強	強	合計
(2018年 ネパール系統44点)									
<i>C. annuum</i>	0	1	1	3	5	11	8	0	29
<i>C. baccatum</i>	0	0	0	0	1	3	0	0	4
<i>C. chinense</i>	0	0	0	0	1	0	2	5	8
<i>C. frutescens</i>	0	0	0	0	0	0	0	3	3
小計	0	1	1	3	7	14	10	8	44
(2019年 カンボジア系統39点)									
<i>C. annuum</i>	0	0	0	0	2	3	8	0	13
<i>C. frutescens</i>	0	0	0	0	0	1	23	2	26
小計	0	0	0	0	2	4	31	2	39
(2020年 カンボジア系統30点+ネパール系統9点)									
<i>C. annuum</i>	0	2	0	2	1	8	7	0	20
<i>C. frutescens</i>	0	0	0	0	0	0	13	6	19
小計	0	2	0	2	1	8	20	6	39
合計	0	3	1	5	10	26	61	16	122

評価基準 無: 0 $\mu\text{g/gDW}$, 極弱: 1-250 $\mu\text{g/gDW}$, 弱: 500-1000 $\mu\text{g/gDW}$, 中: 2000-4000 $\mu\text{g/gDW}$, 強: 10000-20000 $\mu\text{g/gDW}$

表2 トウガラシ遺伝資源における低辛味成分カプシノイド含量の特性評価

	無	極少	より少	少やや少	中やや多	多	合計
(2018年 ネパール系統44点)							
<i>C. annuum</i>	6	20	2	1	0	0	29
<i>C. baccatum</i>	0	4	0	0	0	0	4
<i>C. chinense</i>	0	2	5	1	0	0	8
<i>C. frutescens</i>	0	0	1	1	0	1	3
小計	6	26	8	3	0	1	44
(2019年 カンボジア系統39点)							
<i>C. annuum</i>	0	6	3	3	1	0	13
<i>C. frutescens</i>	0	3	11	8	4	0	26
小計	0	9	14	11	5	0	39
(2020年 カンボジア系統30点+ネパール系統9点)							
<i>C. annuum</i>	2	9	5	4	0	0	20
<i>C. frutescens</i>	0	6	4	3	4	0	19
小計	2	15	9	7	4	0	39
合計	8	50	31	21	9	0	122

評価基準 無:0 μg/gDW, 極少:1-100 μg/gDW, 少:200-400 μg/gDW, 中:500-1000 μg/gDW, 多:2000-4000 μg/gDW

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行題番号	C55	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	C ナス科野菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	C55 トウガラシのネコブセンチュウ抵抗性の遺伝解析		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	南九州大学・環境園芸学部・杉田亘・陳蘭庄		
共同研究機関・研究室・研究者 名等	農研機構・野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・布目司・松永啓		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

トウガラシ海外遺伝資源探索で新たに見つかった新レースと普通系線虫の両方に抵抗性を有する遺伝資源を材料として、新規ネコブセンチュウ抵抗性の遺伝様式を解明し、育種に利用可能なDNAマーカーを開発する。

2) 研究方法

既存の抵抗性品種を侵すサツマイモネコブセンチュウに対して抵抗性を有するアジア原産のトウガラシ (*Capsicum frutescens*) 4系統を用いて種間雑種系統を育成し、戻し交雑により種間交雑由来分離集団 (BC₁F₁) を育成する。また、分離集団を用いたネコブセンチュウ系統による接種検定を実施し、各個体の有する抵抗性について明らかにする。

種間交雑由来分離集団 (BC₁F₁) を用いて多型データを取得し、共優性マーカーの抽出・分離比の確認・参照ゲノム配列との比較対応付けなどを行い、連鎖地図を構築する。

3) 研究結果

打破系サツマイモネコブセンチュウに対して抵抗性を有するアジア原産のトウガラシ (*C. frutescens*) 4系統を用いて、抵抗性を有しないと推定される4種 (*C. annuum*および*C. chinense*、*C. baccatum*、*C. frutescens*) 43系統を供試し、任意の121組み合わせにより交配を行い、得られた交雑種子を供試し、種子褐変程度 (0:無-3:多) に応じて分類後、播種および発芽調査を実施した (表1)。その結果、種間交雑の対照として供試した *annuum* x *annuum* の交配組み合わせにおいては、容易に結実し種子が得られ、得られた種子の褐変指数は0.03と低く、発芽率は96.8%と高かった。また、*annuum* x *frutescens* およびその逆交配の *frutescens* x *annuum* の組み合わせにおいては、交配処理後の結実果および種子を得る

ことが困難であった。これらの交配組み合わせにより得られた種子の褐変指数および発芽率については、*annuum* x *frutescens*で褐変指数1.9、発芽率0.4%と著しく低かった。一方、*frutescens* x *annuum*においては褐変指数0.05と低く、発芽率は20.9%と逆交雑に比べると比較的高かった。このことについては、本組み合わせにおいて花粉親のみで供試した‘メヒカーナセラノ’の影響が大きく、4_14CJV96 (253138) x ‘メヒカーナセラノ’の交配において得られた種子の褐変指数が0と低く、発芽率が40%と高い数値を示したことが大きく影響していると考えられた。今後、‘メヒカーナセラノ’の有する*frutescens*種との交雑親和性および*frutescens*種を種子親にした場合の発芽率の向上については再度検討していく必要があると考えられた。また、*chinense* x *frutescens*の発芽率は42.1%であるのに対し、逆交雑である*frutescens* x *chinense*は86.5%と高かった。*annuum*と*frutescens*種の交配組み合わせと同様に*frutescens*種を種子親にしたときの発芽率が高い傾向が認められた。

さらに、目的とする*annuum* x *frutescens*の交配組み合わせにおいて得られた種間交雑F₁系統（図1）2個体を供試し、*annuum*への戻し交雑を行い合計1,343粒の種子を得た。得られた種間交雑由来BC₁F₁の182系統を供試し、打破系サツマイモネコブセンチュウによる接種検定を実施し、182系統中88系統の根こぶ程度の評価を終了した結果、根こぶ程度2以下を抵抗性と判断すると、43系統が抵抗性を示し、45系統が罹病性を示した（図2, 3）。また、打破系サツマイモネコブセンチュウ接種検定精度を向上させるため、種間交雑由来BC₁F₁の182系統およびその両親、種間雑種F₁を供試し、挿し木による増殖を試みた結果、BC₁F₁系統182系統中106系統で1株以上の挿し木苗が得られた（データ省略）。

打破系サツマイモネコブセンチュウの接種検定評価の終了したBC₁F₁ 88系統からDNAを抽出し、GRAS-Di解析による多型解析を行った。

4) 成果活用における留意点

特になし。

5) 今後の課題

打破系サツマイモネコブセンチュウ接種検定精度を向上させるため、さらに挿し木苗を確保し、接種検定データの蓄積を行う必要がある。

また、本遺伝資源の持つ打破系サツマイモネコブセンチュウに対する抵抗性を生産現場で活用するためには、さらに*annuum*へ戻し交雑を行い他の重要病害抵抗性の付与、樹勢の向上が必要である。

表1 褐変程度により分類した種間交雑由来種子の発芽状況（2019年度～2020年度で実施）

交配組み合わせ				褐変程度												種子褐変指数	発芽数 (4週間後)	発芽率 (4週間後)	鉢上げ 株数	備 考		
種子親 (♀)		花粉親 (♂)		0 (無)			1 (少)			2 (中)			3 (多)									
品種・系統名 (JP No.)	種名	品種・系統名 (JP No.)	種名	播種数	発芽数		播種数	発芽数		播種数	発芽数		播種数	発芽数								
				播種数	2週間後	4週間後	播種数	2週間後	4週間後	播種数	2週間後	4週間後	播種数	2週間後	4週間後							
カリフォルニアワンドー	<i>C. annuum</i>	x	1_14CJV24 (253054)	<i>C. frutescens</i>	128	62	0	0	31	1	1	16	0	0	19	0	0	0.94	1	0.8	1	
ジャウSPICYトウガラシ	<i>C. annuum</i>	x	1_14CJV24 (253054)	<i>C. frutescens</i>	49	1	1	1	3	0	0	11	0	0	34	0	0	2.59	1	2.0	1	
カリフォルニアワンドー	<i>C. annuum</i>	x	2_14CJV41 (253128)	<i>C. frutescens</i>	39	2	0	0	2	0	0	4	0	0	31	0	0	2.64	0	0.0	0	
赤唐辛子	<i>C. annuum</i>	x	3_14CJV84 (253123)	<i>C. frutescens</i>	17	0	0	0	0	0	0	2	0	0	15	0	0	2.88	0	0.0	0	
三重みどり	<i>C. annuum</i>	x	1_14CJV24 (253054)	<i>C. frutescens</i>	71	29	1	0	25	0	0	10	0	0	7	0	0	0.93	0	0.0	0	後に枯死
赤唐辛子	<i>C. annuum</i>	x	1_14CJV24 (253054)	<i>C. frutescens</i>	13	1	0	0	2	0	0	7	0	0	3	0	0	1.92	0	0.0	0	
薩摩蕃椒	<i>C. annuum</i>	x	4_14CJV96 (253138)	<i>C. frutescens</i>	69	2	0	0	3	0	0	2	0	0	62	0	0	2.80	0	0.0	0	
カリフォルニアワンドー	<i>C. annuum</i>	x	4_14CJV96 (253138)	<i>C. frutescens</i>	106	8	0	0	8	0	0	25	0	0	65	0	0	2.39	0	0.0	0	
(C. annuum x C. frutescens)計					492	105	2	1	74	1	1	77	0	0	236	0	0	1.90	2	0.4	2	
4_14CJV96 (253138)	<i>C. frutescens</i>	x	カリフォルニアワンドー	<i>C. annuum</i>	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	2.00	0	0.0	0	
4_14CJV96 (253138)	<i>C. frutescens</i>	x	メヒカーナセラノ	<i>C. annuum</i>	20	20	9	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00	8	40.0	8	
2_14CJV41 (253128)	<i>C. frutescens</i>	x	本鷹の爪	<i>C. annuum</i>	6	6	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00	1	16.7	0	後に枯死
3_14CJV84 (253123)	<i>C. frutescens</i>	x	カリフォルニアワンドー	<i>C. annuum</i>	3	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00	0	0.0	0	
2_14CJV41 (253128)	<i>C. frutescens</i>	x	三重みどり	<i>C. annuum</i>	4	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00	0	0.0	0	
1_14CJV24 (253054)	<i>C. frutescens</i>	x	本鷹の爪	<i>C. annuum</i>	6	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00	0	0.0	0	
1_14CJV24 (253054)	<i>C. frutescens</i>	x	CBP-3	<i>C. annuum</i>	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00	0	0.0	0	
1_14CJV24 (253054)	<i>C. frutescens</i>	x	カリフォルニアワンドー	<i>C. annuum</i>	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00	0	0.0	0	
(C. frutescens x C. annuum)計					43	42	10	9	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0.05	9	20.9	0	
Habanero (R)	<i>C. chinense</i>	x	1_14CJV24 (253054)	<i>C. frutescens</i>	6	3	0	1	3	1	3	0	0	0	0	0	0	0.50	4	66.7	3	
Habanero (R)	<i>C. chinense</i>	x	4_14CJV96 (253138)	<i>C. frutescens</i>	113	73	8	42	33	5	19	4	0	1	3	0	0	0.44	62	54.9	3	
Habanero (OR)	<i>C. chinense</i>	x	1_14CJV24 (253054)	<i>C. frutescens</i>	37	9	0	0	9	0	0	7	0	0	12	0	0	1.59	0	0.0	0	
Habanero (OR)	<i>C. chinense</i>	x	4_14CJV96 (253138)	<i>C. frutescens</i>	39	14	0	14	6	0	2	7	0	0	12	0	0	1.44	16	41.0	3	
(C. chinense x C. frutescens)計					195	99	8	57	51	6	24	18	0	1	27	0	0	0.86	82	42.1	9	
1_14CJV24 (253054)	<i>C. frutescens</i>	x	Habanero (OR)	<i>C. chinense</i>	17	16	15	15	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0.06	15	88.2	3	
2_14CJV41 (253128)	<i>C. frutescens</i>	x	Habanero (OR)	<i>C. chinense</i>	32	28	25	26	4	1	1	0	0	0	0	0	0	0.13	27	84.4	3	
4_14CJV96 (253138)	<i>C. frutescens</i>	x	Habanero (OR)	<i>C. chinense</i>	3	3	2	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00	3	100.0	3	
(C. frutescens x C. chinense)計					52	47	42	44	5	1	1	0	0	0	0	0	0	0.10	45	86.5	9	
1_14CJV24 (253054)	<i>C. frutescens</i>	x	カレイドスコープ	<i>C. baccatum</i>	7	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00	0	0.0	0	
(C. frutescens x C. baccatum)計					7	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00	0	0.0	0	
J159	<i>C. annuum</i>	x	12_CBP-3	<i>C. annuum</i>	23	23	21	21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00	21	91.3	-	
CBP-1	<i>C. annuum</i>	x	J159	<i>C. annuum</i>	39	37	37	37	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0.05	39	100.0	-	
(対照)					62	60	58	58	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0.03	60	96.8	-	

種子褐変指数 = [Σ(褐変程度 × 種子数) / 総種子数]、種子褐変程度：0=褐変無し、1=褐変が僅かに認められる（少）、2=一見して中程度の褐変が認められる（中）、3=濃い褐変が広い範囲で認められる（多）

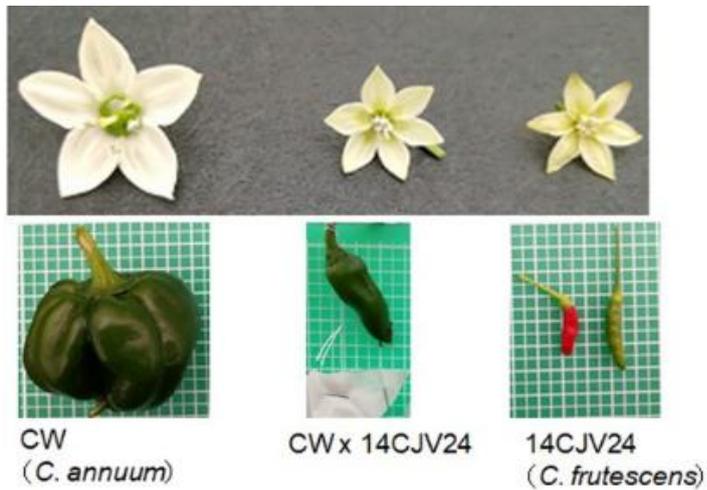


図1 *C. annuum* および *C. frutescens* 種間雑種の花および果実形態. CW: カリフォルニアワンダー.

