

第7節 生物工学に関する試験研究

生物工学に関する試験研究は、ゲノム情報を利用した育種効率化技術(スマート育種)の開発を目的としており、主に当センターで品種開発を実施している品目(水稻、大麦、にら、なし、あじさい及びいちご)の選抜用 DNA マーカーとその利用技術の開発を進めている。

DNA マーカーの開発は、この 10 年間で世界各国の研究機関による次世代シーケンサーを用いたゲノム解読及びその配列データの公開が飛躍的に進んだため、これらゲノム情報を利用した DNA マーカーの開発が行える環境となってきた。本県において、これまで開発した DNA マーカーは、にらの単為生殖性(複相大孢子形成性及び単為発生性)、あじさいの八重咲き性、いちごの萎黄病耐病性及び四季成り性を判定する DNA マーカーであり、育種選抜に導入されている。また、あじさいの手まり咲き性(アジサイ型)及びいちごの炭疽病耐病性マーカーについても開発を進めている。また、他の研究機関で開発された DNA マーカーについても育種選抜に導入しており、水稻の縞葉枯病耐病性、なしの黒星病耐病性及び自家和合性の選抜に活用されている。

また、DNA マーカーによる選抜以外にも、ゲノム情報を活用した新たな育種方法や高精度に選抜できる遺伝子マーカー開発にも着手しており、いちごでは新たな育種手法の一つであるゲノミックセレクション法の検証、ウイルススペクターによる遺伝子機能解析技術の開発を行っている。なお、数千〜数万検体単位で遺伝子型を判定できる迅速判定マーカーの開発も進めている。

一方、DNA マーカーは、県育成登録品種の知的財産権の保護や水稻原種生産における混種防止にも活用されており、随時品種識別データベースを更新し、対応している。

1 有用形質を選抜する DNA マーカーの開発と既存 DNA マーカーの利用

(1) 大麦育種における DNA マーカーの開発

ア ムギ類萎縮病抵抗性 QTL の検出(平 25〜)

ムギ類萎縮病はムギ類萎縮病ウイルスによる土壌病害である。その防除方法としては、抵抗性品種の作付が最も有効であることから、平成 25 (2013) 年より抵抗性育種の効率化を目的としてムギ類萎縮病抵抗性連鎖 DNA マーカーの開発を開始した。

解析材料として、「はるな二条」/野生種「H602」の連鎖

地図を用いて、萎縮病抵抗性の量的形質遺伝子座(QTL)解析を行った結果、2 番染色体に QTL が検出された。さらに、「スカイゴールド」/「とちのいぶき」F₆ 及び F₇ RILs を用いて、QTL 解析をした結果、2 番染色体と 3 番染色体に QTL が検出され、それぞれ *Jmv1* 及び *Jmv2* とした。また、「スカイゴールド」「はるな二条」「H602」及び「とちのいぶき」について qPCR によりムギ類萎縮病ウイルスの定量を行い、感染差異を明らかにした。

なお、本研究は、農研機構作物研究部門及び岡山大学との共同研究により実施した。

Breed. Sci. 70 : 617~622(2020)

Breed. Sci. 72 : 372~382(2022)

Front. Plant Sci. 10 : 10.3389/fpls.2023. 1149752(2023)

研究成果 34 : 53~54(2016)

イ オオムギ縞萎縮病抵抗性の評価法と抵抗性遺伝子の作用機作の解明(平 30~令 2)

GFP (Green Fluorescent Protein、青色の光を吸収して緑色の蛍光を発するタンパク質)発現オオムギ縞萎縮ウイルスを用いて、抵抗性を視覚的に評価する手法を確立した。本法により異なる抵抗性遺伝子を保有する品種の葉・根・基部へ接種し、ウイルスの挙動を解析した。国内のオオムギ縞萎縮ウイルスは各種オオムギ品種への感染性の違いにより I~V 型に分かれており、葉への接種では、III 型を除き、ほ場での感受性と一致したことから、抵抗性評価法として有効であると考えられた。さらに、挙動解析の結果から、抵抗性遺伝子 *rym12* は根部から上位葉へのウイルス移行を抑制する作用があることが推察された。

なお、本研究は、生研支援センターイノベーション創出強化研究推進事業(基礎研究ステージ)(平 30~令 2 年)により宇都宮大学と共同で実施した。

Breed. Sci. 71 : 484~490 (2021)

