特集記事 ワークショップ報告

次世代の遺伝学と育種 II

高橋 有^{1,2)}・山内卓樹^{2,3)}・内藤 健^{1,4)}・森田裕将^{5,8)}・安達俊輔^{1,4,9)}・高木宏樹^{6,7)}¹⁾ 農業生物資源研究所, 茨城県つくば市, 〒305-8602²⁾ 日本学術振興会, 特別研究員 PD³⁾ 名古屋大学大学院生命農学研究科, 愛知県名古屋市, 〒464-8601⁴⁾ 科学技術振興機構, さきがけ, 埼玉県川口市, 〒332-0012⁵⁾ 香川大学農学部, 香川県三木町, 〒761-0795⁶⁾ 岩手生物工学研究センター, 岩手県北上市, 〒024-0003⁷⁾ 岩手大学大学院連合農学研究科, 岩手県盛岡市, 〒020-8550⁸⁾ 現: 名城大学農学部附属農場, 愛知県春日井市, 〒486-0804⁹⁾ 現: 農研機構作物研究所, 茨城県つくば市, 〒305-8518

Genetics and breeding for next generation II

Yu Takahashi^{1,2)}, Takaki Yamauchi^{2,3)}, Ken Naito^{1,4)}, Yasumasa Morita^{5,8)}, Shunsuke Adachi^{1,4,9)} and Hiroki Takagi^{6,7)}¹⁾ National Institute of Agrobiological Sciences, Tsukuba, Ibaraki 305-8602²⁾ Research Fellow of the Japan Society for the Promotion of Science³⁾ Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University, Nagoya, Aichi 464-8601⁴⁾ Japan Science and Technology Agency, PRESTO, Kawaguchi, Saitama 332-0012⁵⁾ Faculty of Agriculture, Kagawa University, Miki, Kagawa 761-0795⁶⁾ Iwate Biotechnology Research Center, Kitakami, Iwate 024-0003⁷⁾ United Graduate School of Iwate University, Morioka, Iwate 020-8550⁸⁾ Present address: Experimental Farm, Faculty of Agriculture, Meijo University, Kasugai, Aichi 486-0804⁹⁾ Present address: NARO Institute of Crop Science, Tsukuba, Ibaraki 305-8518

キーワード

花色制御, 個葉光合成速度, 次世代シーケンサー

はじめに

本稿は日本育種学会第124回講演会で開催されたワークショップのセッション「次世代の遺伝学と育種2」の講演内容を簡潔にまとめたものである。同セッションは、著者ら（高橋、山内、内藤）が代表を務める日本育種学会若手の会により企画された。同若手の会は、日本育種学会の一般会員および学生会員で構成されており、これまでも日本育種学会講演会においてワークショップあるいはグループ研究集会を企画している。その目的は、1) 若手研究者同士が交流し、親しくなることで、現在あるいは将来の研究協力や人材交換が容易に行えるような関係を準備すること、2) 現在進行中の先駆的な研究について情報を提供し合い、気軽に（時に熱く）議論する場を提供することである（高橋ら2013）。ワークショップ

とは本来、一方的な知の伝達でなく、聴衆が自ら参加あるいは体験する双方向的な学びと創造のスタイルである。これを踏まえて、同セッション企画にあたっては上述の目的2)を重んじた。それを達成するには、話題提供者の研究が魅力的で且つ発表の構成が的確であり、聴衆の興味を十分に引き出す必要がある。そこで、同セッションでは、日本育種学会員に限らず各分野で活躍している若手研究者3名を話題提供者として招聘した。香川大学の森田裕将氏には、アサガオやペチュニアなど花き園芸植物の花色制御機構について、農業生物資源研究所の安達俊輔氏には、イネ光合成速度の遺伝的改良を目指した研究について、岩手生物工学研究センターの高木宏樹氏には、次世代シーケンサーを用いた突然変異体の原因遺伝子の新規同定法について講演頂いた。以下は話題提供者が講演内容をまとめたものであり、本稿の読者が研究に取り組む上で参考になることを期待したい。

2013年12月16日受領

Correspondence: takahashi0126@affrc.go.jp;

atkyama@agr.nagoya-u.ac.jp; knaito@affrc.go.jp

演題1 花き園芸植物研究から明らかになった花色制御機構

森田裕将 (香川大学農学部)