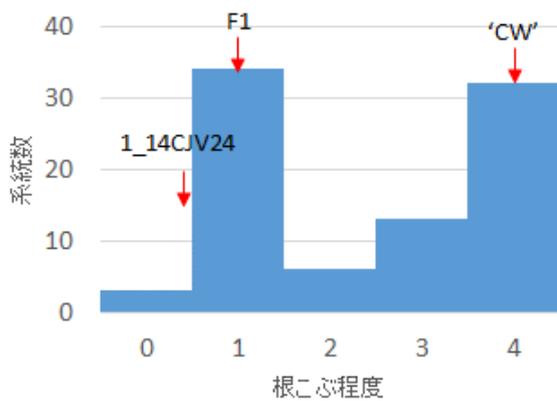


図2 種間雑種 F1 由来戻し交雑系統 (‘CW’ x 1_14CJV24 (JP 253054)) x ‘CW’) を用いた打破系サツマイモネコブセンチュウ抵抗性評価 (供試センチュウ: Mi 四万十系統-九州沖縄農業研究センターより分譲) .

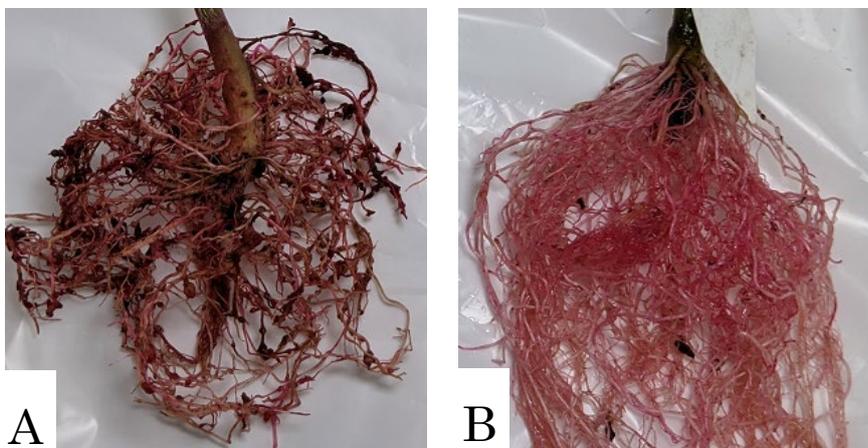


図3 種間雑種 F1 由来戻し交雑系統を用いた打破系サツマイモネコブセンチュウ接種検定による根こぶ程度. A: 根こぶ程度 4 (BC1-4) , B: 根こぶ程度 1 (BC1-158) .

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	C56	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	C ナス科野菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	C56 トウガラシ遺伝資源の特性解明（一次選択形質）		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者名	高知県農業技術センター・作物園芸課・園芸育種担当・石井敬子・鍋島怜和・小笠原一真・日置優実・横田真・尾崎 耕		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

アジア地域で収集したトウガラシ遺伝資源の一次必須項目10形質および一次選択項目39形質について調査するとともに、農研機構ジーンバンクでの保存と配布を可能とするために種子を増殖する。

2) 研究方法

供試系統は1系統1～5個体（1区制）とした。露地ほ場での普通栽培において、一次必須項目（10項目）および一次選択項目（39項目）の特性を調査した。また、系統ごとに被覆栽培した植物体から採種した。

3) 研究結果

トウガラシ遺伝資源95系統（平成30年度30系統、令和元年度33系統、令和2年度32系統）について全形質の特性値を得るとともに、種子を増殖した。1系統（平成30年度）については果実特性を除いた21形質の特性値を得た。

4) 成果活用における留意点

特性値は検定地における普通栽培作型で得られたデータであり、育種利用にあたっては気候条件等の違いを考慮する必要がある。

5) 今後の課題

なし。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	D61	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	D 葉根菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	D61 カラシナ遺伝資源の特性解明		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	筑波大学生命環境系・吉岡洋輔		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	東京農業大学・熱帯作物学研究室・入江憲治 東京農業大学・遺伝資源利用学研究室・和久井健司 東京農業大学・植物病理学研究室・キムオッキョン 東京農業大学・ゲノム解析センター・田中啓介		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

カラシナ (*Brassica juncea*) は、中央アジアを起源地と考えられており、伝播の過程で品種分化が多様化した野菜である。中国では重要野菜の一つであり、わが国には平安時代には伝来しており、古くから西日本を中心に栽培されてきた。現在は、九州地方を中心に栽培が行われており、タカナ、カツオナ、シマナ（沖縄県）として知られ、野菜、芥子（からし）、高菜漬けなど食材として幅広く利用されている。一方、海外では中国大陸で最も多様な栽培型が分化し、北米やヨーロッパでは薬味用（芥子）、インドでは油料用、ネパールや中東地方では野菜用として世界各地で栽培されている。東南アジアの熱帯・亜熱帯地域でもマレーシア、ミャンマー、タイなどで栽培がみられる。このように世界の広い範囲での栽培と多様な利用法が報告されているが、シーンバンクの保存遺伝資源は限られており、研究開発途上の野菜である。しかし、世界各地に分布していることから、海外遺伝資源には、耐暑性や病虫害抵抗性など様々な環境ストレスに適応した遺伝子源が存在すると考えられる。本研究では、カラシナをはじめとするアブラナ類海外遺伝資源について農業形質を評価し、これらを活用した育種素材の開発を行うことを目的とした。

2) 研究方法

- ①主要形質の特性調査：ミャンマーにて2016年～2019年に新たに収集されたカラシナ・ツケナ遺伝資源73点および基準品として日本産のカラシナ2点（かつお菜、山形青菜）を東京農業大学桜丘圃場にて栽培し特性評価マニュアルに準じて一次必須および二次選択35項目の特性調査を行った。辛み成分（アリルイソチオシアネート（AITC））の成分評価は、新葉から3枚目の葉をサンプリングし、GC/MS分析を行った。
- ②ウイルス抵抗性評価：アブラナ類における主要病原ウイルスの一種であるカブモザイク

ウイルス (TuMV : Isolate Atsugi) は、2017年神奈川県でモザイク症状を呈するダイコンから分離した。本分離株は生物学的大約分子系統学的にBasal-BRグループに属する。5株以上の各カラシナ品種にカーボランダムを用いた汁液接種を行い、接種4週間後迄、病徴を観察し、無病徴についてはTAS-ELISA法およびRT-PCR法によりTuMVの感染有無を確認した。

- ③耐暑性の評価：耐暑性は、細胞膜の温度安定性試験によって評価した。コルクボーラーで打ち抜いた供試葉を10mlのdH₂Oとともに45°Cで30分間の温度処理を行い、25°Cで24hr. 静置後1回目のECを測定した (T₁)。次に-80°Cのフリーザーで24hr. 以上静置後に2回目のEC測定を行い (T₂)、RI (%) = T₁/T₂ × 100の式から細胞損傷率RI (%) を求めた。耐暑性の程度は基準品種の山塩菜、紫大葉高菜と同等以上の品種を耐暑性強と評価した。
- ④亜種・系統間の簡易分類・同定法の開発：ezRAD法に従ってRAD-seq用ライブラリを構築し、NextSeq (Illumina) を用いて2 × 151 bp Paired-End の条件でシーケンスを行った。SNPによる系統樹を基に、カラシナ遺伝資源を分類する識別マーカーの探索を行った。
- ⑤タカナ・カラシナの種子採取法の確立：平成30年度～令和2年度に、わが国における種子生産の栽培適期を検討し、カラシナ遺伝資源の効率的な種子採取法を確立する。
- ⑥ミャンマー研究者の日本研修 (特性評価・種子採取術)：平成30年度～令和2年度の間ミャンマー農業局シードバンクの研究者3名を招へいし、タカナ・カラシナ遺伝資源の「特性評価」、「系統解析」、「種子採取法」の研修を実施する。

3) 研究結果

平成27年度～平成30年度迄にミャンマーから導入したアブラナ属野菜遺伝資源327点について、フローサイトメトリーによる再同定を行ったところ、収集時に同定された*Brassica juncea* 280点のうち、*Brassica juncea* 164点、*Brassica rapa* 57点、*Brassica sp.* 62点に再同定された。ミャンマーから導入したカラシナ遺伝資源の一部はツケナ (*Brassica rapa*) であることがわかった。平成30年度～令和2年度迄に、カラシナ・ツケナ73点の主要形質 (一次必須・二次選択35項目) の特性評価と51点の辛味成分 (アリルイソチオシアネート)、73点の耐暑性評価を実施した。アブラナ類野菜遺伝資源の種・亜種の簡易分類・同定法の開発を目的として、Rad-seqによるゲノムワイドな種・亜種関係を調べ、種内の識別が可能な6種のSSRマーカーを推定した。カラシナ遺伝資源の種子増殖は、十分な種子増殖が可能な栽培適期が確立されていないことから、効率的な種子増殖は行われていない。共同研究相手国 (ミャンマー) への特性評価技術移転を目的に、平成30年度に1名、令和元年度には上級研究者1名を招へいし、「特性評価」、「系統解析」の研修を実施した。令和2年度は新型コロナウイルス感染症拡大防止による外国人の入国制限により研修を中止した。

4) 成果活用における留意点

ミャンマー探索活動におけるアブラナ科野菜遺伝資源の収集品はSMTAを取得し日本に導入した。導入した遺伝資源についてはSMTAに従い活用される。

5) 今後の課題

「海外植物遺伝資源の遺伝特性解析・収集 (平成27年度～29年度)」と「海外植物遺伝資源の民間等への提供促進 (平成30年度～令和元年度)」にて、ミャンマーから導入したアブラナ属野菜遺伝資源は438点になる。これに加えて、今後ミャンマー以外のPGRAsia参画国からも、タカナ・カラシナおよびツケナ、ダイコン、カイラン等のその他のアブラナ科野菜類遺伝資源が毎年100点以上の導入が見込まれることから、引き続きタカナ・カラシ

ナ遺伝資源の特性評価とその他のアブラナ科野菜類遺伝資源の特性評価が実施されなければならない。ミャンマー等から導入する熱帯・亜熱帯原産のアブラナ科野菜類遺伝資源は、抽苔性花芽形成の要因が複雑なことが報告されている（Yoshida 2020）。わが国における種子の効率的な採種法を確立することが課題となる。

<引用文献>

Saki Yoshida, Chigusa Tani, Min San Thein, Ohm Mar Saw, Kenji Wakui, Hidehiko Kikuno, Kenji Irie 2020. Flowering Response of Myanmar Mustard (*Brassica juncea* L.) Genetic Resources under Different Temperature and Day-length Conditions. Trop.

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	D62	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	D 葉根菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	D62 ダイコン・キャベツ遺伝資源の特性解明		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	筑波大学生命環境系・吉岡洋輔		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域 アブラナ科ユニット・小原隆由・柿崎智博		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

ダイコン(*Raphanus sativus* L.)、キャベツ (*Brassica oleracea* L.) の起源地は地中海沿岸であると考えられており、両種とも栽培化の歴史は古い。特に中国や日本のダイコンは変異にとみ、二次的分化の中心地であると考えられている。また、インドやタイなどでは種子を油糧用もしくは未熟莢を食用にするサヤダイコンが栽培されている。ダイコンとキャベツは我が国で作付面積および生産量が大きい重要な野菜であるが、近年黒斑細菌病による被害が問題となっている。抵抗性に品種間差は存在するものの強度抵抗性品種がないため、抵抗性素材の導入とそれを利用した育種が喫緊の課題となっている。そこで、本課題では、海外産のダイコン・キャベツ等遺伝資源について、一次特性を中心とした形態的・生態的形質および黒斑細菌病抵抗性の評価を実施して育種に資するデータを取得するとともに、これらの種子を増殖し、特性データと併せて農研機構ジーンバンクから公開する。

2) 研究方法

2018年から2020年にかけて、ミャンマーから導入したダイコン39点、キルギスから導入したダイコン12点、ならびにキルギスから導入したキャベツ5点と *Brassica rapa* 類4点の特性を評価した。ダイコンは秋まき作型で、キャベツと *B. rapa* は夏まき作型で栽培し、いずれも11～12月の適期に収穫した。生育期間中から収穫時に一次必須項目および一次選択項目について調査を行った。黒斑細菌病抵抗性の評価は、上記と同じ系統を用いて隔離圃場で実施した。黒斑細菌病菌の接種には、ダイコンでは *Pseudomonas syringae* pv. *maculicola* (MAFF番号302723)、キャベツでは *P. cannabina* pv. *alisalensis* (長野県野菜花き試験場KB211株)、*B. rapa* では *P. cannabina* pv. *alisalensis* (B8株、MAFF番号: 212402) を用い、107cfu/mLに調整した菌液を1個体当たり約4mLずつ動力噴霧器により1回～3回散布し

た。接種後葉の病徴を調査するとともに、ダイコンについては11～1月に収穫して、黒斑細菌病による根部の黒心症発生程度を調査した。種子の増殖については、ミャンマーのダイコン43点、キャベツ2点、*B. rapa* 1点、キルギスのダイコン10点、*B. rapa* 2点について、1系統当たり48個体を網室内に定植し、虫媒受粉により採種を行った。

3) 研究結果

これまでにダイコン51点、キャベツ5点の特性評価を終え、データベースに登録した。

ダイコンの一次特性の評価では、草姿、葉片の特性、根形、根色等が系統内で分離している系統が多く見られた。ミャンマーから導入した39点はすべて12月までに抽だい・開花したことから、低温要求性がないまたは低い系統と考えられた。抽だいの早い系統は根がほとんど肥大せず、油糧用またはサヤダイコンであると思われた。根重が1kg弱からそれ以上に肥大する系統は13系統認められた。キルギスから導入した12点のうち5点はハツカダイコン、5点は中国の華北ダイコン、1点は中国の華南ダイコン、1点は西洋ダイコン（黒ダイコン）の特徴を示し、すべての系統で12月までに抽だいは見られなかった。キャベツの供試系統はすべてキルギス国内のマーケットでの収集品であり、全系統が夏まき作型で結球した。*B. rapa*は、定植1か月後からモザイクウイルスと思われる病徴が激しく発生し、ほとんどの個体が生育途中で枯死したため形態調査ができなかったが、一部の個体が残った1点についてはカブの仲間と推察され、別の1点については9月中に抽だいしたことから低温要求性を持たず長日条件で花成が誘導される系統と推察された。