研究成果 40 : 33~34(2022)

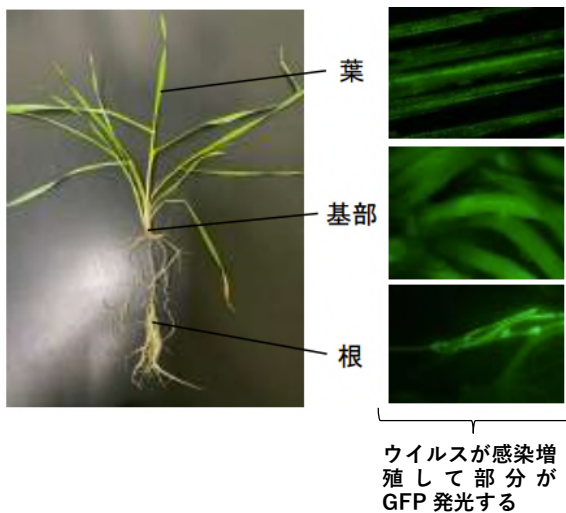


図1 GFP発現オームギ萎縮ウイルスによる抵抗性評価

(2) にら育種における DNA マーカーの開発

ア SSR マーカーを用いたにらの遺伝的類縁関係の解明
(平 25～26)

にら EST (Expressed sequence tag) により開発した単純反復配列 (SSR: Simple sequence repeats) マーカーを 9 マーカー供試し、野菜研究室が保有するにら遺伝資源 94 品種・系統の多型解析を行った。その結果、本県育成品種「ゆめみどり」を含む 54 品種・系統を識別することができた。また、得られた多型データを用いてクラスター分析し、遺伝資源の遺伝的類縁関係を明らかにした。

研究報告 74: 19～27(2016)

研究成果 34: 49～50(2016)

イ にら複相大孢子形成性連鎖マーカーの開発(平 27～28)

にらは、単為生殖性であり、通常の交配育種では数%しか交雑しない。にらの単為生殖様式は、複相大孢子形成と単為発生の 2 段階で行われており、単為生殖性連鎖 DNA マーカー (PLM1、PLM2、PLM3、PLM4) については既に本県で開発され、育種選抜に利用されていたが、複相大孢子形成性連鎖 DNA マーカーについては開発されていなかった。そこで、複相大孢子形成性分離 F₁ 集団を作製し、単純反復配列マーカーによる多型解析を行った結果、複相大孢子形成性と適合率が高い 3 マーカー (nr2902_267、nr4199_265 及び nr0045_172) を選抜した。また、連鎖解析を行った結果、マーカー nr2902_267 及び nr4199_265 が複相大孢子形成性遺伝子を挟む位置に座乗したことから、これら 2 マーカーを複相大孢子形成性連鎖 DNA マーカ

ーとして選定した。

なお、本研究は、かずさ DNA 研究所との共同研究により実施した。

育種学研究 22: 39-42(2020)

研究成果 36: 21～22(2018)

ウ にら育種の効率化技術の確立(平 29～令元)

本県で開発した複相大孢子形成性連鎖マーカー及び単為発生性連鎖マーカーを用いて、交雑個体の単為生殖性と両性生殖性を判定することにより、単為生殖性は品種候補、両性生殖性は交配母本候補とする本県独自のにら育種システムを構築した。また、複相大孢子形成性連鎖マーカー及び単為発生性連鎖マーカーの保有状況による育種用途について明らかにした。

研究成果 40: 35～36(2022)

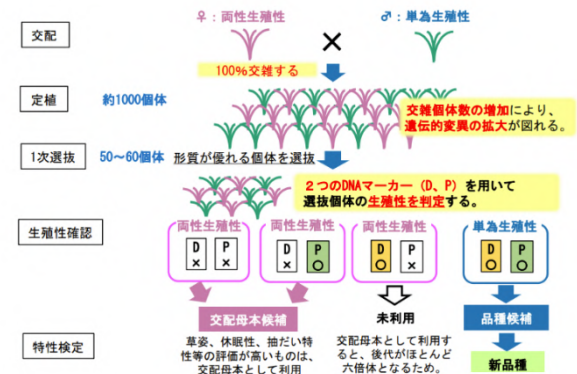


図2 両性生殖性系統と生殖性判別 DNA マーカーを活用したにら育種システム

エ にら検定交配における倍数性測定による単為生殖率の推定(平 30～令 2)