花き園芸植物の多彩な花の色調や多様な模様は、育種や品種改良によって生み出されて来た。本項では、1) 突然変異育種によって改良が進んだアサガオと、2) 種間雑種育種により多くの品種が作出されたペチュニアの花色研究から得られた最近の知見を報告する。

1. アサガオ花色と突然変異育種

アサガオ (*Ipomoea nil*) は、日本の夏の風物詩として親しみの深い花き園芸植物である。八世紀頃中国よりもたらされたアサガオは、青色の花を咲かせたと考えられている。これまで続く栽培の歴史の中で、種々の花色や花形、草姿形成に関わる突然変異が単離され、育種・品種改良に用いられてきた。近年の分子遺伝学的な解析から、これらの突然変異とゲノム内を移動するトランスポゾンとの関係が明らかになっている。基礎生物学研究所の研究グループでは、市販されるアサガオ品種系統からトランスポゾンの転移が観察される個体 (図1a) を分離した後、薄い色調の花弁に濃色のキメラ斑を持つ易変性の突然変異体 *efp-1* (図1b) を得た。これは、現在のアサガオ栽培品種においてもトランスポゾンによって新たな突然変異が得られることを示す。これまでの解析から、*EFP* 遺伝子は、花色素アントシアンinを含むフラボノイド化合物の生合成量を制御する新規タンパク質をコードすることを示す結果を得ている。トウモロコシやペチュ

ニア、キンギョソウ、アラビドプシスなどのフラボノイド研究の長い歴史、近年の解析技術の進歩や配列情報が蓄積される状況の中、クラシカルな遺伝学的手法を基に、日本の古典園芸植物であるアサガオより新規な成果が得られたことは感慨深い。

多彩な花色に加えて、多様な花の模様は、花き園芸植物の大きな魅力である。花弁に生じる模様は、遺伝子発現の指標となると共に、模様発現に寄与している変異に興味が持たれる。刷毛目紋 (*duskish-mutable*) 変異体は、刷毛で引いた様な模様を花弁に生じる (図1c)。刷毛目模様は、トランスポゾンの脱離により生じるセクター状のキメラ斑 (図1a, b, d) とは大きく異なっており、模様形成機構の違いが予想された。連鎖地図情報を基に原因遺伝子と変異の同定を試みたところ、アントシアニン合成に関わる配糖化酵素遺伝子のプロモーター上流にトランスポゾンの挿入を見出した。興味深い事に、刷毛目紋花弁の有色組織および、刷毛目紋個体から分離される復帰系統の有色花弁では、原因遺伝子が発現しているにも関わらずトランスポゾンの脱離は観察されなかった。一方で、刷毛目紋個体から分離した刷毛目模様を持たない変異体系統では、トランスポゾンの脱離を伴ったキメラ斑が花弁に生じ (図1d)、この系統からは、トランスポゾンの脱離による生殖細胞復帰個体が得られることを見出した。原因遺伝子のプロモーター上流に存在するトランスポゾンが不活性化する場合には刷毛目模様が生じ、活性化する場合には刷毛目模様の形成が抑制される代わりに、キメラ斑が生じるようである。トランスポゾンな

図1. アサガオとペチュニアの花弁に生じる多様な形質

ど、ゲノム内に存在する反復配列は、エピジェネティックな修飾の対象になりやすい。アサガオの刷毛目模様は、トランスポゾンの転移頻度に関わるエピジェネティックな修飾状態の変化が、近傍遺伝子の発現に影響を及ぼすことを示す好例であると考えている。バラ、カーネーション、トルコギキョウなどの主要な花き品目にも易変性が散見されることから、活発に転移する（過去に転移活性を有した）トランスポゾンが園芸植物の花色や模様の多様化の一因になっているかもしれない。