黒斑細菌病抵抗性評価の結果、ダイコンでは、葉の病徴と根部の病徴には相関が認められなかった。黒芯個体率（黒斑細菌病による黒心症が発生した個体割合）は0～100%を示し、幅広い系統間差が確認された。黒芯個体率の低い系統について翌年に再評価を行ったところ、2年間ともに黒芯個体率が低く、根部肥大も良好な系統がこれまでに2系統見出された。キャベツおよび*B. rapa*については、接種1か月後に展開葉における発病を調査したところ、キャベツ類では発病評点の平均が2.6～4.0、*B. rapa*では2.3～4.0であり、際立った抵抗性を示す系統は無かった。

種子増殖については、これまでにミャンマーのダイコン38点の増殖を終え、ジーンバンクに種子を送付済みである。

4) 成果活用における留意点

黒斑細菌病抵抗性については年次間で評価結果が異なることから、複数年の評価が必須である。抵抗性の可能性が示された系統については、その抵抗性程度を我が国の実用品種と比較し、育種素材としての利用を検討する。

5) 今後の課題

ミャンマー、キルギス等から導入したダイコン、キャベツ等遺伝資源について、一次特性および黒斑細菌病抵抗性の評価とジーンバンク公開用種子の増殖を継続する。モザイクウイルスによると思われる生育障害のため調査を中止した*B. rapa* 4系統については、次年度以降再度栽培し特性調査を試みる。黒斑細菌病抵抗性については、接種検定技術の高精度化を図ることで、抵抗性系統のスクリーニングと育種利用が効率的に進展すると考えられる。その他、根こぶ病等アブラナ科の重要病害に対する新規育種素材としての可能性を検討する必要がある。

<引用文献>

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	D71	実行課題 研究期間	平成30～令和元年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	D 葉根菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	D71 アマランサス遺伝資源の遺伝的多様性解析		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	筑波大学生命環境系・吉岡洋輔		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	筑波大学生命環境系・吉岡洋輔・大澤良		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

アマランサスはヒユ科ヒユ属植物の総称であり、多くの種は中南米や熱帯アジア原産の一年草である。種子には豊富な栄養素が含まれており、栄養価の高い擬穀類として世界的に普及している。一方、インド、中国、東南アジアおよびアフリカなどの地域では、*Amaranthus tricolor*、*A. dubius*、*A. cruentus*などが古くから野菜として栽培されている。アマランサスの茎葉には種子と同様にミネラルやビタミンなどの栄養・機能性成分が多く含まれており、近年、世界的にも注目されつつある。また、耐暑性などの環境ストレス耐性や病害抵抗性が優れていることが知られている。以上の点からアマランサスはわが国でも国民の健康に寄与する新しい野菜として普及することが期待されるが、茎葉の形態や食味・食感に関わる形質などに改良が必要な点も多い。また、野菜用アマランサスを対象にした育種分野の基礎的研究は進んでおらず、民間企業を中心とした積極的な品種改良も十分に行われていない。そこで本課題では、野菜用アマランサスの代表的な種である*A. tricolor*の品種開発促進に資する育種基盤を整備することを目標に、核および葉緑体DNA分析に基づいて、わが国および共同研究相手国が保有する遺伝資源の遺伝的多様性を解析するとともに、新たに導入する*A. tricolor*遺伝資源のコアコレクションを構築する。

2) 研究方法

わが国や共同研究相手国（ベトナム植物資源センター）が保有するアマランサス遺伝資源および本課題で新たに収集する遺伝資源について、核および葉緑体DNA分析により遺伝的多様性を評価する。また、野菜用アマランサスのコアコレクションを、核および葉緑体DNA分析により構築する。

3) 研究結果

ベトナム植物資源センター等が保有するアマランサス遺伝資源の葉緑体*matk*領域の配列

データと過去の研究 (Viljoen et al. 2018) で公開されているアマランサス属13種の *matK* 領域の配列データに基づいて系統樹を構築した結果、ベトナム植物資源センターに保存されている遺伝資源の内訳は、*A. tricolor*が120点、*A. dubius*が41点、*A. blitum*が18点、*A. vridis*が6点、その他の種 (*A. hypochondriacus*等) が87点であると確認された。筑波大学が保有するアマランサス遺伝資源217点 (内201点はUSDA-NPGSから新規導入) とベトナム植物資源センターに保存されている*A. tricolor*遺伝資源120点 (上記の葉緑体DNA分析の結果に基づいて分類したもの) をSSRマーカー分析に供試した結果、1マーカーあたり2~36個、平均14.7個の対立遺伝子が検出された。系統樹と主座標分析の結果は概ね一致し、*A. tricolor*は他種とは明らかに異なるクラスターを形成した。一方、*A. tricolor*のみを用いた集団構造解析では4つの遺伝的クラスターが形成され、地域間で遺伝的分化が生じている可能性が示唆された。

筑波大学が保有するアマランサス遺伝資源217点 (内201点はUSDA-NPGSから新規導入) とベトナム植物資源センターに保存されている*A. tricolor*遺伝資源120点をRAD-Seq解析に供試した結果、信頼度の高い8,888個のSNPが選定された。リファレンスゲノムに対するマップ率とリファレンス型ホモのSNP数は種毎に大きく異なり、*A. hypochondriacus*との類縁性を反映しているものと考えられた。アメリカ大陸以外の地域が原産の*A. tricolor*、*A. graecizans*、*A. blitum*の3種はやはりマップ率が低く、リファレンス型ホモのSNP数は少なかった。また、遺伝資源のヘテロ性は低く、比較的固定が進んでいるものと考えられた。主座標分析の結果、*A. tricolor*は他種とは明らかに異なるクラスターを形成した。一方、*A. tricolor*のみを用いた主座標分析では3つの遺伝的クラスターが形成され、地域間で遺伝的分化が生じている可能性が示唆された。この結果はSSRマーカー分析の結果と概ね一致した。

4) 成果活用における留意点

わが国と共同研究相手国 (ベトナム) が保有するアマランサス遺伝資源の遺伝的多様性や各遺伝資源の類縁関係に関するデータが取得できた。これまでに得られたデータや分析手法等はアマランサス遺伝資源を利用した育種に有効に活用できると考えられる

5) 今後の課題

本課題で収集したアマランサス遺伝資源の中からわが国の栽培環境や消費者の嗜好に合う優良系統を同定することが必要である。

<引用文献>

Nguyen Duc Chinh, Tran Danh Suu, Tran Thi Hoai, Ohsawa Ryo, Yoshioka Yosuke* (2019) Genetic diversity of leafy amaranth (*Amaranthus tricolor* L.) resources in Vietnam. *Breeding Science* 69: 640-650.

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	D72	実行課題 研究期間	平成30～令和元年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	D 葉根菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	D72 アマランサス遺伝資源の諸特性と葉菜用途適性の評価		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	筑波大学生命環境系・吉岡洋輔		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	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・加藤晶子・大潟直樹・高田明子・竹島亮馬		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

アジア原産のアマランサス遺伝資源を中心に、形態的・生態的形質および葉菜用適性等に関わる特性を評価するとともに、これらの種子を増殖し、特性データと併せて農研機構ジーンバンクから公開する。

2) 研究方法

国内・海外のアマランサス遺伝資源について、農研機構圃場（茨城県つくば市）における一般特性評価を行い、日本での生育特性を把握し遺伝資源提供の基盤となる種子を増殖した。調査は、これまでに作成した葉菜用と子実用アマランサス遺伝資源の特性評価マニュアル1)に基づいて行い、標準品種として子実用の“ニューアステカ (*A. cruentus* L.)”および葉菜用の“パイアム (*A. mangostanus* L.)”を用いた。前プロジェクトの農林水産省委託プロジェクト研究「海外植物遺伝資源の収集・提供強化」（以下、「PGRAsia H26-H29」と表記）にてベトナムで収集2)3)した遺伝資源の特性評価を行った。

3) 研究結果

平成30年度はベトナムで収集された遺伝資源20品種・系統を、令和元年度はベトナムで収集された遺伝資源6品種・系統を供試し、特性調査と増殖を行った(表1)。二か年の供試材料では葉菜適性があるものは認められなかった。その他、これまでに収集された遺伝資源で種子量が極少量の8品種・系統について、再増殖を行った。また、令和元年度に、これまでに評価したデータの葉菜適性結果を解析し、「PGRAsia H26-H29」で候補となった“農大20台湾”(2015)の他に、“Rau gien trang_No.21”、“Rau gien_No.10”が、葉菜用アマランサスの育種母本候補として挙げられた(図1)。当初計画に沿って順調に遺伝資源の特性評価を行い、「PGRAsia H26-H29」からの引き続きの評価により、ベトナムで収集された54系統全ての特性評価が終了した。

4) 成果活用における留意点

葉菜としての評価では商業利用を念頭に、葉の幅があり大きいものを適性が高いとした。海外にあるような小さな葉を薬味とするなど、家庭菜園的な利用では別の評価が必要である。また、育種素材として評価したため、収量等の農業特性や食味等の十分な利用特性の評価は行っていない。

5) 今後の課題

評価した遺伝資源はいずれも日本における実用化には十分な特性を持つとは言えない。アマランサスの葉菜としての商業利用には、より多くの遺伝資源の評価による育種素材の探索と、日本の環境や利用方法に適する品種育成が必要である。

<引用文献>

- 1) 植物特性評価マニュアル（農業生物資源ジーンバンク） 作物の種類：アマランサス
https://www.gene.affrc.go.jp/manuals-plant_characterization.php
- 2) Shimomura K. et.al. (2016) Collaborative Exploration of Plant Genetic Resources in Vietnam, 2015, AREIPGR 32:159-181
- 3) Kawazu Y. et.al. (2017) Collaborative Exploration of Plant Genetic Resources in Vietnam, 2016, AREIPGR 33:89-113

表1 評価系統一覧

供試 年度	種名	品種・系統名	別名	備考	保存番号
1 R1,H30	<i>A. cruentus</i> L.	ニューアステカ		標準品種	
2 R1,H30	<i>A. mangostanus</i> L.	パイアム		比較品種	30064852
3 R1	<i>Amaranthus</i> sp.	Lai Le Xi		H28ベトナム収集VN.14	30069467
4 R1	<i>Amaranthus</i> sp.	Lai Le meng		H28ベトナム収集VN.16	30069469
5 R1	<i>Amaranthus</i> sp.	PHAC HOM	Rau gien than trang	H27ベトナム収集No.72-1	30067118
6 R1	<i>Amaranthus</i> sp.	PHAC HOM	Rau gien than trang	H27ベトナム収集No.72-2	-
7 R1	<i>Amaranthus</i> sp.	Clom		H28ベトナム収集VN.77	30069530
8 R1	<i>Amaranthus</i> sp.	Rau gien xanh co gai		H28ベトナム収集VN.78	30069531
9 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	LAI LEN	Rau gien	H27ベトナム収集No.64	30067110
10 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	LAI LEN	Rau gien do	H27ベトナム収集No.67	30067113
11 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	PHAC HOM	Rau gien than tim	H27ベトナム収集No.71	30067117
12 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	PHAC HOM	Rau gien	H27ベトナム収集No.93	30067139
13 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Rau deu ta		H28ベトナム収集VN.1	30069455
14 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Phac hom		H28ベトナム収集VN.38	30069491
15 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Phac hom		H28ベトナム収集VN.41	30069494
16 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Phac hom		H28ベトナム収集VN.42	30069495
17 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Lung khung		H28ベトナム収集VN.45	30069498
18 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Sau trenh		H28ベトナム収集VN.48	30069501
19 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Sau trenh kai		H28ベトナム収集VN.50	30069503
20 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Rau gien com		H28ベトナム収集VN.51	30069504
21 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Rau gien com		H28ベトナム収集VN.52	30069505
22 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Rau gien xanh		H28ベトナム収集VN.53	30069506
23 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Rau gien gai		H28ベトナム収集VN.54	30069507
24 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Rau gien do		H28ベトナム収集VN.55	30069508
25 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Phac hom		H28ベトナム収集VN.57	30069510
26 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Phac hom hao		H28ベトナム収集VN.68	30069521
27 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Phac hom khau		H28ベトナム収集VN.69	30069522
28 H30	<i>Amaranthus</i> sp.	Phac hom nam deng		H28ベトナム収集VN.73	30069526

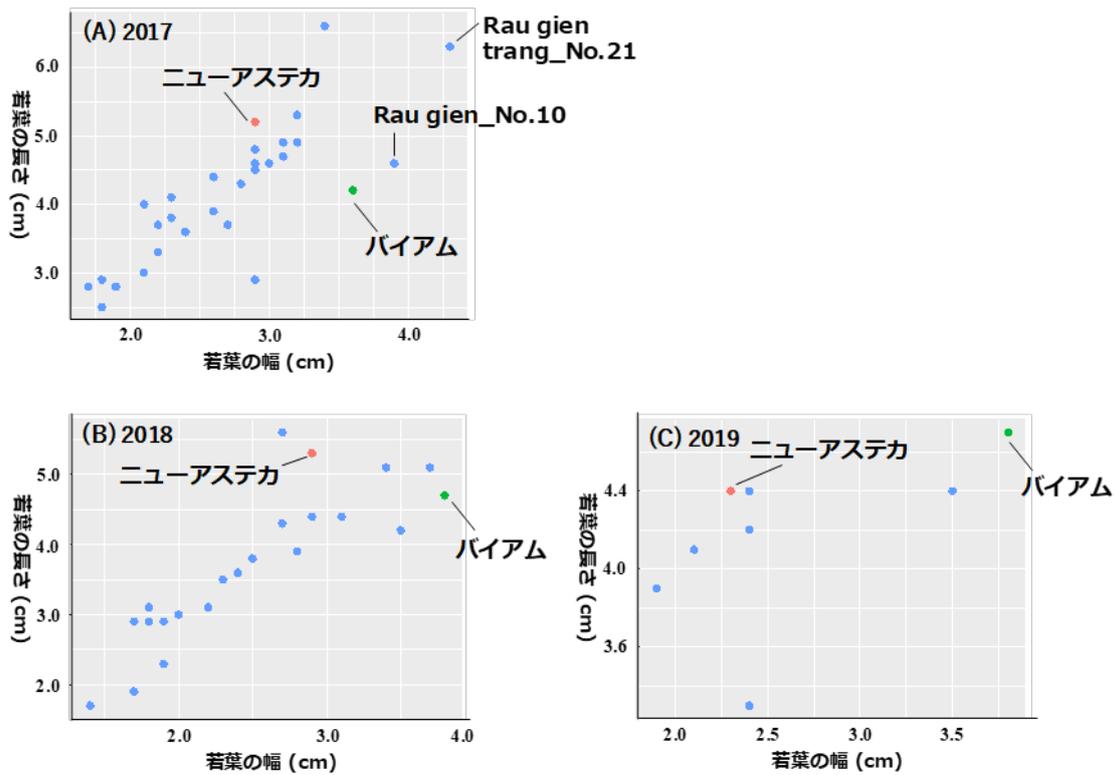


図1. ベトナムで収集された遺伝資源54系統および子実用標準品種（ニューアステカ）ならびに葉菜用標準品種（バイアム）の若葉の長さ・若葉の幅. (A) 2017年度評価結果. 28系統および2標準品種. “Rau gien trang_No.21”および“Rau gien_No.10”はバイアムより葉が大きい. (B) 2018年度評価結果. 20系統および2標準品種. (C) 2019年度評価結果. 6系統および2標準品種.