にら品種候補の単為生殖率を推定するため、品種候補 (4 倍体) に交雑率検定用花粉親 (6 倍体) を交配し、後代の倍数性 (単為生殖性個体: 4 倍体、交雑個体: 5 倍体) により、単為生殖率を判定する方法を確立した。従来の DNA マーカーを利用した交雑率検定より、低コストで検定することができる。

研究成果 40: 37～38(2022)

(3) なし育種における DNA マーカーの利用

ア なしの自家和合性品種育成のための DNA マーカー選抜技術の利用(令 4～)

なしの多くは自家不和合性を示す。そのため、結実には、異なる S 遺伝子型を有する他品種の花粉を授粉させる

必要があることから、自家受粉が可能な自家和合性品種開発が求められている。そこで、神戸大学及び農研機構が開発した自家和合性判定 DNA マーカーを利用し、交雑個体の中から自家和合性個体のみ選抜できる技術を確認した。

研究成果 43：21～22(2024)

(4) あじさい育種における DNA マーカーの開発

ア SSR マーカーによる八重咲き性及び手まり咲き性（アジサイ型）識別 DNA マーカーの開発(平 26～27)

あじさいにおける八重咲き性及び手まり咲き性は潜性遺伝である。そのため、交配親の遺伝子型がヘテロ型である場合、後代におけるこれらの形質出現率はそれぞれ 25%と極めて低い。また、あじさい実生は、開花までに 2 年を要することから、選抜までの栽培管理に多大な労力を要する。そこで、平成 26（2014）年からあじさい育種を効率化するため、八重咲き性及び手まり咲き性の識別を可能とする DNA マーカーの開発に着手した。解析材料は、本県育成あじさい品種「きらきら星」（八重咲き性・ガク咲き）と民間育成品種「フラウヨシミ」（一重咲き性・手まり咲き）の F₂集団を用いて SSR マーカーによる多型検出と連鎖解析を行った結果、19 の連鎖群からなるあじさい連鎖地図(全長 974.4cM、146 マーカー座乗)を作製することができた。この連鎖地図を用いて、八重咲き性及び手まり咲き性因子の位置を推定した結果、八重咲き性連鎖 DNA マーカーとして STAB045（適合率 98.7%、遺伝距離 1.1cM）、手まり咲き性連鎖 DNA マーカーとして HS071（適合率 96.1%、遺伝距離 5.8cM）及び HS527（適合率 92.7%、遺伝距離 14.2cM）を識別可能な DNA マーカーとして選定した。

なお、本研究は、農研機構及び宇都宮大学との共同研究により実施した。

Hort. J. 87：264～273(2018)

研究成果 35：47～48(2017)

研究成果 35：49～50(2017)

イ SNP マーカーによるあじさい八重咲き性個体選抜技術の確立(平 28～)

高精度に八重咲き性個体を識別するため、新たに「隅田の花火」由来の一塩基多型（SNP：Single nucleotide polymorphism）マーカー及び挿入／欠損（INDEL：Insertion／Deletion）マーカー及び「城ヶ崎」由来の SNP

マーカー（J01）を開発した。(4)-2)で開発した八重咲き性連鎖マーカー（STAB045）と比較して、多くの育種素材に適合し、多様な系統間の交配実生の選抜に利用できる。

なお、本研究は、日本大学、かずさ DNA 研究所、滋賀県立大学、宇都宮大学、福岡県との共同研究により実施した。

DNA Res. 28：1～10(2021)

研究成果 38：39～40(2020)

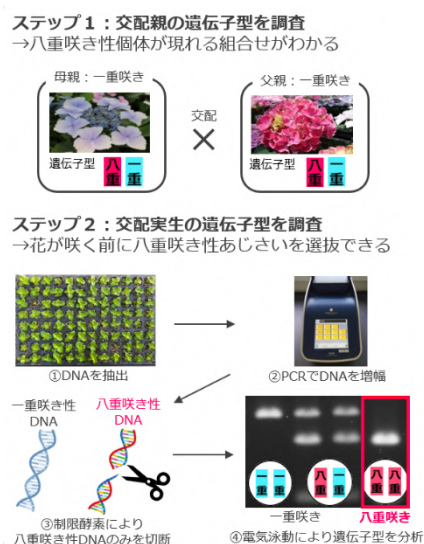


図3 あじさい育種における八重咲き性識別マーカーの利用

ウ 手まり咲き性遺伝子の同定（平 27～）

ゲノム解読の結果から、ほとんどの手まり咲き性あじさいは、原因遺伝子の3種類の変異で説明されることを明らかにした。原因遺伝子変異をもとに今後手まり咲き性遺伝子マーカーの開発を進めていく。