我々の研究グループでは、RNA 干渉により生じた斑入り模様の解析も併せて進めている。RNA 干渉が関与する花の模様研究は、導入遺伝子と内在遺伝子の発現が共に抑制されるコサプレッションによりペチュニアの形質転換植物花卉に生じた白色の斑入り模様に遡ることができる (Napoli *et al.* 1990)。類似の模様は、花き園芸植物に散見され、最近では、RNA 干渉によるダリア品種の模様形成や花色変異の例が報告されている (Ohno *et al.* 2011, Deguchi *et al.* 2013)。しかしながら、RNA 干渉に必要なゲノム構造など詳細な研究結果は、後述するペチュニアの解析例に限られている。また、最も興味を持たれる花卉の特定の領域でのみ RNA 干渉が引き起こされる機構は、現在も不明な点が多い。アサガオの吹雪 (*Blizzard*) と車紋 (*Rayed*) は、有色の花卉に白色の斑を生じる (図 1e, f)。これらの模様は大きく異なるが、その原因は花色遺伝子の遺伝子重複に起因した同一の反復構造により引き起こされる RNA 干渉であることが見出された。これまでに、吹雪と車紋の花卉で蓄積している低分子 RNA の網羅的な解析から、2 つの変異体では反復領域に起因する低分子 RNA のサイズや種類の違いを示す結果を得ている。反復領域に起因する低分子 RNA の産生機構の解析を通して、吹雪と車紋の模様を生じさせる部位特異的な RNA 干渉の制御機構を明らかにしていきたい。

2. ペチュニア花色と種間雑種育種

ペチュニア (*Petunia hybrida*) 園芸品種は、野生種の種間交雑により多くの形質が付与されてきた。今回報告を行った Picotee と Star タイプの模様 (図 1g, h) は、1800 年代に行われた種間雑種育種によって生じたことが Bailey の著書 *The Survival of the Unlike* (1896) に記述される。先行していた Star タイプの研究から、白色花卉組織で特異的に作られる花色遺伝子 *CHS-A* の配列を持った低分子 RNA により誘導される *CHS-A* 遺伝子の RNA 干渉が、模様形成の原因であると示されていた (Koseki *et al.* 2005)。花き研究所を中心とする研究グループの更なる解析により、模様の異なる Picotee と Star タイプの模様形成には、1) 2 つの *CHS-A* 遺伝子 *PhCHS-A1* と *PhCHS-A2* が順方向にならぶ同一のタンデム構造が必要であること、2) 2 つの *CHS-A* 遺伝子の第 2 エクソンに由来する *CHS-A* 低分子 RNA が白色の組織特異的に産生されること、3) *PhCHS-A1* と *PhCHS-A2* から転写される mRNA の

分解が白色の組織特異的に起きていることが明らかになった (Morita *et al.* 2012)。また、野生種 *CHS-A* 遺伝子配列の解析から、品種形成に寄与した 3 種の野生種 *P. axillaris*, *P. integrifolia*, *P. inflata* の内、Picotee/Star 品種の *CHS-A* のゲノム構造の形成には、*P. inflata* の関与を示唆する結果を得ている。Picotee と Star 花卉の白色組織特異的に、*PhCHS-A1* と *PhCHS-A2* より *CHS-A* 低分子 RNA が産生される機構に興味を持たれる。

アサガオとペチュニアの花色研究から、トランスポゾンが関与する花の模様や、遺伝子の重複構造を介して花卉の特定の部分で RNA 干渉を誘導する機構の存在が明らかになってきた。花き園芸植物の多様な花色や模様の解析が進展し、今後明らかになる分子機構のことを想像すると胸の高鳴りを覚える。

演題 2 自然変異の利用によるイネ個葉光合成速度の遺伝的改良

安達俊輔^{1,2} (1. 農業生物資源研究所, 2. 日本学術振興会特別研究員 PD)

増加の一途をたどるアジアの人口を支えていくために、主食であるコメの生産量の一層の増加が求められている。今後栽培面積の拡大は望めないことから、生産量を増加させるためには単位土地面積当たり子実収量の向上が不可欠であると言われている (Mann 1999)。イネ子実収量向上のためには、同化産物の貯蔵能力 (シンク能) とその供給能力 (ソース能) の両者を同時に高めていくことが必要である。シンク能改良に関わる遺伝子はこれまで多数報告がある一方で、ソース能改良に関わる遺伝子の報告はほとんどなく、その解明が待たれている (Yamamoto *et al.* 2009)。本項ではイネソース能改良の鍵である個葉光合成速度の遺伝的改良を目指した筆者らの試みを紹介する (図 2)。

