



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	北海道水稻育種の高度化に関わる出穂性と澱粉特性の遺伝的基礎
Author(s)	池ヶ谷, 智仁
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(農学)
Dissertation Number	乙第7219号
Issue Date	2025-03-25
DOI	https://doi.org/10.14943/doctoral.r7219
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/95016
Type	doctoral thesis
File Information	IKEGAYA_Tomohito.pdf



北海道水稻育種の高度化に関わる出穂性と澱粉特性 の遺伝的基礎

池ヶ谷 智仁

目次	1
第 I 章：緒論	2
第 II 章：北海道水稻品種における出穂性の違いに関する遺伝解析	
緒言	4
材料および方法	5
結果	6
考察	15
第 III 章：北海道水稻糯品種の澱粉特性の違いに関する遺伝解析	
緒言	20
材料および方法	21
結果	28
考察	38
第 IV 章：澱粉特性に関わる 2 つの遺伝因子が水稻粳品種の食味特性に与える影響	
緒言	40
材料および方法	41
結果	42
考察	55
第 V 章：総合論議	57
摘要	60
引用文献	62
付表	70
謝辞	93

第I章 緒論

人口減少により国内の食料・農林水産市場は縮小し続けている。これに対し、輸出拡大など海外の新規市場開拓への期待が高まっている。しかし、食料生産を担う生産者の減少や高齢化の進行で、生産基盤の脆弱化や地域コミュニティの衰退が顕在化している。そのため、生産性向上と持続的発展を両立させることが、農林水産業の生産力を強化するための重要な課題となっている。課題解決の鍵となるのは、食料生産システムを構成する関係者の行動変容と、それを強力に後押しするイノベーションの創出である。イノベーションの中で、植物の品種育成の貢献するところは大きい。収量、品質の改善、高温や干ばつなどの気候変動への耐性強化といった生産性向上に関する要望に加え、近年では労働人口の減少に対応した作期分散や、粗放的栽培などの新規省力技術への適性、環境に配慮した新規形質付与など、持続可能な農業のための要望も増している。品種に求められる特性は刻々と変化しており、育種の現場では様々な需要に迅速に対応する品種開発体制を構築する必要がある。これまでにない画期的な形質を持つ品種を育成するには、新規遺伝資源を活用するか、新たな遺伝子間相互作用を生み出す必要がある。ただし、投入可能な資源には限りがあり、無計画な交配や選抜を繰り返すことは避けなければならない。効率的に育種を行うには、モデルやシミュレーションを活用して精度を向上させることが重要であり、そのためには有用遺伝子型に関する情報の蓄積や評価を進めることが不可欠である。過去に地域への適応性向上を果たした有用遺伝子型を同定し、その導入選抜過程を解明することで、これまで育種家の勘に頼っていた交配母本の選定と圃場での初期選抜を、予測モデルを使用した最適交配親の提案とゲノムレベルでの選抜へと転換できる可能性がある。

アジアの栽培イネ (*Oryza sativa* L.) は、約1万年前に野生イネ *Oryza rufipogon* から栽培化された熱帯原産の作物である (Khush 1997; Fuller 2011; Huang *et al.* 2012)。自然突然変異の集積や育種による品種改良が進められ、熱帯地域のみならず温帯から亜熱帯地域(北緯 53 度～南緯 40 度)にも栽培が拡大されている (Juliano 1993; Agrama *et al.* 2010; Ali *et al.* 2010)。調理法も地域や文化によって様々であり、炊く、茹でる、蒸す、搗く、粉にして麺にする、パンにするなどの調理が行われており、それぞれの調理に適した穀粒成分特性が存在する。そのため、世界各地で地域に適した育種選抜が行われ、イネ育種集団中には選抜の結果として地域固有の遺伝構造が存在し、地域のイネ育種集団は高度な地域適応性を獲得してきたと推定される。Yonemaru *et al.* (2012) は、日本のイネ品種群内に遺伝的集団構造があることを報告している。集団構造は、水稻や陸稲といった品種の栽培型、育成年次、あるいは育成地に対応していた。地域の育種集団が保有する適応形質に関して、イネの栽培北限である北海道のイネ品種を対象とした解析が行われ、北海道への適応には出穂の極早生性が必要で、現在の北海道品種が示す極早生性は2つの遺伝子の機能欠損型変異に由来することが明らかになっている (Fujino and Sekiguchi 2005a, b; Fujino *et al.* 2019a)。Shinada *et al.* (2014) は北海道イネ品種集団を遺伝的に6つのグループ(グルー