なお、本研究は、日本大学、かずさ DNA 研究所、滋賀県立大学、宇都宮大学、福岡県との共同研究により実施した。

Hortic. Res. 12: uhae332 (2025)

(5) りんどう育種における DNA マーカーの利用

ア りんどう遺伝資源における花色関連遺伝子の解析(平 25～29)

本県が保有するりんどう遺伝資源 18 系統の花色関連遺伝子の遺伝子型判別マーカー（岩手生物工学研究所開発）により解析した結果、17 系統の遺伝子型が明らかとなり、DNA マーカーによる花色遺伝子型を識別する技術を確認した。本技術により交配親の遺伝子型を判定することにより、交配後代の花色（紫、白及びピンク）の出現率を推定する

ことができる。

研究成果 34：51～52(2016)

(6) いちご育種における DNA マーカーの開発

ア イチゴ萎黄病耐病性連鎖 DNA マーカーの開発

(ア) イチゴ萎黄病耐病性連鎖 DNA マーカーの共優性化
(平 26)

本県では、イチゴ萎黄病耐病性品種である「アスカウェイク」由来耐病性連鎖 DNA マーカー (RFf4) を開発し、平成 25 (2013) 年より育種選抜に利用している。この RFf4 マーカーを改良し、新たに耐病性ホモ型、耐病性ヘテロ型及び罹病性ホモ型を判定できる共優性マーカーを開発した。本マーカーを利用することにより、交配親の選定や DNA マーカーによる実生選抜の実施の有無を判断することができる。

研究成果 34：47～48(2016)

イ 四季成り性連鎖 DNA マーカーの開発

(ア) 「なつおとめ」由来いちご四季成り性連鎖 DNA マーカーの開発(平 24～29)

四季成り性品種「なつおとめ」×一季成り性品種「やよいひめ」の F₁ 集団の季性調査と増幅断片長多型 (AFLP：Amplified fragment length polymorphism) 及び単純反復配列マーカーによる多型解析により、「なつおとめ」由来四季成り性連鎖 DNA マーカーを 5 マーカー (AG247-S、FVES0123、FVES0605、FVES2160 及び NA450-S) 開発した。そのうち、FVES2160 (四季成り性遺伝子に対して「なつおとめ」3.7cM 及び「とちひとみ」6.7cM に座乗) は、四季成り性の由来が異なる「とちひとみ」でも適用性があり、四季成り性遺伝子に最も近い DNA マーカーと推定した。

なお、本研究は、かずさ DNA 研究所との共同研究により実施した。

研究成果 36：19～20(2018)

(イ) いちご四季成り性連鎖 DNA マーカーを利用した実生選抜技術の確立(平 29～30)

四季成り性に連鎖する 4 個の DNA マーカー (AG247-S、FVES0123、FVES2160 及び NA450-S) は、交配組合せによりマーカーと季性との適合率が低い場合が生じたことから、これらのマーカーを保有する四季成り性系統と一季成り性系統との交配集団を用いて適合率を再調査し、交配

親ごとに適応するマーカーを選定した。さらに、多検体を処理するための簡易な DNA 抽出法を開発し、育種選抜に導入した。

研究成果 38：37～38(2020)

(ウ) いちご育種素材「栃木素材 3 号」由来の実生苗選抜用四季成り性連鎖 DNA マーカーの開発(令和)

本県における四季成り性育種の主要素材である「栃木素材 3 号」は、既存の四季成り性連鎖 DNA マーカーが適合しない。そのため、いちご品種「麗紅」の参照ゲノム配列から SSR マーカーを作製及び多型検索した結果、新たにいちご四季成り性連鎖 DNA マーカー (FAN4Bib_330) を開発した。本マーカーは、本県の四季成り性育種の主要素材である「栃木素材 3 号」を用いた交配組合せなどに利用可能であり、県開発の既存マーカーよりも適用範囲が広範であった。

本研究は、内閣府戦略的イノベーション創造プログラム (平 30～令和 4 年) により実施した。

研究成果 40：39～40(2022)

(エ) いちごゲノム情報解析を利用した新規四季成り性連鎖 DNA マーカーの開発(令和 2～4)