1. 個葉光合成速度に関わる遺伝子のマップベースクローニング

個葉光合成速度 (以下、光合成速度) は多くの場合、大気 CO₂ 濃度条件下において葉面積当たり CO₂ 吸収速度で表される。光合成速度は植物体のエイジや外環境によって大きな影響を受けるが、測定時期や時刻を考慮し、測定環境を一定にすることによって精度の良い測定が可能となる。筆者らは登熟に最も大きく影響する止葉に着目し、光合成速度が最大に達する出穂直後の時期に、そして 1 日のうちで最も光合成速度が高い午前の時間帯に、同化箱内環境条件を高精度に制御できる LI-COR 社の LI-6400 装置を用いて光合成速度を評価し、その原因遺伝子の特定を目指した。インド型多収性品種ハバタキは、出穂直後の時期には他の多くのアジアの品種の中で最も高い光合成速度を示すことから、光合成能力改良のための有用な育種素材と考えられる (浅沼ら 2008)。そこでハバタキと光合成速度が低いコシヒカリに由来する組換

図2. イネ個葉光合成速度の飛躍的改良に向けた研究戦略と応用

え固定系統を育成し、その形質評価を通じてハバタキ対立遺伝子が光合成速度を高める染色体領域を第4, 5, 8, 11染色体上に見出した (Adachi *et al.* 2011). このうち第8染色体についてさらに絞り込みを行い、原因遺伝子 *CARBON ASSIMILATION RATE 8 (CAR8)* を特定した. この遺伝子は気孔開度の上昇効果を持ち、大気から葉内への CO_2 拡散を促進することによって光合成速度を高めるものと推察された. また第4染色体領域については、ハバタキの姉妹品種で同様に高い光合成速度を示すタカナリとコシヒカリの組換え固定系統を用いて、原因遺伝子 *GREEN FOR PHOTOSYNTHESIS (GPS)* を特定した (Takai *et al.* 2013). この遺伝子は葉の形態に関わるとされる既知遺伝子 *NARROW LEAF 1* の変異型で、葉面積当たり葉肉細胞数を増加させ、光合成酵素量の増加を通じて光合成速度を高めるものと推察された. さらに *CAR8* および *GPS* を含むハバタキ領域を集積させたコシヒカリ系統は、両遺伝子の優れた性質を併せ持つことにより一層高い光合成速度を示した. 以上の研究成果は、これまで意図的には行われてこなかった光合成速度の遺伝的改良が今後のイネ育種戦略となりうることを示している. 筆者らは上述のように *GPS*, *CAR8* 以外の領域にも光合成速度に関わる染色体領域を見出しており、それら遺伝子の特定および集積によって光合成速度を一層高められる可能性がある.

2. 個葉光合成速度の飛躍的な改良の可能性

高い光合成速度を示すハバタキ・タカナリのゲノムを活用することによってコシヒカリの光合成速度を高めるだけでなく、コシヒカリゲノムを活用することによ

てこれらインド型品種の光合成速度を大幅に高められる可能性がある. 筆者らはタカナリとコシヒカリの戻し交雑自殖系統群 (BC_1F_6) の中に、タカナリの光合成速度を大幅に上回り、 C_4 植物のトウモロコシにも匹敵する高い光合成速度を示すイネ系統 (HP 系統) を見出した (Adachi *et al.* 2013). HP 系統はタカナリと比較して光合成酵素量と気孔伝導度にはほとんど違いがないが、細胞間隙から葉緑体に至る CO_2 拡散効率の指標である葉肉伝導度がタカナリに比べ有意に高くなっていた. また HP 系統はタカナリに由来する葉が厚い性質に加え、コシヒカリに由来するサイズが小さく発達した突起を持つ細胞形態を併せ持つことによって葉肉伝導度が上昇し、著しく高い光合成速度を発揮したと推察された. 以上のように、光合成速度が高くない品種でも光合成改良に有利な性質を有しており、このことは他種植物からの遺伝子導入や野生稲などの遺伝資源に頼らなくても既存のイネ品種が持つ遺伝子の活用によって光合成速度の飛躍的な向上が可能であることを示している. 筆者らは現在コシヒカリが持つ有用遺伝子についてもそのクローニングに向け検討を進めている. ハバタキ・タカナリ、そしてコシヒカリの持つ有用遺伝子の探索とその適切な利用を通じて、様々なイネ品種の光合成速度ひいてはイネ収量の飛躍的向上に貢献したいと考えている (図2).