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	D73	実行課題 研究期間	平成30～令和元年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	D 葉根菜遺伝資源の特性解明		
実行課題名	D73 アマランサス遺伝資源の特性調査		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	筑波大学生命環境系・吉岡洋輔		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	信州大学学術研究院（農学系）・植物遺伝育種学研究室・ 松島憲一、根本和洋		
共同研究機関・研究室・研究者 名等			

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

ミャンマーとカンボジアで収集したアマランサス遺伝資源について特性調査を行うとともに種子更新によるアクティブ化を計る。

2) 研究方法

200穴セルトレイに播種し、本葉数枚展開後に幼苗を信州大学農学部AFC附属農場（長野県南箕輪村、標高773m）に条間80cm、株間20cmで定植した。基本1系統20個体とし、反復は行わなかった。調査は農研機構遺伝資源センターのアマランサス特性評価マニュアルに従い、一次必須・選択項目29形質、二次必須・選択項目5形質および三次必須・選択項目1形質について調査した。なお、比較品種には「ニューアステカ」および「ヒユナ」を供試した。

3) 研究結果

平成30年度は平成27～29年度にかけてミャンマーとカンボジア収集系統のうち13系統を調査した。ミャンマー収集系統のうち未発芽のものが1系統、カンボジア収集系統のうち2系統が *Amaranthus* 属ではなかったため（いずれも *Setaria italica* だった）、最終的にはミャンマー収集系統9系統およびカンボジア収集系統1系統を評価した。種同定を行ったところ、ミャンマー収集系統は *A. hypochondriacus* 3系統、*A. hybridus* 1系統、*A. blitum* 2系統、*A. vilidis* 2系統および *A. spinosus* 1系統であった。カンボジア収集系統の1系統は *A. blitum* であった。ミャンマーで収集された *A. hypochondriacus* は一般に子実用栽培種として知られるが、収集された3系統の種皮色はいずれも茶もしくは黒色であったため、

現地では子実用というよりは野菜用として栽培利用されていると推察された。今回調査したミャンマーおよびカンボジアのアマランサス遺伝資源では、特にミャンマーの収集系統からは5種が同定されており、多くの *Amaranthus* 属植物が人々に利用されていることが明らかとなった。

令和元年度は平成30年度のカンボジア収集系統のうち4系統を調査した。4系統のうち *A. blitum* が1系統、*A. vilidus* が3系統であった。これらの系統の種皮色は茶もしくは黒色で、野菜用としてのみ利用していると考えられた。*A. vilidus* と同定された3系統内に大きな変異は観察されなかった。一方で、*A. vilidus* と *A. blitum* 間では幅広い種間差が観察された。また、圃場での観察では、いずれも病害虫に対して強い抵抗性を示しており、病虫害抵抗性を持つ育種素材として期待できると考えられた。なお本課題は令和元年度で終了した。

4) 成果活用における留意点

概ね全ての系統で順調に進捗したが、一部の発芽しなかった系統、脱粒性の強い系統等で増殖が十分にできなかったため、今後、なんらかの手段で、さらに種子増殖を行う必要がある。

5) 今後の課題

今後、新たに収集される系統や、これまでに収集を完了しているが、未だ栽培、評価、種子増殖を実施していない系統もあるので、これら系統についても、なんらかの方法で、評価と種子増殖を実施する必要がある。

<引用文献>

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和元年度
実行課題番号	E11	実行課題 研究期間	平成30～令和元年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	E11 海外イネ遺伝資源の基本特性解明		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 遺伝資源センター・調整室・根本博		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 遺伝資源センター・植物多様性活用チーム・江花 薫子		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

地温暖化に伴う気候変動に伴い、夏季に栽培するイネでは、高温下での不稔耐性の必要性が高まる。本課題では、アジア熱帯地域などから収集した多様なイネ遺伝資源から、種子稔性に関する高温耐性を評価し、関与する遺伝子領域を明らかにすることによって、イネの育種に役立つ素材および情報を提供することを目的とする。

2) 研究方法

前年度までの結果から、高温下での不稔率が高いと推定される系統および低い系統をイネ遺伝資源から選定し、それぞれ20系統について温室と圃場で栽培し、不稔率調査を行う。各系統5個体から中庸な穂を採取し、一穂あたり全粒数と不稔粒数を計測する。これまで未評価の遺伝資源200系統を栽培し、高温期に出穂した100系統について穂を採取し、不稔率の調査を行う。これまでの結果をもとに、高温下での不稔率に関する遺伝的領域を推定するための遺伝解析用の材料育成を開始する。

3) 研究結果

平成30年と令和元年は、ここ数年に比較して、栽培地（つくば市）での夏季の気温は高く、6月下旬から9月下旬までほぼ高温期が続いた。圃場で栽培した系統についても、ほとんどが高温期の出穂となった。これまでに高温での不稔率が低いと予測された系統20系統について不稔率を調査したところ、比較的安定して不稔率が低いと評価できた。一方で、不稔率が高いと予測していた品種の中には、今年度の結果では低い不稔率を示すものも見られた。複数年次、不稔率が低いと評価された品種は、これまでも低い値を示しており、高温下での不稔率が低い系統とみなしてよいと考えられた。他方で、これまで高い不稔率を示してきた系統には、一年だけ低い不稔率を示している系統もみられ、栽培期間を通じて比較的高温に推移したことが影響している可能性も考えられる。

遺伝解析用の材料育成として、遺伝解析の候補品種間で交配を行い、13組合せについて交配種子を得た。ただし、高温下での不稔率が高い系統とみなしていた品種が、令和元年度は中間的な値を示したことから、新たな組み合わせでの交配も必要と考えられる。

これまでの評価によって、タイやインドなどの品種の一部に高温不稔が出にくい系統が見られることが分かった。一方で、北海道や東北の品種などの耐冷性の強い品種群には、高温不稔の被害が出やすい系統もあると思われたが、生育期間中を通じて高温で推移する場合には、耐冷性品種であっても高温による不稔を起こしにくいケースも見られた。さらに、同一個体内に対照区を設けることによって、開花期の高温の影響を評価できる実験系ができるなど、高温での不稔に対する遺伝解析に必要な材料および方法が揃ったことから、この課題の目的は達成できたと考え、令和元年度で終了となった。

4) 成果活用における留意点

高温下での種子稔性については年次変動を見て、高温耐性の評価を確認する必要がある。また、高温年の不稔耐性を見た新規遺伝資源については、遺伝資源として利用するためには基本特性として穂数などの収量関連形質を調査する必要がある。

5) 今後の課題

より幅広いイネ遺伝資源を対象に種子稔性に関する高温耐性の評価を続け、さらに高度な耐性を備えた遺伝資源を見出す必要がある。また、関与する遺伝子領域を明らかにする必要がある。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和元年度
実行課題番号	E12	実行課題 研究期間	平成30～令和元年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	E12 亜熱帯環境を利用したイネ遺伝資源の評価および利用技術の研究開発		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 遺伝資源センター・調整室・根本博		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	JIRCAS・熱帯・島嶼研究拠点・福田善通、農研機構遺伝資源センター・植物多様性活用チーム・奥泉久人		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

熱帯・亜熱帯地域のイネ遺伝資源に関しては、体系的な特性調査や有用形質の評価等が十分に確保されていない。また熱帯・亜熱帯地域のイネ遺伝資源を日本へ導入した場合、温帯地域に位置する日本の本州地域では、それらが持つ日長反応性等の問題によって生殖成長への移行が阻害されたり、低温によって生育に障害をきたしたりするため、正確な品種特性評価を行うことができない場合がある。

そこで、イネ遺伝資源を共同研究実施国であるラオスから導入し、亜熱帯環境下にあるJIRCASの熱帯・島嶼研究拠点(石垣市)で収量に関与する一般農業特性を評価する。この評価は同時に共同研究実施国(ラオス)においても実施し、これらの調査結果をまとめ、データベース化を行い情報の共有化を図る。さらにJIRCASが選定した標準判別いもち病菌菌系を用いたイネ遺伝資源の抵抗性評価を行い、随時データベースの項目に加える。取りまとめられた情報は、イネ遺伝資源の原産国との共同利用や国際公共財としての公表を図る。

2) 研究方法

ラオスのイネ遺伝資源を石垣島のII期(7-12月)に栽培を行い(10個体/アクセッション)、出穂期調査と種子増殖を行う。また、石垣における出穂期、DNAマーカー多型、標準判別いもち病菌菌系に対する抵抗性反応、ラオス現地での農業特性のデータセットを確保する。

イネ品種と感染するいもち病菌レースとの関係を明らかにするため、平成29年度までに新たに収集したイネ遺伝資源について、現地での種子増殖と収量構成形質の予備調査を行う。

日本から提供されたソルガムおよびラオス在来のトウモロコシを現地で乾季に栽培し、特性を評価する。

3) 研究結果

ラオスのイネ遺伝資源275点について、出穂期調査および種子増殖を行った。その結果、至穂日数は47-89日に分布し、平均値で66.8日を示した。この値は、「ひとめぼれ」の47

日に比べ極めて晩生であり、広く晩生範囲に分布していくことが確認できた。また、出穂期、DNA マーカー多型、標準判別いもち病菌菌系に対する抵抗性反応、ラオス現地での農業特性のデータセットを得た (Muto et al. 2019)。

新たに収集されたイネ遺伝資源 88 点について、ラオス現地での種子増殖を行うとともに収量構成形質の予備調査結果を得た。

ラオスで乾季期間における現地特性調査により、ソルガム 50 点の一次必須特性 13 項目、ラオス在来トウモロコシ 50 点の一次必須特性 13 項目の評価を行った。

ラオスのイネ遺伝資源について幅広い特性評価データが蓄積され、この課題の目的は達成できたと考え、令和元年度で終了となった。

4) 成果活用における留意点

石垣で調査したイネ遺伝資源について、台風や低温により農研機構ジーンバンク登録に十分な種子量の確保が遅れ、特性データのデータベースへの掲載が遅れている。

5) 今後の課題

本小課題は令和元年度で終了となったが、十分な種子量の確保と、特性データのデータベースへの掲載について完了させる必要がある。

<引用文献>

Chiaki Muto, Kaworu Ebana, Kazuaki Kawano, Viengphone Bounphanousay, Chay Bounphanousay, Kongppanh Kanyavong, Phoumi Inthapanya, Chanthakone Boualaphanh, Tadashi Sato, Ryuji Ishikawa, Yo-Ichiro Sato, Seiji Yanagihara and Yoshimichi Fukuta (2019) Genetic variation in rice (*Oryza sativa* L.) germplasm from northern Laos. Breed. Sci. 69:272-278.

