
[成果情報名] 米の食味解析のための日交雑系統による連鎖地図の作成

[要約] 食味の遺伝領域を解析するための、森田早生/コシヒカリの交配後代から連鎖地図の作製を行い、単粒系統法により組換え自殖系統の開発を行った。

[キーワード] 食味、水稲、DNAマーカー、連鎖地図

[担当部署] 農産部・水稲育種チーム

[連絡先] 092-924-2937

[対象作物] 水稲

[専門項目] 育種

[成果分類] 研究手法

[背景・ねらい]

食味の遺伝解析を行うにあたっては、その解析が的確に行われるための、解析材料の作成が重要な課題となる。これまで、国（独法）で育成された解析材料は、日本稲とインド型イネの交雑後代から養成されたものが多い。しかし、食味の解析においては、日本稲同士の食味の差が主眼であることから、日本稲同士の交配（日交雑）による解析材料の育成が急務であった。

そこで今回、DNAマーカーによる良食味品種選抜のための、日交雑による専用の解析集団を開発した。

[成果の内容・特徴]

- 1．森田早生（食味劣）/コシヒカリ（食味優）の交配後代から連鎖地図の構築を行い、単粒系統法により食味関連形質の遺伝解析を行うための92系統の組換え自殖系統（RI系統）集団を開発した（図1）。
- 2．食味関連形質の遺伝領域解析のために、開発した集団内の各系統において、119種類のDNAマーカーの位置情報を付加している（図2）。

[成果の活用面・留意点]

- 1．図1に示すように、開発された集団の食味および食味関連理化学的特性を調査することにより、食味に關与する遺伝的領域を明らかにすることができ、良食味米育種の効率化につながる。
- 2．用いたDNAマーカーはSSRマーカーであり、その配列情報はインターネット上のGrameneホームページ(<http://www.gramene.org/index.html>)より入手可能である。

[具体的データ]

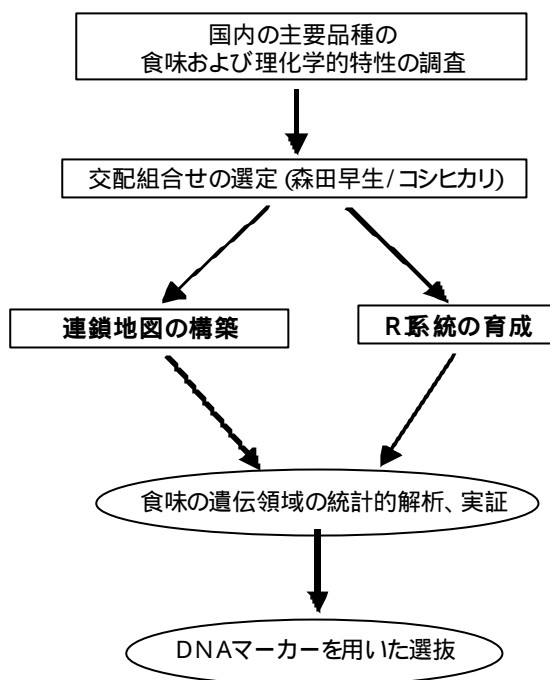


図 1 食味の遺伝領域解析のための研究フロー図

注)四角部分が終了。楕円部分が進行中。
今回の成果に関する部分をゴシック太字で示してある。

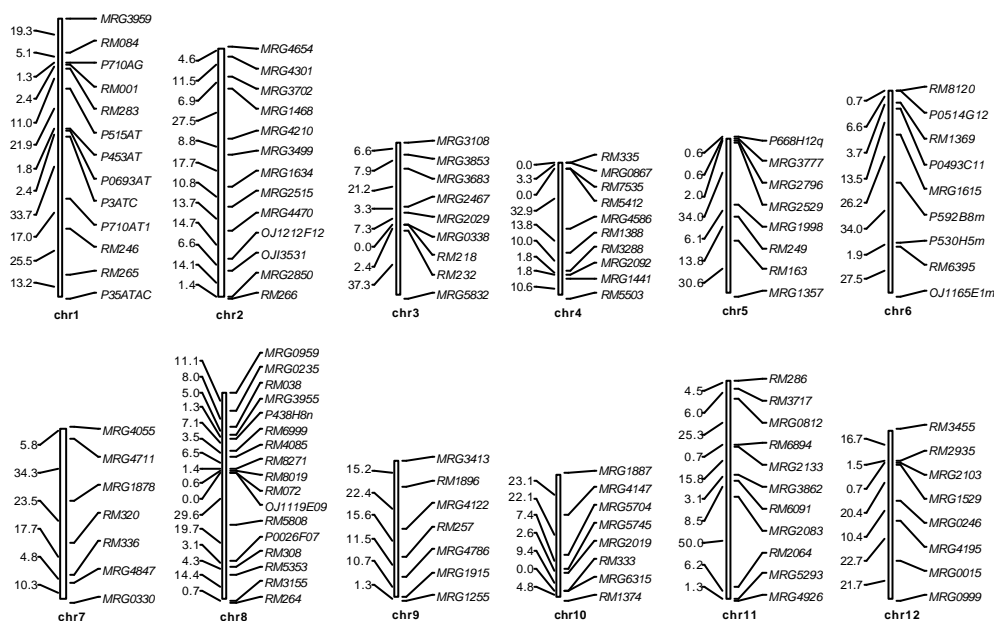


図 2 森田早生とコシヒカリを交配親とした食味の遺伝解析のための連鎖地図

注)1.F₅世代。全量1,060cM,平均マーカー間距離8.8cM。
2.染色体の右がマーカー名。左はマーカー間距離(cM)。

[その他]

研究課題名：DNAマーカー利用による水稲、二条大麦の効率的育種技術の開発
 予算区分：県単特研
 研究期間：平成16年度(平成13~16年)
 研究担当者：和田卓也、坪根正雄、浜地勇次、尾形武文、松江勇次