演題3 MutMap, MutMap+ & MutMap-Gap: 次世代シーケンサーを用いた遺伝子単離技術

高木宏樹^{1,2}, 八重樫弘樹¹, 植村亜衣子¹, 宇津志博恵¹, 夏目 俊^{1,2}, 阿部 陽¹, 寺内良平^{1,2} (1. 岩手生物工学研究センター, 2. 岩手大院連合農学)

近年、次世代シーケンサー技術の進展により、全ゲノム配列解読が完了した様々な生物種において、ゲノム中の変異箇所を網羅的に解析する技術の開発が進んでいる。そのような技術の1つとして、著者らは、MutMap法を開発し、次世代シーケンサーを用いて迅速に突然変異体の原因遺伝子を同定することに成功した (Abe *et al.* 2012)。MutMap法では、まず、突然変異体とその変異体の原品種を交配してF2世代を育成する。次に、F2世代の中から変異体型を示す個体を選抜し、バルクDNAを作製する。最後にバルクDNAを全ゲノムシーケンスして全ゲノム領域にわたってSNP-index値 (Abe *et al.* 2012)を計算し、SNP-indexが1を示す領域から原因突然変異を同定する方法である (図3a)。これまで、著者らはMutMap法を用いて多くの遺伝子単離に成功してきたが、研究を進める中でMutMap法を直接適用できない場面に直面した。本項では、MutMap法を適用できない状況を克服する新規手法としてMutMap-Gap法 (図3b) およびMutMap+法 (図3c) について紹介する。

1. MutMap-Gap法

MutMap法は、リシーケンスを基盤とした技術である。それ故、全ゲノム配列解読に用いられた品種 (基準ゲノム: イネでは「日本晴」とは異なる品種 (例; イネでは「コシヒカリ」や「ひとめぼれ」) を用いた場合、その品種特異的なゲノム領域ではシーケンス結果のアライメントが正確にできないため、このような領域に生じた変異

の検出ができなかった。そこで、リシーケンスと *de novo* アッセムブリを併用した新規手法としてMutMap-Gap法を確立した (Takagi *et al.* 2013a)。

MutMap-Gap法の原理は、次の通りである。①変異体の原品種のゲノムをシーケンスし、基準ゲノム配列に対してアライメントし (リシーケンス)、原品種の基準配列を作成する。この時、基準ゲノム配列にアライメントされなかったショートリード群をアンマップリードとして別に保存する。②目的とする変異体を選抜後、原品種の基準配列を用いたMutMap法により、原因遺伝子が座上する大まかなゲノム領域を特定する。③MutMap法で特定された候補領域内にアライメントされたショートリードおよび上記①のアンマップリードを用いて *de novo* アッセムブリを行い、コンティグを構築する。このステップは、候補領域内のゲノム配列を *de novo* アッセムブリにより再構築することを意味する。④最後に、構築されたコンティグに対して、再度MutMap解析を行い、変異形質の原因変異を同定する。

MutMap-Gap法を適用することにより、全ゲノム配列解読が完了した生物種であれば、解読に用いた品種とは異なる品種においてもリシーケンス技術による変異解析が容易になった。

2. MutMap+法

MutMap法では、まず、突然変異体とその変異体の原品種を交配してF2世代を育成する必要がある。それ故、

図3. MutMapシリーズ: (a) MutMap法, (b) MutMap-Gap法, (c) MutMap+法

MutMap 法は、交配が難しい変異体や植物種への適用が困難であった。例えば、幼苗期致死変異体や不稔を示す変異体では交配ができないため、MutMap 法を用いた遺伝子単離に問題があった。そこで、交配過程を経ず、突然変異体の自殖後代の分離集団を用いた新規手法として MutMap+法を確立した (Fekih *et al.* 2013)。

MutMap+法の原理は次の通りである。①原因突然変異をヘテロで保有する個体の自殖後代において、変異体型と野生型が分離する場合、変異体型と野生型をそれぞれ 20 個体以上選抜する。②選抜した個体からそれぞれバルク DNA を作製し、MutMap 解析に供試する。③変異体型バルク DNA および野生型バルク DNA の MutMap 解析後に共通の SNP についてそれぞれの SNP-index 値を計算する。④変異体型バルク DNA および野生型バルク DNA の SNP-index を比較し、前者の SNP-index が後者の SNP-index より有意に高い SNP を検出することで原因遺伝子を同定する。