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和元年度
実行課題番号	E13	実行課題 研究期間	平成30～令和元年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
実行課題名	E13 米の機能性成分に関する遺伝資源評価および素材系統の作成		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 遺伝資源センター・調整室・根本博		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 次世代作物開発研究センター・稲研究領域米品質ユニット・荒木悦子		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

機能性についてイネ遺伝資源の特性解明を行う。玄米重量の10%を占める米糠は、タンパク質や脂質に加え、 γ -オリザノール等の機能性成分に富む。しかしながら、 γ -オリザノール等の機能性成分の含有率を高める品種育成は十分には行われていない。そこで、これまでに見出した玄米や白米の γ -オリザノール含有率が高い遺伝資源を用いて、高含有率の原因となる遺伝子座を推定するとともに、簡易選抜用DNA マーカーを開発する。

2) 研究方法

「世界のイネコアコレクション」、「日本のコアコレクション」などから選抜した玄米あるいは白米の γ -オリザノール含有量が高い系統を、「コシヒカリ」や「あきだわら」と交配し、遺伝解析集団を育成する。

胚乳部の γ -オリザノール蓄積については、白米に γ -オリザノールの蓄積が認められる「こなゆきの舞」を「あみちゃんまい」と交配したF₃集団から、白米の γ -オリザノール含有量が高い系統を選抜し、種子の形態を観察する。

「コシヒカリ」を遺伝背景とする染色体断片置換系統 (CSSL) シリーズ (コシヒカリ/Khao Nam Jen、コシヒカリ/Deng Pao Zhai、コシヒカリ/Naba、コシヒカリ/Bleiy、コシヒカリ/Qiu Zhao Zong) の玄米の γ -オリザノール含量を評価し、コシヒカリの遺伝背景において γ -オリザノール含量を高めることに関与する染色体領域を推定する。

また、継続して新規遺伝資源について γ -オリザノール含有率の品種検索を続ける。

3) 研究結果

玄米の γ -オリザノール含有率の高い系統 (Padi Perak、Nepal555、石白、神力糯、金子)、白米の γ -オリザノール含有率の高い系統 (ARC7291、田優)、玄米の γ -オリザノール含有率が中程度～やや低い系統 (Hetadawee、Rexmont、Daegold) のそれぞれとコシヒカリを交配した遺伝解析用のF₂集団を育成した。

胚乳に γ -オリザノールを蓄積する「こなゆきの舞」に関しては、交配集団の両親系統のNGSデータ取得、ゲノム全体にSNPマーカーの設置を進め、F₃系統群を用いたQTL解析を行

った。

コシヒカリを遺伝背景とする染色体断片置換系統（CSSL）シリーズを用いた解析から、第1染色体、第5染色体、第12染色体に、再現性のある γ -オリザノール含量に関連するQTLがあることを明らかにした。

新規遺伝資源系統の γ -オリザノール含量は、63~218 $\mu\text{g/g}$ の変異があったが、この変異はコアコレクション等のこれまでに評価した系統の変異と同等であった。特性データのデータベース登録については、これまでに分析した遺伝資源系統（WRC、JRC、その他遺伝資源）の玄米の γ -オリザノール含量のデータを「低」「中」「高」に分類し、データベース登録を行った。

γ -オリザノール含量の高い遺伝資源が見いだされ、遺伝子座を推定するための解析集団要請の見通しが立ったことから、この課題の目的は達成できたと考え、令和元年度で終了となった。

4) 成果活用における留意点

玄米・白米で高 γ -オリザノール含量の遺伝資源を見出したが、遺伝子座の推定や簡易選抜用DNA マーカーの開発に至っていない。育種事業で育種目標化するには、こうしたゲノム情報の整備が求められる。

5) 今後の課題

養成した遺伝解析集団を使って、高 γ -オリザノール含量に関する遺伝子座を推定するとともに、簡易選抜用DNA マーカーの開発を進める必要がある。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行題番号	F11	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	F 育種素材の育成		
実行課題名	F11 トマト育種素材の育成		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓・宮武宏司		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓・宮武宏司・新村芳美		
共同研究機関・研究室・研究者 名等	ベトナム農業科学アカデミー作物研究所 (FCRI) ・ Nguyen Thi Thanh Ha		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

わが国およびベトナムが保有しているトマト品種・系統間での交雑後代について、高温期の着果性、病害抵抗性および果実糖度について選抜・自殖を行い、共同で有望なトマト育種素材を開発する。また、毎年FCRIから研究員を約3週間受入れ、トマトのDNA分析手法・栽培方法・青枯病抵抗性検定法・収量調査手法などについて技術移転を行う。

2) 研究方法

平成30年度は、ベトナム農業科学アカデミー作物研究所 (FCRI) 育成の4系統および日本の市販4品種との交雑後代系統を春夏期と冬期にFCRIで栽培し、高温期の着果性、病害抵抗性、果実糖度などの点で優良なF₅またはF₄系統をベトナムと日本の研究者が共同で選抜した。

令和元年度は、前年度選抜したF₅またはF₄系統と日本のF₁品種またはベトナムの固定品種を交雑したF₁系統を春夏期に、その後代F₂系統を冬期にFCRIで栽培し、高温期の着果性、病害抵抗性、果実糖度などの点で優良なF₃系統をベトナムと日本の研究者が共同で選抜した。

令和2年度は、前年度選抜したF₃系統を春夏期に、またその選抜後代F₄を冬期にFCRIおよび安濃野菜研究拠点 (安濃) で栽培し、FCRIではベトナムでの栽培に適した個体および安濃では日本での栽培に適した個体を選抜した。

また、平成30年度および令和元年度は、FCRIから野菜花き研究部門に研修員を受入れ、トマトのゲノムDNA抽出、PCR、電気泳動、養液栽培技術、青枯病抵抗性検定などの技術移転を行ったが、令和2年度は、新型コロナウイルス感染拡大防止のため、研修員の受入を

中止した。

3) 研究結果

FCRI育成の4系統および日本の市販4品種との交雑後代系統から、育種素材と利用可能な4系統を選抜した。

上述4系統と日本のF₁品種またはベトナムの固定品種との交雑後代からベトナムおよび日本の双方でF₃系統を選抜し、現在F₄系統からの選抜試験中である。

FCRIから研修員の受入については、平成30年度は Mr. Nguyen Thieu Dinh、令和元年度は Ms. Nguyen Thi Thanh Haを受入れ、トマトのDNA分析手法および青枯病抵抗性検定などの技術指導を行った。令和2年度はFCRIからの研修員の受入を中止した。

表1 ベトナム(FCRI)でF₃系統から選抜した個体の諸特性^z

品種・系統名	果色	果形	子室数	総果数 (果/株)	総果 1果重(g)	総果重 (kg/株)	果実糖度 (Brix %)	黄化葉巻病 罹病率 ^y (%)	青枯病 罹病率 ^y (%)	
[選抜個体]										
14C1-1-v1	赤	やや扁平	5.7	7	93	648	5.0	61.1	11.1	
14C1-2-v1	赤	やや扁平	5.3	12	87	1045	4.9	83.3	0.0	
14C1-2-v2	ピンク	やや扁平	8.0	8	126	1008	4.3	83.3	0.0	
14C1-2-v3	赤	やや扁平	5.0	10	85	850	5.4	83.3	0.0	
17C2-1-v1	ピンク	やや扁平	7.0	6	180	1080	5.0	44.4	0.0	
17C2-2-v1	赤	やや扁平	6.0	18	88	1589	5.1	44.4	0.0	
17C3-1-v1	赤	プラム形	3.3	24	50	1200	4.9	0.0	0.0	
19C2-1-v1	ピンク	やや扁平	9.0	9	76	684	3.4	83.3	33.3	
22C2-1-v1	赤	球形	3.0	35	114	3990	5.6	0.0	11.1	
22C2-1-v2	赤	球形	2.3	32	88	2826	4.9	0.0	11.1	
22C2-1-v3	赤	球形	2.7	28	110	3080	5.7	0.0	11.1	
22C2-1-v4	ピンク	球形	3.3	37	72	2664	4.9	0.0	11.1	
22C2-2-v1	赤	プラム形	2.3	20	50	1000	6.0	0.0	94.4	
23mix-v1	赤	やや扁平	4.0	8	103	820	4.5	0.0	44.4	
23mix-v2	赤	球形	4.0	24	82	1968	5.0	0.0	44.4	
23C2-1-v1	赤	球形	3.5	22	70	1540	5.8	0.0	16.7	
23C2-1-v2	ピンク	プラム形	3.0	22	82	1804	5.0	0.0	16.7	
23C2-1-v3	赤	球形	3.0	20	115	2300	5.3	0.0	16.7	
27C2-1-v1	赤	やや扁平	4.3	12	143	1720	4.9	0.0	94.4	
27C2-2-v1	赤	やや扁平	7.0	11	117	1284	5.6	0.0	94.4	
30C1-1-v1	ピンク	球形	4.0	12	110	1320	5.9	22.2	66.7	
33C1-1-v1	ピンク	やや扁平	6.7	18	133	2399	3.6	11.1	0.0	
[対照品種・系統]										
						0				
No.13C3(F7)	赤	球形	5.3	12	67	800	4.5	100.0	33.3	
No.14C2C2(F7)	ピンク	球形	5.0	10	88	875	5.4	50.0	0.0	
No.14C2C1(F7)	ピンク	球形	5.7	6	75	450	5.1	0.0	0.0	
7C3C1(F6)	赤	やや扁平	6.3	6	120	720	6.0	27.8	100.0	
VN6(VT8)	赤	球形	2.7	20	91	1828	5.8	0.0	11.1	
VN7(VT11)	赤	やや扁平	6.3	14	143	2006	4.7	0.0	5.6	
麗旬	ピンク	やや扁平	5.7	6	126	756	5.6	100.0	22.2	
桃太郎ホープ	-	-	-	-	-	-	-	11.1	100.0	

^z2020年2月17日播種、3月16日定植

^y選抜個体の親集団(F₃)の自然発病による罹病率

表2 農研機構(安濃)でF₃系統から選抜した個体の諸特性^z

品種・系統名	果色	果形	総果数 (果/株)	総果 1果重(g)	総果重 (g/株)	良果数 ^y (果/株)	良果 1果重 ^y (g)	良果重 ^y (g/株)	Brix (%)	食味 ^x	青枯病 罹病率 ^w (%)
[選抜個体]											
14C1-1-j2	ピンク	やや扁平	20	158	3,153	17	171	2,913	5.8	3.0	20.0
14C1-1-j3	赤	やや扁平	19	172	3,269	16	187	2,994	5.0	3.2	20.0
14C1-1-j5	赤	やや扁平	19	164	3,123	15	167	2,511	5.2	3.0	20.0
14C1-2-j3	赤	腰高	13	195	2,529	12	193	2,312	5.2	3.2	20.0
19C2-1-j2	ピンク	やや扁平	13	166	2,158	10	181	1,811	4.9	3.0	60.0
22C2-2-j2	赤	プラム形	42	58	2,446	1	106	106	5.9	2.0	0.0
23mix-j2	赤	腰高	32	87	2,771	6	125	748	4.9	1.8	20.0
23C2-1-j1	赤	プラム形	25	105	2,616	10	123	1,234	5.0	2.3	40.0
27C1-1-j1	赤	やや扁平	22	115	2,528	9	133	1,201	5.4	2.8	0.0
27C1-1-j4	赤	球形	26	92	2,390	12	118	1,416	5.1	2.7	0.0
30C1-1-j2	ピンク	腰高	10	121	1,213	8	131	1,045	7.0	4.8	80.0
33C1-2-j4	ピンク	腰高	22	119	2,609	12	158	1,901	5.2	2.8	100.0
14C2C2(F7)-j1	ピンク	プラム形	19	131	2,496	13	147	1,912	5.3	3.0	100.0
14C2C1(F6)-j4	ピンク	やや扁平	18	188	3,389	14	215	3,012	5.7	3.5	50.0
[対照品種・系統]											
13C3(F7)	赤	球形	9	106	958	2	170	339	5.2	2.2	100.0
14C2C2(F7)	ピンク	プラム形	16	90	1,593	7	129	925	5.6	3.2	100.0
7C3C1(F6)	赤	球形	27	136	3,677	18	162	2,914	4.2	2.8	0.0
14C2C1(F7)	ピンク	腰高	12	119	1,739	8	140	1,419	5.9	3.7	50.0
VN6(VT8)	赤	プラム形	26	81	2,133	5	108	586	5.9	2.2	0.0
VN7(VT11)	赤	やや扁平	22	121	2,686	6	142	853	5.7	3.0	0.0
VN8 (T21)	赤	やや扁平	20	133	2,708	6	143	799	5.2	2.7	0.0
麗旬	ピンク	やや扁平	7	148	1,039	6	156	1,001	6.0	4.7	80.0
桃太郎ホープ	ピンク	やや扁平	9	127	1,096	5	159	797	5.8	3.5	100.0

^z2020年4月6日播種、5月12日または14日定植、収穫期間:7月2日～7月30日

^y良果:100g以上の正常果

^x食味:1=不良、2=やや不良、3=中程度、4=やや良、5=良で評価したときの平均値

^w選抜個体の親集団(F₃)の自然発病による罹病率

4) 成果活用における留意点

日本向けの選抜系統は、育種素材として果実品質等の点で不十分である。

5) 今後の課題

F₄系統については、選抜により世代を進め形質の固定化を図るとともに、日本の優良品種などと再度交雑し、その後代から選抜を進める必要がある。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	F21	実行課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	F 育種素材の育成		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・松永啓・宮武宏司		
実行課題名	F21 ナス育種素材の育成		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 野菜花き研究部門・野菜育種・ゲノム研究領域・宮武宏治・松永啓・新村芳美		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

ラオスを共同研究相手国とし、多様性に富むナス遺伝資源を利用した素材育成を行う。具体的には、地球温暖化によって被害が拡大・顕在化しているナスの重要な土壌伝染性病害虫に対する抵抗性を主な対象特性とする。また、高温多湿等の劣悪条件下でも栽培が容易となる特性も対象とする。ラオスが保有するナス遺伝資源および本プロジェクトで収集したナス遺伝資源をラオス園芸研究センター（HRC）等で栽培し、土壌伝染性病害虫抵抗性や高温耐性等、諸特性に優れる育種素材を検索する。得られた育種素材をラオスの一般的な品種・系統等と交雑し、後代について選抜と自殖による遺伝的固定を図り、有望な中間母本系統等育種素材を開発する。選抜方法や対象とする特性によっては各年度の参画機関を検討する。

2) 研究方法

①ラオスの保有するナス遺伝資源を現地で栽培し、諸特性の評価から、有望素材の有無を判断する。②平成27年度に作出した4組合せのF₁（ラオス系統と日本の品種との交配集団）の自殖後代に由来する集団をHRC圃場で栽培し、有望な個体を選抜する。③HRC研究員を日本へ招へいし、ナス育種に関する技術移転を図る。④ラオスの関係部署と調整し、育成系統を含むラオス産ナス遺伝資源の日本への導入を図る。

3) 研究結果

①ラオス遺伝資源をHRCおよび南部農林業研究普及センター（SAFReC）で栽培し、青枯病とセンチュウ抵抗性を含む諸特性を評価した。その結果、14点について、正常に生育し、青枯病およびセンチュウ抵抗性を保有し、高温下での栽培適性を有することが確認された。そのうち5点については、日本の菌株に対しても青枯病抵抗性を示すことが国内の試験で明らかとなった。②ラオスの系統と日本の品種との交雑後代の中から選抜した3点についても

①と同様の手法により選抜し、青枯病およびセンチュウ抵抗性を保有し、高温下での栽培適性を有することが確認された。現在、SMTAでの日本への導入を進めている。このことから、目標とする2点以上の有望な育種素材の開発は達成された。③HRC研究員の招へいについては、新型コロナウイルス感染拡大の影響から、令和2年度は見送ることとした。代わりに、Workplanに年度計画をしっかりと記載し、現地での試験のサポートに努めた。④育成系統を含むラオス産ナス遺伝資源の日本への導入に必要なSMTAを作成し、現地責任者の承諾を得た。現在原本を現地に送り、手続きを進めている。航空便が運行されていないため、大幅に到着が遅れている。

4) 成果活用における留意点

本課題内でラオスと共同選抜した有望な育種素材の利用については、まず、日本国内での栽培試験により、病虫害抵抗性を含む諸特性を確認し、育種素材としてのポテンシャルを確認する必要がある。