いちご品種「Camarosa」と「麗紅」の参照ゲノム配列を比較することにより、四季成り性に関する新たな連鎖 DNA マーカー (FAN-indel-21 及び Fvb-indel-H) を開発した。また、FAN-indel-21 を用いて実生苗選抜における適用性を検証した。本マーカーは、本県の四季成り性育種におけるほぼ全ての交配組合せに利用可能であり、既存マーカーよりも適用範囲が広く、四季成り性判定時の識別性に優れていた。

なお、本研究は、宇都宮大学との共同研究により実施した。

研究成果 42：17～18(2023)

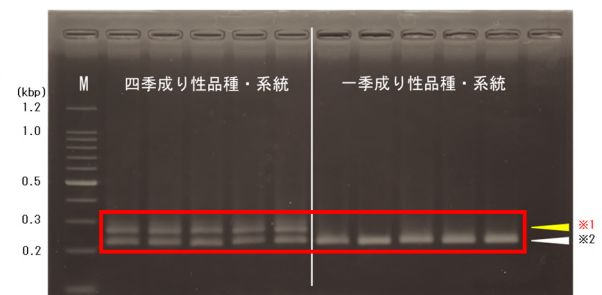


図4 四季成り性連鎖マーカーの検出

※1 四季成り性連鎖アレル ※2 各品種・系統共通検出アレル

ウ 炭疽病耐病性連鎖 DNA マーカーの開発

(ア) いちご属植物の炭疽病耐病性連鎖 DNA マーカーの本県育種素材における適用性評価(平 28～30)

農研機構が開発したいちご炭疽病耐病性連鎖 DNA マーカーの選抜効果について、耐病性分離 F₁ 集団 2 集団を用いて検証した。その結果、「とちおとめ」×「いちご中間母本農 2 号」の F₁ 分離集団では適用性があったが、本県育種素材の「栃木 30 号」×「栃木 i37 号」の F₁ 分離集団では適用性は低いため、本県育種素材に適応する新たなマーカー開発が必要である。

研究成果 38：35～36(2020)

(イ) 培養苗と水耕栽培による高精度なイチゴ炭疽病耐病性評価法(令 2～4)

新たにイチゴ炭疽病耐病性連鎖 DNA マーカーを開発するため、培養苗を使用した水耕栽培条件での耐病性評価法を確立した。本評価法は、短期間で多検体を検定することが可能であり、無病苗を用いた均一な環境条件下での栽培により、高精度に耐病性を評価することができる。

研究報告 89：9～22(2025)

研究成果 43：21～22(2023)

エ GWAS 及びゲノミックセレクション法の検証

(ア) 四季成り性いちごにおける MAGIC 集団育成と EGGS 予測モデルを用いた果実硬度上昇効果(平 27～29)

いちご 6 品種・系統（四季成り：2 系統、一季成り：4 系統）由来の MAGIC (Multi-parent advanced generation inter-Cross) 集団を育成した。本集団を材料に果実形質測定値と DNA タイピングデータをもとに果実硬度・果皮強度の EGGS (Ensemble-based genetic and genomic selection) 予測モデルを作製し、選抜された DNA マーカーを用いて実生苗選抜を行った結果、果実硬度・果皮強度が有意に上昇した。

なお、本研究は、農林水産省農林水産業・食品産業科学技術研究推進事業（シーズ創出ステージ）により、かずさ DNA 研究所、香川大学、大阪大学、農研機構野菜花き研究部門、福岡県及び千葉県との共同研究により実施した。

研究報告 81：37～52(2020)

研究成果 37：25～26(2019)

(イ) ゲノミックセレクション法 (GS) を用いたいちごの果実形質選抜システムの実証(平 30～令 4)

選抜基礎集団から果実形質（果重、硬度、糖度）についてゲノミックセレクション(GS：Genomic selection) 法を用いた集団選抜を 3 世代繰り返した結果、優れた交配母本として有望系統 40 系統を選抜した。GS 法及び形質選抜 DNA マーカーの効果を検証し、果重については GS 法による選抜、硬度及び糖度については形質選抜 DNA マーカーによる選抜効果が認められた。

なお、本研究は、内閣府戦略的イノベーション創造プログラム（平 30～令 4 年）により、かずさ DNA 研究所、農研機構野菜花き研究部門、農研機構東北農業研究センター、福岡県及び千葉県と共同研究により実施した。