MutMap+法では、上記①のように交配過程が不要である。そのため、交配が困難な植物種にも適用できる。また、野生型バルク DNA の解析結果を内部標準として利用しているので、解析の精度も MutMap 法と比較して向上した。

これまで、著者らは、上記のように人為的な突然変異体における遺伝子単離法 (MutMap 法, MutMap-Gap 法, MutMap+法) を中心に開発してきた。現在、岩手県では、イネの育種現場において MutMap シリーズを用いて突然変異体の原因遺伝子を同定して、その遺伝子を品種育成に利用している。一方、自然変異の利用も重要である。1 世代に人為的に誘発する突然変異と比較して、長い年月をかけてその生物が蓄積してきた自然変異は、自然および人為選択を受けて選抜された変異も含まれるため、有用な allele を多く含む。著者らは、MutMap シリーズを開発してきた経験を生かし、QTL-seq 法 (Takagi *et al.* 2013b) をはじめ、次世代シーケンサーを用いて自然変異を迅速に同定する手法の確立にも取り組んでいる。

おわりに

当日は大変多くの方々にご参加頂いた。若手研究者や学生に加えて著名なベテラン研究者にもご参加頂いたことは企画者らにとって大変嬉しいことであった。そのような中で、フリーディスカッション形式を採用した質疑応答の時間には、科学的論証の正当性や今後の展望について非常に活発な議論が交わされた。それは、話題提供者の研究が魅力的で且つ発表の構成が的確であり、聴衆の興味を十分に引き出した結果であったと言える。終了後には、「同世代の活躍に触発されました」「とても勉強になりました」など賞賛の声を頂き、ワークショップを継続する意義を感じ取ることができた。

日本育種学会若手の会ではメーリングリストを作成し

ており、論文・求人などの情報交換および研究会の話題提供者募集・開催予告などに利用している。本稿の読者も是非、定例の研究会およびメーリングリストに参加して我々と議論を交わして頂きたい。メーリングリストは野菜茶業研究所の宮武宏治が管理しており、参加希望の方は以下のアドレスまでご連絡を頂きたい (miya0424@affrc.go.jp)。

謝 辞

会場を提供してくださった大会運営委員会の先生方および会場スタッフの方々には大変お世話になった。また、開催準備を手伝って頂いた日本育種学会若手の会の皆様およびワークショップに参加して頂いた方々にも深く感謝の意を申し上げる。

引用文献

- Abe, A., S. Kosugi, K. Yoshida, S. Natsume, H. Takagi, H. Kanzaki, H. Matsumura, K. Yoshida, C. Mitsuoka, M. Tamiru *et al.* (2012) Genome sequencing reveals agronomically important loci in rice using MutMap. *Nat. Biotechnol.* 30: 174–178.
- Adachi, S., T. Nakae, M. Uchida, K. Soda, T. Takai, T. Oi, T. Yamamoto, T. Ookawa, H. Miyake, M. Yano *et al.* (2013) The mesophyll anatomy enhancing CO₂ diffusion is a key trait for improving rice photosynthesis. *J. Exp. Bot.* 64: 1061–1072.
- Adachi, S., Y. Tsuru, N. Nito, K. Murata, T. Yamamoto, T. Ebitani, T. Ookawa and T. Hirasawa (2011) Identification and characterization of genomic regions on chromosomes 4 and 8 that control the rate of photosynthesis in rice leaves. *J. Exp. Bot.* 62: 1927–1938.
- 浅沼俊輔・二戸奈央子・大川泰一郎・平沢 正 (2008) 水稻品種ササニシキとハバタキの収量、乾物生産とこれに関わる生理生態的性質の比較。日作紀 77: 474–480.
- Bailey, L.H. (1896) Evolution of the *Petunia*. In “The Survival of the Unlike”, MacMillan, 465–472.
- Deguchi, A., S. Ohno, M. Hosokawa, F. Tatsuzawa and M. Doi (2013) Endogenous post-transcriptional gene silencing of flavone synthase resulting in high accumulation of anthocyanins in black dahlia cultivars. *Planta* 237: 1325–1335.
- Fekih, R., H. Takagi, M. Tamiru, A. Abe, S. Natsume, H. Yaegashi, S. Sharma, S. Sharma, H. Kanzaki, H. Matsumura *et al.* (2013) MutMap+: genetic mapping and mutant identification without crossing in rice. *PLoS One* 8: e68529.
- Koseki, M., K. Goto, C. Masuta and A. Kanazawa (2005) The star-type color pattern in *Petunia hybrida* ‘Red Star’ flowers is induced by sequence-specific degradation of *chalcone synthase* RNA. *Plant Cell Physiol.* 46: 1879–1883.
- Mann, C.C. (1999) Crop scientists seek a new revolution. *Science* 283: 310–314.
- Morita, Y., R. Saito, Y. Ban, N. Tanikawa, K. Kuchitsu, T. Ando, M. Yoshikawa, Y. Habu, Y. Ozeki and M. Nakayama (2012) Tandemly arranged *chalcone synthase A* genes contribute to the spatially regulated expression of siRNA and the natural bicolor floral phenotype in *Petunia hybrida*. *Plant J.* 70: 739–749.