5) 今後の課題

新型コロナウイルス感染拡大の影響により、現地での共同選抜が難しい状況にある。また、毎年実施していたHRC研究員の日本への招へいおよびナス育種に関する技術移転についても、再開のめどが立っていない。この状況下においても、双方の利益につながる有望素材の選抜や技術移転ができるよう、選抜基準や手法についてメール等の手法を駆使し、情報共有を徹底する。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	G11	小課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	G データベースの整備と公開		
実行課題名	G11 データベースの整備と公開		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 遺伝資源センター・保存技術・情報チーム・竹谷勝		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 遺伝資源センター・保存技術・情報チーム・竹谷勝、山崎福容		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

特性評価調査から得られる海外植物遺伝資源の特性評価情報等を安全・的確に格納するためのデータベースを整備して、データ検索システムの開発を通してデータベースを公開する。国立研究開発法人、公設試験場、大学等有する植物遺伝資源について、統合データベースを開発し、情報を共有するネットワークを構築・公開する。

2) 研究方法

他の小課題で得られる特性評価データ、実行課題G12で得られる在来品種に関する特徴や継承への課題、実行課題G13で得られる公設農試が保有する遺伝資源データなどを安全・的確に格納するためのデータベースを設計・実装する。さらに、格納されたデータを我が国の育種関係者などに分かりやすい形で情報提供するためのデータ公開・検索システムの開発を行う。

3) 研究結果

本中課題により得られた429系統のべ8934項目の特性評価データを一般に公開した。沖縄～関東甲信越の在来品種約180品種をデータベース化し、地図上のアイコンから在来種の特徴や写真を参照できるシステムを開発した。奈良県農業研究開発センターが保有するスイカ、メロンなどの植物遺伝資源を含む横断検索システム(PGR-Gateway)を開発・公開した。

4) 成果活用における留意点

本中課題により得られた特性評価データは一定期間を経たのちに公開される。また、現時点ではPGR-Gatewayに含まれるデータベースの数は4であり、在来品種データベースの一般公開は行っていない。

5) 今後の課題

特性データの公開については、より簡易な条件による検索機能を開発することで利用者

の拡大を見込むことができると考えられる。PGR-Gatewayについては参画機関の拡大、在来品種データベースについては一般へのβ版公開が課題である。

<引用文献>

山崎福容, 川本祥子, 竹谷勝 (2020) PGR-Gatewayによる遺伝資源へのアクセスの効率化. アグリバイオ 4(3): 18-22.

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	G12	小課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	G データベースの整備と公開		
実行課題名	G12 在来品種データベース構築		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 遺伝資源センター・保存技術・情報チーム・竹谷勝		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	山形大学・植物遺伝資源学研究室・江頭宏昌		
共同研究機関・研究室・研究者 名等	農研機構 遺伝資源センター・保存技術・情報チーム・山崎福容		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

在来品種の現地での継承や保存活動、また遺伝資源としての公知に役立てるため、国内在来品種の特徴、用途、栽培方法、継承への課題や取り組みなどを参照できるデータベースの構築と拡充を行う。

2) 研究方法

日本各地に継承されてきた在来品種について、これまで蓄積してきた現地調査等の情報を踏まえ、作物の特徴、用途、栽培方法、継承への課題や取り組み等を参照できる在来品種のデータベースを構築する。必要に応じて未調査地の調査と現状の再確認、データベースの充実のための補足的な現地調査を実施する。

3) 研究結果

沖縄、九州、中国、四国、近畿、北陸、中部、関東地方の在来品種約180品種について、現地での呼称、栽培方法、品種特性、由来・歴史、伝統的利用法、消費・流通の現状、継承の現状、参考資料、写真を参照できるデータベースコンテンツを作成し、地図上にプロットしたアイコンから写真データを含めた品種情報を表示できるようにした。

4) 成果活用における留意点

本成果はITPGRの第五条5.1およびSDGs第2目標の2.5にも適うものである。育種関係者や関連の研究者のみならず、生息域内保全を推進し国内の農業生物の多様性を維持するためにも、現地の栽培・利用者や周辺の関係者がその価値を認識して一層の維持・回復の支援につながるように活用を図りたい。

5) 今後の課題

国内の在来品種は少なく見積もっても1000種類を超えると思われるが、今回作成したデータベースコンテンツ数は180であり、地域的にも種類的にも十分な数ではない。より広域に多様な在来品種の現状をとらえるには、現在の倍の360か、少なくとも300種類までコンテンツを充実させる必要がある。

<引用文献>

食料及び農業のための植物遺伝資源に関する国際条約

外務省ホームページ https://www.mofa.go.jp/mofaj/gaiko/page22_000011.html

持続可能な開発目標（SDGs）

総務省ホームページ

https://www.soumu.go.jp/toukei_toukatsu/index/kokusai/02toukatsu01_04000212.html
1

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	平成30～令和2年度
実行課題番号	G13	小課題 研究期間	平成30～令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	G データベースの整備と公開		
実行課題名	G13 公設農試との連携		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構 遺伝資源センター・保存技術・情報チーム・竹谷勝		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	奈良県農業研究開発センター・大和野菜研究センター・峯圭司、米田祥二		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

公設農試のデータベースから統合データベースへ格納する品目の拡大を図るとともに、独自のデータベースをもたない公設農試の統合データベースへの参画を目指した取組をすすめる。

2) 研究方法

公設農試のデータベースから、統合データベースへ格納可能な情報の項目を選定する。選定した項目について、遺伝資源毎に、統合データベースへの格納可否の判断作業を進める。公設農試のデータベースの更新情報を出力し、統合データベースへ反映させるための方式を検討し、試用試験を実施する。また、統合データベースへ連携する品目を拡充していくとともに、独自のデータベースをもたない公設農試が保有する遺伝資源を統合データベースで公開できるような仕組みについても検討を進める。

3) 研究結果

公設農試（奈良県農業研究開発センター）のデータベースから、統合データベースへ格納可能な情報の項目の選定が完了した。公設農試で保有する遺伝資源の中から、統合データベースへの格納可否の判断作業を進め、スイカ110点、メロン9点について格納可能と判断した。公設農試のデータベースの更新情報を出力するプログラムを作成した。更新情報を格納したCSVファイルを電子メールにより統合データベースへ送信し、更新情報の反映が行えることを確認した。また、独自のデータベースを持たない公設農試がデータを格納できるようにするため、遺伝資源の管理に用いることができるExcelファイルを作成し、それをMCPD形式のCSVファイルに出力する手法を考案した。

4) 成果活用における留意点

現在参画している公設農試は奈良県農業研究開発センターのみである。

5) 今後の課題

新たに参画しうる県との具体的な交渉を行うとともに、独自のデータベースをもたない公設農試が保有する遺伝資源を統合データベースで公開するための仕組みを作成する必要がある。

<引用文献>

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	令和2年度
実行題番号	H11	実行課題 研究期間	令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	遺伝資源ゲノムデータ基盤の構築による民間育種の加速化		
実行課題名	H11 コアコレクションおよび有望系統の全ゲノム解析		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者名	農研機構 遺伝資源センター・植物多様性活用チーム・内藤健		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者名	農研機構 遺伝資源センター・植物多様性活用チーム・内藤健		
共同研究機関・研究室・研究者名	農研機構高度解析センター・ゲノム情報大規模解析チーム・矢野亮平		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

病虫害や異常気象、さらに国外の農産物との競合が我が国の農業の深刻な問題となっており、画期的な品種育成による国内農業の強化は必須である。そのためには多様な遺伝資源の利用が不可欠だが、迅速な育種の鍵となるゲノム情報が利用できる野菜はほとんどない。このため、本研究では、野菜コアコレクションやその他有望系統の(1)全ゲノム配列および(2)形質情報を取得・提供し、新品種開発に必要な年限を大幅に短縮するゲノム育種基盤を構築する。

本実行課題では、コアコレクション等の全ゲノム配列をロングリードシーケンサーで取得し、塩基置換だけでなく挿入・欠失・重複・逆位などの構造多型を含めたゲノム多型と有用形質との相関解析(アソシエーション解析)が実施できる基盤を構築する。園芸作物の耐病性・果色・芳香などの有用形質においては、構造変異が原因となる事例が多数知られるようになった。しかし従来のショートリードによるリシーケンスデータを用いたアソシエーション解析では、塩基置換情報しか得られない。そのため、有用形質に関与する重要なゲノム構造変異をうまく捕捉できず、アソシエーション解析がうまくいかない問題も頻繁に見られる。一方、近年著しく発展したロングリードシーケンス技術では、100 kbp単位の構造変異であっても、1本のリード配列で読み切ることができ。そこで、ハイスループットのロングリードシーケンサーPromethIONを導入し、多系統の全ゲノム配列を一挙に取得する。本実施課題の成果により、耐病性(キュウリのうどんこ病、炭疽病、メロンのうどんこ病、つる割病等)等の有用形質に関わる遺伝子マーカーもしくは連鎖マーカー開発が容易となり、我が国の民間企業における育種は加速化が期待される。

2) 研究方法

単一種子由来の系統から高分子DNA抽出キットを用いてゲノムDNAを抽出し、ライ

ゲーショニングキットによってシーケンシングライブラリを調整、ロングリードシーケンサーによって塩基配列情報を取得。得られたデータを大容量解析サーバーによってアセンブルし、系統間のゲノム配列を比較した。

3) 研究結果

キュウリ10系統の全ゲノム配列を新たに導入したPromethIONシーケンサーで解読した。うち1系統についてはゲノムサイズの100xに相当する配列データを取得し、精密なアセンブル作業を行った。その結果、既存の参照キュウリゲノム (226 Mbp) よりも50 Mbp 大きいアセンブルが得られた。特に第4染色体については参照ゲノム (28 Mbp) よりも15 Mbp 長い43 Mbp となった。キュウリはサテライト配列が多く、推定ゲノムサイズ330 Mbp のうち100 Mbp 以上の領域がアセンブル不可能とされてきたが、PromethION シーケンサーの超ロングリードによって、そのうちの半分が今回初めてアセンブルされたことになる。

この系統を新たな参照ゲノム配列とし、他の系統と比較した結果、本研究で捉えることを目指していた大きな挿入・欠失や逆位などが容易に同定できることが明らかとなった。

4) 成果活用における留意点

ロングリードを使って得られたゲノム配列には1%程度のエラーが含まれるため、現時点ではSNP解析には向いていない。したがって、次年度にはこのエラーを補正するためのショートリード配列を取得することで、正確なコンセンサス配列を作成する。

5) 今後の課題

PromethIONシーケンサーを活用するために、継続した予算の充足が重要である。

中課題番号	18064822	中課題 研究期間	令和2年度
実行題番号	H12	実行課題 研究期間	令和2年度
中課題名	海外植物遺伝資源の民間等への提供促進		
小課題名	遺伝資源ゲノムデータ基盤の構築による民間育種の加速化		
実行課題名	H12 ゲノム解析遺伝資源への耐病性情報の付与		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者名	農研機構 遺伝資源センター・植物多様性活用チーム・内藤健		
実行課題 代表研究機関・研究室・研究者名	岡山大学大学院環境生命科学研究科・加藤謙司		
共同研究機関・研究室・研究者名	農研機構野菜花き研究部門・ウリ科イチゴユニット・下村晃一郎、川頭洋一 筑波大学生命環境系・吉岡洋輔 茨城県農業総合センター生物工学研究所・野菜育種研究室・葛谷真輝、柏木優、大寺宇織		

II. 実行課題ごとの研究目的等

1) 研究目的

病虫害や異常気象、さらに国外の農産物との競合が我が国の農業の深刻な問題となっており、画期的な品種育成による国内農業の強化は必須である。そのためには多様な遺伝資源の利用が不可欠だが、迅速な育種の鍵となるゲノム情報が利用できる野菜はほとんどない。このため、本研究では、野菜コアコレクションやその他有望系統の（1）全ゲノム配列および（2）形質情報を取得・提供し、新品種開発に必要な年限を大幅に短縮するゲノム育種基盤を構築する。

本実行課題では、キュウリのコアコレクションおよび有望系統計100点について、うどんこ病菌（茨城県保有株）および炭疽病の強毒型菌株（MAFF306737）を人工接種して抵抗性を評価する。また、メロンのコアコレクションおよび有望系統計100点について、うどんこ病菌のレース0に対する抵抗性およびつる割病菌のレース1.2yに対する抵抗性を人工接種により評価する。

2) 研究方法

キュウリについては、農研機構野菜花き研究部門が保有する遺伝資源から選定されたコアコレクション100点を供試する。うどんこ病抵抗性については茨城県農業総合センター生物工学研究所が保有する菌株を、また炭疽病抵抗性については農研機構が保有する強毒型菌株（MAFF306737）を、それぞれ人工接種して評価する。

メロンについては、農研機構野菜花き研究部門が保有する遺伝資源から選定されたコアコレクション100点のうち50点を供試する。茨城県農業総合センター生物工学研究所が保有するうどんこ病菌レース0およびつる割病菌レース1.2yを人工接種し、それぞれに対す

る抵抗性を評価する。

3) 研究結果

キュウリ遺伝資源725点の多様性解析に基づき100点のコアコレクションを選定した。そのうち20点についてうどんこ病抵抗性を評価し、2点が中度抵抗性であることを明らかにした。また、100点について炭そ病抵抗性を評価し、2点が「晩黄瓜」と同程度の抵抗性であることを明らかにした。

メロン遺伝資源720点の多様性解析に基づき100点のコアコレクションを選定した。そのうち40点についてうどんこ病レース0抵抗性を評価し、2点が抵抗性であることを明らかにした。

4) 成果活用における留意点

見出した抵抗性遺伝資源については、二次検定により抵抗性を確認する必要がある。

5) 今後の課題

メロンのコアコレクションについては、本年度50点の耐病性を評価したので、残り50点の評価を次年度に実施する必要がある。

Ⅲ 研究成果一覧【公表可】

課題番号 1.8E+07

中課題名 海外植物遺伝資源の民間等への提供促進

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		PCT	報道件数	普及しうる成果	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					
1.8E+07	0	31	47	3	9	0	0	0	0	0	3	0	5	14

