

ダイズ重要形質の遺伝解析のための野生ダイズの染色体断片置換系統群

Development of wild soybean chromosome segment substitution lines for genetic studies of important traits

野生ダイズ (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.) は栽培ダイズの祖先種であり、栽培ダイズの種子品質、収量、ストレス耐性などの重要な農業形質を改良するために有用な遺伝資源である。本研究では、野生ダイズの有用遺伝子の同定を加速化するために、栽培ダイズ品種の遺伝的背景を持ち、染色体の一部のみが野生ダイズに置換された染色体断片置換系統群 (CSSLs) を開発する。これらの系統を用いて種子重や開花期QTL (量的形質遺伝子座) のゲノム上の座乗領域を明らかにする。開発した野生ダイズCSSLsは、野生ダイズと栽培ダイズの間で差異がある他の重要な農業形質の遺伝解析への利用が期待される。

Wild soybean (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.) is believed to be the progenitor of cultivated soybean, presenting a potential genetic resource pool for improvement of the latter. In this study, we created wild soybean chromosome segment substitution lines (CSSLs), and employed the CSSLs for genetic analysis of some important agronomic traits, such as seed weight and flowering time, in soybean. Several major QTLs (quantitative trait loci) of these traits were identified. Our results demonstrated that the developed CSSL population has potential for mining useful genes in wild soybean.

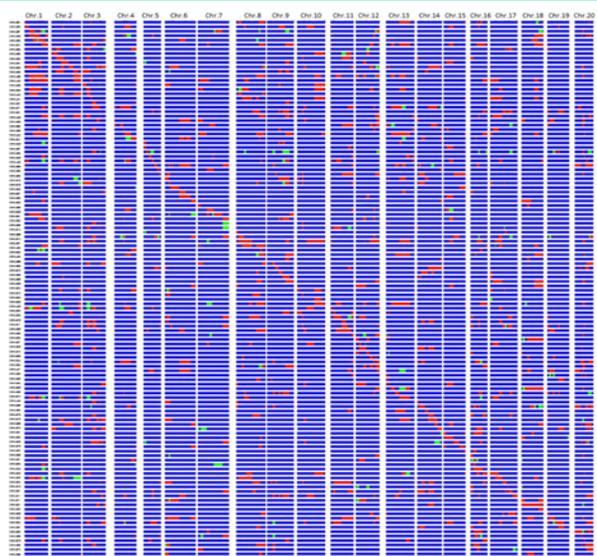


図1 栽培ダイズ品種「Jackson」と野生ダイズ系統「JWS156-1」交雑に由来する120のBC₃F₅CSSLsの遺伝子型。
赤:「JWS156-1」ホモ接合体。青:「Jackson」ホモ接合体。緑:ヘテロ接合体。

Fig. 1. Graphical genotypes of the wild soybean 'JWS156-1' CSSLs in the cultivated soybean variety 'Jackson' background.
Red: 'JWS156-1' homozygous, blue: 'Jackson' homozygous, green: heterozygous.

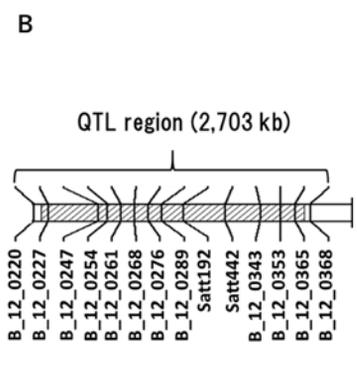
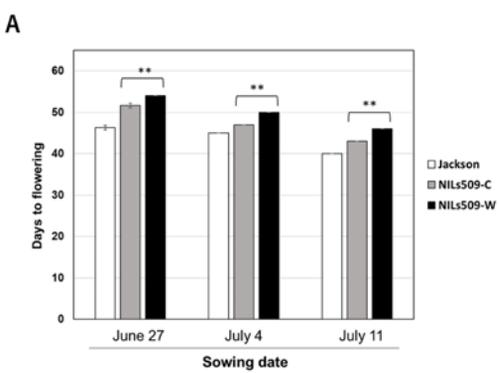


図2 野生ダイズCSSLsを用いて検出された開花期QTL *qFT12.1*
A: 開花期QTL準同質遺伝子系統を異なる日長環境下において栽培することにより示した *qFT12.1* の効果。
B: *qFT12.1* の染色体上の座乗領域。

Fig. 2. Flowering time QTL *qFT12.1* detected in the wild soybean CSSL population.
A: Allelic effects of *qFT12.1* in near-isogenic lines (NILs) sown in the field on different dates in 2017. B: *qFT12.1* was delimited in a 2,703-kb interval on chromosome 12.