- Napoli, C., C. Lemieux and R. Jorgensen (1990) Introduction of a chimeric chalcone synthase gene into petunia results in reversible co-suppression of homologous genes *in trans*. *Plant Cell* 2: 279–289.
- Ohno, S., M. Hosokawa, M. Kojima, Y. Kitamura, A. Hoshino, F. Tatsuzawa, M. Doi and S. Yazawa (2011) Simultaneous post-transcriptional gene silencing of two different chalcone synthase genes resulting in pure white flowers in the octoploid dahlia. *Planta* 234: 945–958.
- Takagi, H., A. Uemura, H. Yaegashi, M. Tamiru, A. Abe, C. Mitsuoka, H. Utsushi, S. Natsume, H. Kanzaki, H. Matsumura *et al.* (2013a) MutMap-Gap: whole-genome resequencing of mutant F2 progeny bulk combined with *de novo* assembly of gap regions identifies the rice blast resistance gene *Pii*. *New Phytol.* 200: 276–283.
- Takagi, H., A. Abe, K. Yoshida, S. Kosugi, S. Natsume, C. Mitsuoka, A. Uemura, H. Utsushi, M. Tamiru, S. Takuno *et al.* (2013b) QTL-seq: rapid mapping of quantitative trait loci in rice by whole genome resequencing of DNA from two bulked populations. *Plant J.* 74: 174–183.
- 高橋 有・山内卓樹・角井宏行・寺内良平・大柳 一・小宮怜奈・宮武宏治・内藤 健 (2013) 次世代の遺伝学と育種. *育種学研究* 15: 115–121.
- Takai, T., S. Adachi, F. Taguchi-Shiobara, Y. Sanoh-Arai, N. Iwasawa, S. Yoshinaga, S. Hirose, Y. Taniguchi, U. Yamanouchi, J. Wu *et al.* (2013) A natural variant of *NAL1*, selected in high-yield rice breeding programs, pleiotropically increases photosynthesis rate. *Sci. Rep.* 3: 2149.
- Yamamoto, T., J. Yonemaru and M. Yano (2009) Towards the understanding of complex traits in rice: substantially or superficially? *DNA Res.* 16: 141–154.

当日 演題

次世代の遺伝学と育種 2 (育種学と農学のこれからを考える 26, 若手の会主催ワークショップ)

企画者: 高橋 有^{1,2}, 山内卓樹^{2,3}, 内藤 健¹ (1. 農業生物資源研究所, 2. 日本学術振興会特別研究員 PD, 3. 名大院生命農学)

1. 花き園芸植物研究から明らかになった花色制御機構
森田裕将 (香川大学農学部)
2. 自然変異の利用によるイネ個葉光合成能力の遺伝的改良
安達俊輔^{1,2} (1. 農業生物資源研究所, 2. 日本学術振興会特別研究員 PD)
3. MutMap, MutMap+ & MutMap-Gap: 次世代シーケンサーを用いた遺伝子単離技術
高木宏樹^{1,2}, 八重樫弘樹¹, 植村亜衣子¹, 宇津志博恵¹, 夏目 俊^{1,2}, 阿部 陽¹, 寺内良平^{1,2} (1. 岩手生物工学研究センター, 2. 岩手大院連合農学)