(1)学術論文

区分:①原著論文、②その他論文

整理番号	区分	タイトル	著者	機関名	掲載誌	掲載論文のDOI	発行年	発行月	巻(号)	掲載ページ
1	①	Collaborative Survey of Eggplant Genetic Resources in Lao PDR, 2017	Hamato N.ら	農研機構遺伝資源センター	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00001133	2019	3	34	81-101
2	①	Collaborative Exploration of Solanaceae Vegetable Genetic Resources in Southern Cambodia, 2017	Matsunaga H.ら	農研機構野菜花き部門	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00001134	2019	3	34	102-117
3	①	Collaborative Exploration of Plant Genetic Resources in Eastern Cambodia, 2017	Matsushima K.ら	信州大学	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00001136	2019	3	34	118-136
4	①	Field Survey and Collection of "chinbao", <i>Hibiscus</i> spp. in Chin State of Myanmar (20th of December 2017-	Nagashima M. ら	東京農業大学	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00001138	2019	3	34	137-146
5	①	Collaborative Survey and Collection of Brassica Vegetable Genetic Resources in the Myanmar	Yoshida S. ら	東京農業大学	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00001137	2019	3	34	147-158
6	①	A Field Study Exploring Plant Genetic Resources in Kachin State and Chin State of Myanmar in 2017	Ohm Mar Sawら	ミャンマー農業研究局	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00001139	2019	3	34	159-192
7	①	Collaborative Exploration of Legume and Amaranth Germplasm in Eastern Nepal from February 14 to 24, 2018	Tomooka N. ら	農研機構遺伝資源センター	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00001140	2019	3	34	193-214
8	①	Collaborative Exploration of <i>Capsicum</i> and Cucurbitaceae Vegetable Genetic Resources in Eastern Nepal, February 2018	Sugiyama M. ら	農研機構野菜花き部門	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00001141	2019	3	34	215-227
9	①	Collaborative Exploration of the Vegetable Genetic Resources in Vietnam, 2017	Fujito S. ら	農研機構野菜花き部門	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00001142	2019	3	34	228-244
10	①	Genetic variation in rice (<i>Oryza sativa</i> L.) germplasm from northern Laos	Chiaki Mutoら	農研機構遺伝資源センター	Breeding Science	doi:10.1270/jsbbs.18086	2019	6	69	272-278
11	①	Collaborative Exploration of Plant Genetic Resources in the Central Highlands of Vietnam, 2018	Kami D.ら	農研機構北海道農研	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00003222	2020	3	35	56-70
12	①	Collaborative Survey of Eggplant Genetic Resources in Lao PDR, 2018	Miyatake K.ら	農研機構野菜花き部門	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00003223	2020	3	35	71-92

13	①	Collaborative Exploration and Collection of Plant Genetic Resources in Laos, February 2019	Okuizumi H.ら	農研機構遺伝資源センター	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00003224	2020	3	35	93-105
14	①	Collaborative Exploration of Solanaceae Vegetable Genetic Resources in Central and Mid-Western Cambodia, 2018	Matsunaga H.ら	農研機構野菜花き部門	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00003225	2020	3	35	106-120
15	①	Collection of Melon and Other Cucurbitaceous Crops in Cambodia in 2017	Tanaka K.ら	弘前大学	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00003226	2019	3	35	121-146
16	①	Collaborative Exploration of Cucurbitaceae Vegetable Genetic Resources in Western and Northwestern Cambodia in 2018	Yashiro K.ら	茨城県農業総合センター	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00003227	2020	3	35	147-161
17	①	Collaborative Exploration of Plant Genetic Resources in Northern Cambodia, 2018	Kondo F.ら	信州大学	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00003228	2020	3	35	162-184
18	①	Collaborative Survey and Collection of Brassica Vegetable Genetic Resources in Myanmar, 2018 and 2019	Yoshida S.ら	東京農業大学	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00003230	2020	3	35	205-217
19	①	Collaborative Exploration for <i>Amaranthus</i> and <i>Capsicum</i> Genetic Resources in Mid and Far Western Nepal, October and November 2016	Nemoto K.ら	信州大学	植物遺伝資源探索導入報告書	doi:10.24514/00003231	2019	3	35	218-230
20	①	Genetic diversity of leafy amaranth (<i>Amaranthus tricolor</i> L.) resources in Vietnam	Nguyen DCら	筑波大学	Breeding Science	doi.org/10.1270/jsbbs.19050	2019	12	69	640-650
21	①	Flowering Response of Myanmar Mustard (<i>Brassica juncea</i> L.) Genetic Resources under Different Temperature and Day-length Conditions	Yoshida S.ら	東京農業大学	Tropical Agriculture and Development	doi.org/10.11248/jsta.64.107	2020	10	64(3)	107-112
22	①	Flowering Response of Myanmar Mustard (<i>Brassica juncea</i> L.) Genetic Resources under Different Temperature and Day-length Conditions	Yoshida S.ら	東京農業大学	Tropical Agriculture and Development	doi.org/10.11248/jsta.64.107	2020	10	64(3)	107-112
23	①	Collaborative Exploration of Genetic Resources of Mainly Solanaceous Crops in Central Vietnam, 2019	Sugita W.ら	南九州大学	植物遺伝資源探索導入報告書	申請中	2021	3	36	32-55
24	①	Collaborative Survey of Eggplant Genetic Resources in Lao PDR, 2019	Miyatake K.ら	農研機構野菜花き部門	植物遺伝資源探索導入報告書	申請中	2021	3	36	56-78
25	①	Collaborative Exploration and Collection of Plant Genetic Resources in Cambodia, April-May 2019	Okuizumi H.ら	農研機構遺伝資源センター	植物遺伝資源探索導入報告書	申請中	2021	3	36	79-90
26	①	Collaborative Exploration of Plant Genetic Resources in Eastern Cambodia, 2019	Kawazu Y.ら	農研機構野菜花き部門	植物遺伝資源探索導入報告書	申請中	2021	3	36	91-110
27	①	Collaborative Exploration of Vegetable Amaranth Germplasm in Cambodia, 2019	Takeshima R.ら	農研機構次世代作物開発研究センター	植物遺伝資源探索導入報告書	申請中	2021	3	36	111-126
28	①	Collaborative Exploration of Plant Genetic Resources in Southern Cambodia, 2019	Sathya S.ら	信州大学	植物遺伝資源探索導入報告書	申請中	2021	3	36	127-146
29	①	Collaborative Exploration of Cucurbitaceae Vegetable Genetic Resources in Myanmar, in 2019	Shimomura K.ら	農研機構野菜花き部門	植物遺伝資源探索導入報告書	申請中	2021	3	36	147-157
30	①	Collaborative Exploration of Capsicum Plant Genetic Resources in Northwest Myanmar, 2019	Kondo F.ら	信州大学	植物遺伝資源探索導入報告書	申請中	2021	3	36	158-171
31	①	Collaborative Exploration of Vegetable Genetic Resources in Kyrgyz in 2019	Yoshioka Y.ら	筑波大学	植物遺伝資源探索導入報告書	申請中	2021	3	36	202-224

(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	ネパール東部におけるトウガラシ属およびウリ科野菜遺伝資源の共同探索, 2018年2月	佐藤広幸、杉山充啓、松島憲一、Mina Nath PAUDEL、Deepa Singh SHRESTHA、 KARKEE S.	愛知県農業総合試験場	園芸学会平成30年度秋季大会	2018	9
2	PGRAsia PROJECT IN MYANMR-EXPLORATION AND COLLECTION, AND EVALUATION OF BRASSICA JUNCEA-	Saki Yoshida	Tokyo University of Agriculture	International Congress and General Meeting (ISSAAS)	2018	10
3	Genetic Variation of the Anthogenesis in Mustard (<i>Brassica juncea</i>) Genetic Resources	Chigusa Tani	Tokyo University of Agriculture	International Congress and General Meeting (ISSAAS)	2018	10
4	コアコレクションの作成に向けたメロン遺伝資源の多様性・集団構造の解析	嶋田玄太郎・Tran Phuong Dung・Mst. Naznin Pervin・西田英隆・門田有希・杉山充啓・田中克典・加藤鎌司	岡山大学大学院環境生命	第10回中国地域育種談話会	2018	12
5	Genetic diversity of Cambodian melon landraces revealed by the analysis of RAPD and SSR markers	T.P. Dung・O. Alessa・M. N. Pervin・G. Shigita・K. Tanaka・S. Yon・S. Sakhan・N. Tomooka・K. Kato	岡山大学大学院環境生命	第10回中国地域育種談話会	2018	12
6	メロンつる割病抵抗性遺伝子 <i>Fom-1</i> , <i>Fom-2</i> の配列多型と機能的選抜マーカーの開発	高橋菜未・西田英隆・加藤鎌司	岡山大学大学院環境生命	第10回中国地域育種談話会	2018	12
7	Genetic diversity analysis of leafy amaranth in Vietnam by chloroplast and nuclear DNA markers	Nguyen Duc Chinh, Tran Danh Suu, Tran Thi Thu Hoai, 大澤良、吉岡洋輔	筑波大学	International Plant & Animal Genome XXVII	2019	1
8	ナスにおけるうどんこ病抵抗性検定系の確立	宮嶋一郎・濱登尚徳・棚橋恵・齊藤猛雄	新潟農総研園研セ, 農研機構野菜花き部門	第71回北陸病害虫研究会	2019	2
9	ラオスにおけるナス遺伝資源の共同探索調査, 2018年	濱登尚徳・宮武宏治・Tounglieng Vilayphone・Mekkhala Simeaungkhoun・Thongkhoun Sisaphaithong・齊藤猛雄	新潟農総研園研セ, 農研機構野菜花き部門, ラオス園研セ	園芸学会平成31年度春季大会	2019	3
10	‘きゅうり中間母本農7号’のパパイヤ輪点ウイルス-スイカ系 (PRSV-W) に対する抵抗性の遺伝	杉山充啓、川頭洋一、下村晃一郎	農研機構 野菜花き研究部門	園芸学会平成31年度春季大会	2019	3
11	中国由来キュウリ遺伝資源‘晚黄瓜’の炭疽病抵抗性評価	松尾宏樹、山本有華、杉山充啓、吉岡洋輔	筑波大学	園芸学会平成31年度春季大会	2019	3
12	農業生物資源ジーンバンクのカボチャ属遺伝資源の遺伝的多様性解析	高村楓、Chen Ruikun、杉山慶太、嘉見大助、下村晃一郎、吉岡洋輔	筑波大学	園芸学会平成31年度春季大会	2019	3
13	アジア植物遺伝資源(ウリ科)の収集・特性評価活動状況について	川頭洋一	農研機構 野菜花き研究部門	園芸学会平成31年度春季大会 第20回ウリ科作物研究小集会	2019	3
14	ミャンマー連邦共和国におけるアブラナ科野菜 “Mohn Nyin” の探索収集とその実態	吉田 沙樹・島村 優季・谷ちぐさ・長嶋麻美・菊野日出彦・和久井健司・Sander MOE・Ohm Mar Saw・Than	東京農大	日本熱帯農業学会第125回講演会	2019	3

15	カラシナ(<i>Brassica juncea</i>)遺伝資源の花成形成の変異に関する研究	谷口と、高村優子、吉田沙樹・Ohm Mar Saw・Min San Thein・和久井健司・入江憲治	東京農大	日本熱帯農業学会第125回講演会	2019	3
16	Genetic diversity in Cambodian melon landraces revealed by the analysis of molecular markers	T.P. Dung・O. Alessa・M. N. Pervin・G. Shigita・K. Tanaka・S. Yon・S. Sakhan・N. Tomooka・H. Nishida・K. Kato	岡山大学・弘前大学・カンボジアCARDI・農研機構ジーンバンク	日本育種学会 第135回講演会	2019	3
17	ゲノムワイドなGBS-SNPsデータに基づくキュウリ遺伝資源の多様性解析とコアコレクション候補の選定	嶋田玄太郎, Tran Phuong Dung, Mst. Naznin Pervin, 西田英隆, 門田有希, 杉山充啓, 田中克典, 加藤鎌司	岡山大学・弘前大学・農研機構野菜花き部門	日本育種学会 第136回講演会	2019	9
18	The genebank for the future	Hisato Okuizumi	農研機構遺伝資源センター	ラオス国立農林業研究所創立20周年記念式典	2019	4
19	ベトナム中部高原における野菜遺伝資源の探索と収集	嘉見大助、満留克俊、Tran Thi Thu Hoai, Nguyen Van Kien	農研機構 北海道農業研究センター、鹿児島県農業開発総合センター、ベトナム遺伝資源センター	園芸学会令和元年度秋季大会	2019	9
20	インドメロン遺伝資源系統のうどんこ病抵抗性評価	葛谷真輝、加藤鎌司、大寺宇織、八城和敏	茨城農総セ生工研、岡山大院環境生命	園芸学会令和元年度秋季大会	2019	9
21	アブラムシ抵抗性 <i>Vat</i> 遺伝子を判別するDNAマーカーの開発と <i>Vat</i> 遺伝子の起源	江口直希・田中克典・加藤鎌司	弘前大学・岡山大学	第14回東北育種研究集会	2019	11
22	PCR-based screening of cucumber germplasm for resistance to Target Leaf Spot (TLS) and Zucchini Yellow Mosaic Virus (ZYMV)	O. Alessa, M. Takahashi, G. Shigita, K. Tanaka, H. Nishida, K. Kato	岡山大学・弘前大学	第11回中国地域育種談話会	2019	12
23	Genetic characterization of Cambodian melon landraces and their relationships with those from neighboring countries	M.N. Pervin・T.P. Dung・K. Tanaka・S. Yon・G. Shigita・S. Sakhan・N. Tomooka・K. Kato	岡山大学・弘前大学	第11回中国地域育種談話会	2019	12
24	GBS-SNPsデータに基づくキュウリ遺伝資源の遺伝的多様性・集団構造解析 ~コアコレクションの開発に向けて~	嶋田玄太郎・Tran Phuong Dung・Mst. Naznin Pervin・田中克典・杉山充啓・門田有	岡山大学・弘前大学・農研機構野菜花き部門	第11回中国地域育種談話会	2019	12
25	メロン遺伝資源の多様性を利用したつる割病抵抗性遺伝子の機能的SNPの解析	高橋茉未・O. Alessa・嶋田玄太郎・大寺宇織・田中克典・西田英隆・加藤鎌司	岡山大学・弘前大学・茨城農総セ生工研	第11回中国地域育種談話会	2019	12
26	ベトナム社会主義共和国中部地域におけるナス科作物を中心とした遺伝資源の共同収集	杉田亘・松永啓・Tran Thi Thu Hoai・Nguyen Van Kien	南九州大学、農研機構野菜花き部門、ベトナム植資セ	園芸学会令和2年度春季大会	2020	3
27	ラオスにおけるナス遺伝資源の共同探索調査, 2019年	横田真・宇佐見仁・Phattana Sengounkeo・Mekkhala Simeangkoun・Thongkoun Sisaphaithong・宮武宏治	高知農技セ・愛知農総試・農研機構野菜花き部門、ラオス園研セ	園芸学会令和2年度春季大会	2020	3
28	ナスコアコレクションにおける半枯病・および青枯病抵抗性の評価	新村芳美・宮武宏治・宇佐見仁・野田沙織・閨間さおり・大藪哲也・番喜宏・恒川靖弘・細美祐子・小笠原一真・日置優実・鍋島令和・濱登尚徳・宮嶋一郎・岩堀英晶・佐野大樹・川村宜久・松永啓・齊藤猛雄	農研機構野菜花き部門・愛知農総試・高知農技セ・新潟農総研園研セ・龍谷大農学部・岡山農総セ	園芸学会令和2年度春季大会	2020	3