研究成果 43：19～20(2023)

(ウ) 四季成り性いちご MAGIC 集団における果皮色の GWAS 解析(平 26～29)

四季成り性いちご MAGIC 集団における果実表面の色差値、果皮アントシアニン分析値、DNA タイピングデータをもとに GWAS (Genome wide association study) を行った。その結果、第 2 染色体および第 6 染色体領域に選抜マーカー候補が検出された。

なお、本研究は、農林水産省委託プロジェクト研究「ゲノム情報を活用した農作物の次世代生産基盤技術の開発」(平 26～29 年)により、かずさ DNA 研究所、福岡県、千葉県との共同研究により実施した。

研究報告 81：53～65(2020)

研究成果 37：27～28(2019)

2 DNA マーカーによる実生選抜及び遺伝子型判定

(1) にら育種における生殖性判定（平 29～）

にらについては、単為生殖性個体は品種候補、両性生殖性個体が交配母本候補となるため、まず、野菜研究室が交配した交雑実生のすべてをほ場に展開後、1 次選抜された優良形質個体について、DNA マーカーによる生殖性を判定する。平成 29 (2017) 年以降は単為発生性連鎖 DNA マーカーと新たに開発した複相大孢子形成性連鎖マーカーにより生殖性を判定している。

この 10 年間（平 26～令 6 年）までの累計検定数は 689 個体であり、単為生殖性（品種候補）291 個体、両性生殖性（中間母本）298 個体と判定した。

(2) なし育種における実生選抜

ア ナシ黒星病耐病性連鎖 DNA マーカーによる実生選抜

(平 28～)

ナシ黒星病耐病性連鎖 DNA マーカーによる実生選抜は、平成 28 (2016) 年より育種に導入している。

この 9 年間 (平 28～令 6 年) までの累計検定数は 1,168 個体であり、527 個体を耐病性と判定している。

イ 自家和合性連鎖 DNA マーカーによる実生選抜 (令 5～)

ナシ黒星病耐病性連鎖 DNA マーカーによる実生選抜は、令和 5 (2023) 年度より育種に導入している。

令和 5 (2023) ～ 6 (2024) 年までの累計検定数は 969 個体であり、269 個体を自家和合性と判定している。

(3) あじさい育種における実生選抜 (平 30～)

あじさい育種における DNA マーカー選抜は、平成 30 (2018) 年度より八重咲き性連鎖及び遺伝子マーカーにより行われている。平成 30 (2018) ～令和 6 (2024) 年までの累計検定数は 4,332 個体であり、1,012 個体を八重咲き性と判定している。

(4) いちご育種における実生選抜

ア イチゴ萎黄病耐病性連鎖 DNA マーカーによる実生選抜 (平 25～)

イチゴ萎黄病耐病性連鎖 DNA マーカーによる実生苗選抜は、平成 25 (2013) 年度より育種に導入している。年間実生苗検体数は、平成 27 (2015) 年度に 3,581 個体であったが、令和 6 (2024) 年度は迅速判定マーカー法を導入したことにより、検体数 10,126 個体と大幅に検定数が増加した。なお、この 10 年間 (平 27～令 6 年) までの累計検体数は、42,308 個体であり、23,110 個体を耐病性と判定した。

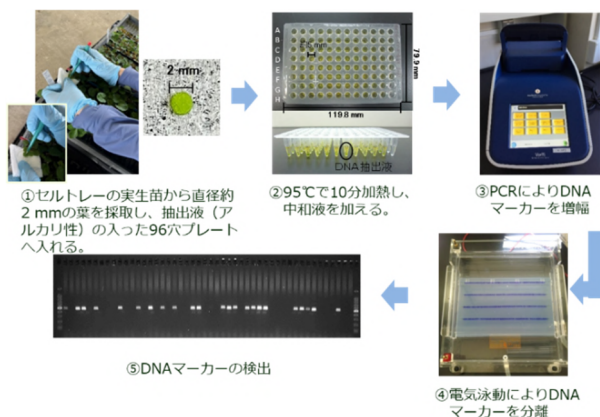


図 5 いちご実生苗における DNA マーカー選抜フロー

イ 四季成り性連鎖 DNA マーカーによる実生選抜 (平 29～)