29	キルギス共和国における葉根菜類遺伝資源の探索と収集1	柿崎智博・吉岡洋輔・Nazugl Zhumakadyrova・Bermet Imanbaeva・Usupbaev Adilet	農研機構 野菜花き部門	園芸学会令和2年度春季大会	2020	3
30	カンボジア東部における植物遺伝資源の共同探索, 2019	川頭洋一、葛谷真輝、Ouch Sreynech、Sakhan Sophany、Ouk Makara	農研機構 野菜花き研究部門	園芸学会令和2年度春季大会	2020	3
31	キュウリ遺伝資源‘晩黄瓜’の交雑後代における炭疽病抵抗性の分離	松尾宏樹、杉山充啓、吉岡洋輔	筑波大学	園芸学会令和2年度春季大会	2020	3
32	農業生物資源ジーンバンクのカボチャ属遺伝資源の遺伝的多様性解析(第2報)	Chen Ruikun、高村楓、杉山慶太、嘉見大助、下村晃一郎、吉岡洋輔	筑波大学	園芸学会令和2年度春季大会	2020	3
33	キュウリ遺伝資源‘晩黄瓜’の交雑後代における炭疽病抵抗性の分離	松尾宏樹、杉山充啓、吉岡洋輔	筑波大学	園芸学会令和2年度春季大会	2020	3
34	ネパール産トウガラシ遺伝資源未同定系統の種同定に向けた複数遺伝子領域の配列解析	板東克哉・千葉一樹・B.K.Joshi・H.J.Gimire・D.S.Shrestha・根本和洋・松島憲一	信州大学	園芸学会令和2年度春季大会	2020	3
35	ベトナム社会主義共和国中部地域におけるナス科作物を中心とした遺伝資源の共同収集	杉田亘、松永啓、Thi Thu Hoai TRAN, Van Kien NGUYEN	南九州大学	園芸学会令和2年度春季大会	2020	3
36	公設農試とのデータ連携による遺伝資源の横断検索システム(PGR-Gateway)の拡充	竹谷 勝、山崎 福容、米田祥二、佐野 太郎	農研機構・農業情報研究センター、農研機構・遺伝資源センター、奈良県農業研究開発センター	日本育種学会 第137回講演会	2020	3
37	国内在来品種データベースの構築その1. 沖縄・九州・中国・四国地方の在来品種	江頭 宏昌、山崎 福容、竹谷 勝	山形大学農学部、農研機構遺伝資源センター、農研機構・農業情報研究センター	日本育種学会 第137回講演会	2020	3
38	キルギス共和国における葉根菜類遺伝資源の探索と収集 1	柿崎智博、吉岡洋輔、Nazugl Zhumakadyrova、Bermet Imanbaeva、Usupbaev Adilet	農研機構 野菜花き研究部門	園芸学会令和2年度春季大会	2020	3
39	Collaborative exploration of <i>Capsicum</i> plant genetic resources in Northwest Myanmar	Kondo, F., S. Yoshida, Ohm Mar Saw, K. Shimomura, N. Yomooka, K.Matsushima	信州大学	日本熱帯農業学会	2020	3
40	ネパール中西部・極西部より収集したトウガラシ(<i>Capsicum</i> spp.) 遺伝資源の評価	小原正史・鈴木雅之・B.K.Joshi・H.K.Ghimire・D.S.Shrestha・南峰夫・根本和洋・松島憲一	信州大学	日本熱帯農業学会	2020	3
41	ネパール産トウガラシ遺伝資源の種同定に向けたSSRマーカーによる多型解析	徳田真帆・車田翔平・千葉一樹・B.K.Joshi・H.K.Ghimire・D.S.Shrestha・根本和洋・松島憲一	信州大学	日本熱帯農業学会	2020	3
42	Collaborative exploration of plant genetic resources in Southern Camnodia	K.Yamaguchi, K. Nanodo, S.P. Sudasinghe, M. Leakhena, S. Sophany, Matsushima.	信州大学	日本熱帯農業学会	2020	3
43	高速世代促進sBBSIによるγ-オリザノール高含有量米系統の高速育成	田中淳一、荒木悦子	農研機構 次世代作物開発研究センター	日本育種学会第137回講演会	2020	3

44	子葉検定によるキュウリ炭疽病抵抗性のQTL解析	松尾宏樹、杉山充啓、磯部祥子、白澤健太、吉岡洋輔	筑波大学	日本育種学会第138回講演会	2020	10
45	ゲノムワイドなGBS-SNPsに基づくメロン遺伝資源の多様性解析とコアコレクション候補の選定	嶋田 玄太郎ら	岡山大学	日本育種学会第138回講演会	2020	10
46	ベトナムの在来メロンは2つの遺伝的グループに分けられる	Duong Thanh Thuy ら	岡山大学	日本育種学会第138回講演会	2020	10
47	SSRマーカーによる国内在来カブの遺伝的類縁関係その2. 天王寺カブと野沢菜を中心に	江頭宏昌・山田夏歩	山形大学	日本育種学会第138回講演会	2020	10
48	カンボジア東部および南部収集トウガラシ(<i>Capsicum</i> spp.)遺伝資源の評価	小原正史, 畠山佳奈実, 車田翔平, 南峰夫, 根本和洋, 松島憲	信州大学	日本熱帯農業学会	2020	11
49	メロンつる割病抵抗性遺伝子における選抜マーカーの開発と機能的配列変異の解析	高橋茉未ら	岡山大学	第12回中国地域育種談話会	2020	12
50	Uneven distribution of melon landraces resistant to Melon Necrotic Spot Virus (MNSV)	O.N. Imoh ら	岡山大学	第12回中国地域育種談話会	2020	12

(3) 出版図書

区分:①出版著書、②雑誌(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	④	高知県農業技術センターニュース第92号 (カンボジアでのナス科遺伝資源探索)	横田 真	高知農技セ	同左	2018	7
2	④	高知県農業技術センターニュース第93号 (PGRAsiaプロジェクトで収集したトウガラシ遺伝資源の特性)	横田 真	高知農技セ	同左	2018	10
3	③	平成30年度 新潟県農業総合研究所年報	濱登尚徳、宮嶋一郎、棚橋恵、 田崎義孝	新潟農総研園研セ	同左	2019	3
4	③	愛知県農業総合試験場研究報告 第51号 (日本及び海外ナス遺伝資源の特性評価)	宇佐見仁、野田沙織、間間さおり、 大藪哲也、番喜宏、恒川靖弘	愛知農総試	同左	2020	3
5	⑤	新潟県在来作物研究会会報(ラオスにおけるナス遺伝資源の探索について(仮))	濱登尚徳、宮武宏治、齊藤猛雄	新潟県在来作物研究会	同左	2020	3
6	③	平成31年度 新潟県農業総合研究所年報	濱登尚徳、宮嶋一郎、棚橋恵、 田崎義孝	新潟農総研園研セ	同左	2020	3
7	②	PGR-Gatewayによる遺伝資源へのアクセスの効率化	山崎福容、川本祥子、竹谷勝	農研機構遺伝資源センター	北隆館	2020	3
8	②	豊富なミャンマーの野菜資源	入江憲治	東京農業大学	大日本農 会	2020	7
9	①	広報誌「NARO」No.17 (国際共同研究プロジェクト 遺伝資源を訪ねて)	川口健太郎	農研機構遺伝資源センター	同左	2020	9

(4) 国内特許権等

区分:①育成者権、②特許権、③実用新案権、④意匠権、⑤回路配置利用権

整理番号	区分	特許権等の名称	発明者	権利者 (出願人等)	機関名	出願番号	出願年月日	取得年月日
		該当無し						

(5) 国際特許権等

区分:①育成者権、②特許権、③実用新案権、④意匠権、⑤回路配置利用権

整理番号	区分	特許権等の名称	発明者	権利者 (出願人等)	機関名	出願番号	出願年月日	取得年月日	出願国
		該当無し							

(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

整理番号	区分	記事等の名称	機関名	掲載紙・放送社名等	掲載年月日	備考
1	②	Laos-Japan plant genetics research takes root	農研機構遺伝資源センター	Vientiane Times (Laos)	2019/2/15	
2	①	NARO(ナロ)ジーンバンクとナショナルバイオリソースプロジェクトのデータ連携による 遺伝資源の横断検索システム(PGR-Gateway)	農研機構遺伝資源センター	日本経済新聞等	2019/4/11	http://www.naro.affrc.go.jp/publicity_report/press/laboratory/ngrc/130389.html
3	②	京大など、NAROジーンバンクとNBRPのデータ連携による遺伝資源の横断検索システムを開発	農研機構遺伝資源センター・京都大学・国立遺伝学研	日本経済新聞等	2019/4/17	

注1)「機関名」は当該成果に関与した代表・共同機関名を記載する。

注2)「掲載誌、放送社名等」には同様の記事が複数社で報道された場合は全ての社名を記載する。

注3)Web上に掲載している場合は、「備考」にURL等を記載すること。

(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(複数選択可)。

整理番号	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
		該当無し				

(8) 発表会の主催(シンポジウム・セミナー等)の状況

整理番号	発表会の名称	機関名	開催場所	年月日	参加者数	備考
1	第5回 アジア植物遺伝資源(PGRAsia)シンポジウム	農研機構遺伝資源センター	ヒューリックカンファレンスROOM1	2018/12/18	80	https://www.gene.affrc.go.jp/event-ws_20181218.php
2	第6回 アジア植物遺伝資源(PGRAsia)シンポジウム	農研機構遺伝資源センター	ヒューリックカンファレンスROOM1	2019/7/2	76	https://www.gene.affrc.go.jp/event-ws_20190702.php
3	国際植物遺伝資源セミナー	信州大学	信州大学	2019/9/19	30	http://www.shinshu-u.ac.jp/faculty/agriculture/news/2019/09/nguyen-van-kiendinh-back-yen.php
4	国際公開セミナー	信州大学	信州大学	2019/10/23	20	http://www.shinshu-u.ac.jp/faculty/agriculture/news/2019/10/leakhena.php
5	第7回 アジア植物遺伝資源(PGRAsia)シンポジウム	農研機構遺伝資源センター	Web開催	2020/11/17	98	https://www.gene.affrc.go.jp/event-ws_20201117.php

(9) アウトリーチ活動の状況

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	機関名	開催場所	年月日	参加者数	主な参加者	備考
1	①	公開講座「PGRAsiaナスグループ活動紹介」	龍谷大学農学部	龍谷大学瀬田キャンパス	2018/7/23	130	農学部学生	
2	①	修士課程の大学院生への集中講義	農研機構野菜花き部門	一里入子(7/23) 野菜花き部門(7/27)		9	大学院生	
3	①	見学者への紹介	農研機構野菜花き部門	野菜花き部門		112	一般市民・消費者・生産者等	参加者数はH30年4～12月のべ人数(14)
4	②	新潟県農業総合研究所園芸研究センター一般公開「ふれあい参観デー」	新潟農総研園研セ	新潟農総研園研セ	2018/8/23	255	一般市民・消費者・生産者等	一般公開への参加者数
5	②	野菜花き研究部門一般公開	農研機構野菜花き部門	野菜花き部門	2018/11/3	811	一般市民・消費者・生産者等	一般公開への参加者数
6	①	見学者への紹介	農研機構野菜花き部門	野菜花き部門		149	一般市民・消費者・生産者等	参加者数はH30年4～12月のべ人数(16件)
7	②	新潟県農業総合研究所園芸研究センター一般公開「ふれあい参観デー」	新潟農総研園研セ	新潟農総研園研セ	2019/8/22	215	一般市民・消費者・生産者等	一般公開への参加者数
8	①	JICA課題別研修「食料および農業のための植物遺伝資源の保全および利用」における講義	東京農業大学	東京農業大学	2019/9/6	76	JICA研修員	JICA研修員への講義
9	③	カンボジア南部において植物遺伝資源の探索収集・調査を行いました	信州大学	Web広報	2019/10/24	-	Web広報	http://www.shinshu-u.ac.jp/faculty/agriculture/news/2019/10/post-292.php
10	③	ミャンマー北西部の山岳地域で植物遺伝資源の探索収集を行いました	信州大学	Web広報	2019/12/9	-	Web広報	https://www.shinshu-u.ac.jp/institution/ims/topics/fr/post-28.html
11	②	高知県農業技術センター公開デー2020	高知県農業技術センター	高知県農業技術センター	2020/1/18	-	一般県民	PGRAsiaナス増殖特性評価圃場の見学

12	①	高知県植物防疫協会研修会	高知県農業技術センター	サンピアシリーズ (高知県高知市)	2020.10.21	130	高知県下の営農指導員、普及指導員、生産者等	主催：高知県植物防疫協会
13	①	令和2年度奈良県農業研究開発センター研究成果発表会	奈良県農業研究開発センター	オンライン開催	2021/3/4	50	一般県民	主催：奈良県農業研究開発センター
14	①	高知県植物防疫協会研修会	高知県農業技術センター	サンピアシリーズ (高知県高知市)	2020.10.21	130	高知県下の営農指導員、普及指導員、生産者等	主催：高知県植物防疫協会