四季成り性連鎖 DNA マーカーによる実生選抜は平成 29 (2017) 年度より実用化されている。年間実生苗検体数は、平成 29 (2017) 年度が 2,425 個体、令和 5 (2023) 年度が 3,627 個体である。四季成り性についても迅速判定マーカーを開発しており、検体数増加には対応できる。なお、この 8 年間 (平 29～令 6 年) の累計検体数は、16,616 個体であり、8,155 個体を四季成り性と判定した。

3 遺伝子機能解析技術の開発

(1) いちごの遺伝子機能解析用ウイルスベクターの構築と利用技術の開発 (平 27～29)

いちごの遺伝子機能解析技術を確立するため、2 種類のイチゴウイルスベクター (SMYEV: Strawberry mild yellow edge virus 及び SMOV: Strawberry mottle virus) を構築し、ベクターの安定性を評価した。SMYEV ベクターは挿入する遺伝子断片が 150bp 以下であれば、6 か月間安定していちご植物体内から検出された。また、SMYEV ベクターを転写するプロモーターを CaMV35S から SVBV35S に変更することで、2 倍体野生種 (UC-5) におけるベクターの検出率が向上した。一方、SMOV ベクターは、接種 2 週後のいちご植物体内からは検出されるが、1 か月後はほとんど検出されなかった。

なお、本研究は、農林水産省農林水産業・食品産業科学技術研究推進事業 (シーズ創出ステージ) (平 27～29 年) により宇都宮大学と共同で実施した。

研究成果 37: 23～24(2019)

4 DNA マーカーによる品種識別技術の開発

(1) いちごの品種識別の開発

ア いちご加工品に適用できる品種識別 DNA マーカーの開発 (平 24～26)

レトロトランスポゾンを用いて、加熱加工品にも適用できる品種特異的 DNA マーカーを開発した。国内流通 35 品種中 8 品種について品種特異的な DNA マーカーを開発した。また、国内流通 35 品種について、10 マーカーの組合せによる識別可能なプライマーセットを開発した。

なお、本課題は、農林水産省「新たな農林水産政策を推進する実用技術開発事業」(研究成果実用型研究) (平 24～26 年) により、岡山大学、農研機構、福岡県、(株) ニッポンジーン、(株) ファスマックとの共同研究により実施

した。

Breed. Sci. 70 : 231～240(2020)

研究成果 34 : 45～46(2016)

イ SSR マーカーによるいちご品種識別データベースの更新（令和～3）

本県では、育成品種の知的財産権の保護を 目的として、国内外のいちご 181 品種・系統を識別できる SSR マーカーを開発し、診断の要請に対して随時迅速に対応している。平 30（2018）年に「とちあいか（品種登録出願名：栃木 i37 号）」及び「ミルキーベリー（品種登録出願名：栃木 iW1 号）」が品種登録出願（両品種とも令和 6（2024）年に品種登録）されたことから、既存の品種識別データベースを更新した。さらに、今後の品種育成に活用するため、品種・系統間の遺伝的な類縁関係を明らかにした。

研究報告 87 : 19～28(2023)

研究成果 40 : 41～42(2022)

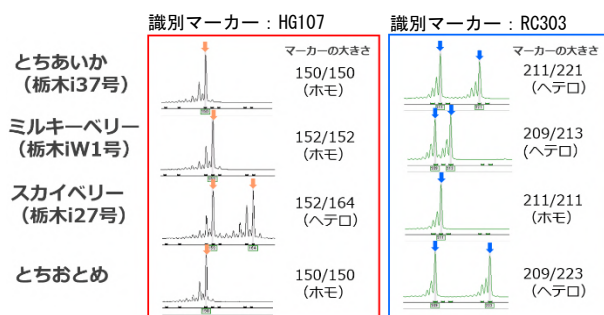


図6 SSR マーカーによる栃木県育成いちご品種の識別

(2) 水稻の品種識別技術の開発

ア SSR マーカーによる品種識別データベースの更新（令和～3）

本県では、水稻原種生産における混種防止のため、SSR マーカーによる品種識別を実施している。今回、より検定精度を高めるため、農研機構が開発した 4 塩基反復の品種識別用 SSR マーカーを用いて、既存の品種識別データベースの情報を更新した。さらに、平 29（2017）年に酒造好適米「夢ささら」が品種登録出願（令和 4（2022）年に品種登録）されたことから、新たに「夢ささら」を識別できるマーカーを選定した。

研究報告 82 : 29～37(2021)

研究成果 39 : 45～46(2021)