プⅠ、Ⅱ、Ⅲa、Ⅲb、Ⅳ、Ⅴ)に分類し、グループの変遷が育成年代に対応していることを見出した。さらにグループ変遷の原因が交配親に用いた遠縁品種に由来すると推定した。これら先行研究から、北海道水稲品種は極早生という適応形質を維持しつつ、遠縁品種を用いた表現型多様性の拡大と選抜を繰り返すことで、継続的な形質改良を図ってきたことがわかる。一方で Shinada *et al.* (2014) が同じグループとして分類した品種間に見られる表現型差異は何に由来するのか、という疑問が残った。イネの栽培北限である北海道では、極早生性や耐冷性など持つべき必須形質が多い。育種操作によって最適遺伝子型が選抜され続けていけば、遺伝背景が均一化し形質の改善が見られなくなると考えられる。しかし、実際には様々な優良品種が開発され続けている(北海道立総合研究機構 水稲育成品種 <https://www.hro.or.jp/agricultural/center/chizai/nousirice.html>)。現行の北海道水稲優良品種は品種ごとに異なる特性を持つが、ほとんどが同じグループⅤに分類される。グループⅤは、1983年以降に育成された13品種で構成されており、全てが「キタアケ」及びその後代品種である。このことはグループ内にも表現型差異を生じる遺伝変異が存在することを示唆しており、その差異こそが優良品種を決定づける有用形質と言える。

北海道水稲優良品種間の表現型差異はどのように生じてきたのだろうか。この問いに対する解答は、北海道のみならず、各栽培地域に対する適応性付与に必要な遺伝的メカニズムを明らかにする手がかりになると考えられ、さらに表現型差異の原因遺伝子の由来や選抜過程、集団内における分布情報は、今後の北海道水稲品種育成の戦略を立てる上で有用な知見となると考えられる。

以上のことから、北海道水稲優良品種間で表現型差異を生じる遺伝的要因を明らかにし、その導入選抜過程と集団内での分布を調査すること、さらに有用遺伝子型の組み合わせによる影響を検証することは、将来の北海道水稲品種育成の方向性や戦略を検討する際に非常に有益であると考えられる。そこで本研究の第Ⅱ章では、世界的に見てイネ栽培の限界地帯に生育する北海道水稲品種群において、高い収量性を保持したまま登熟期間の確保を可能とするやや早生品種を特徴づける有用遺伝子型 *qDTH3* の遺伝解析を行った。さらに *qDTH3* 成立過程の解析により、水稲品種育成における遺伝的多様性拡大の過程を考察した。第Ⅲ章ならびに第Ⅳ章では、新たな需要に応える新品種育成を加速するため、特徴的な澱粉特性を示す品種・系統から原因遺伝子領域の同定と導入過程の推定を行い、既報の澱粉合成関連遺伝子との組み合わせによる影響について調査した。第Ⅴ章では、得られた結果を総合し、北海道水稲優良品種が持つ優良形質を構成する遺伝子型と、更なる形質改良に貢献し得る遺伝資源の活用方法について論ずる。

第 II 章：北海道水稻品種における出穂性の違いに関する遺伝解析

緒言

北海道（北緯 41 度 2 分～45 度 3 分）は世界的な稲作の北限のひとつである（Fujino *et al.* 2019a）。夏期の自然日照時間が 15 時間を超え、生育期間中比較的低温で推移するなど、北海道の気象条件は熱帯原産の作物である稲の生育にとって厳しい。長日条件下では感光性を持つイネ品種の花芽形成が抑制され、出穂が遅れることで秋期の低温に遭遇し登熟に到らない。そのため稲の生育期間中の自然日長が長い北海道に適応できるのは、極早生の出穂特性を持つ北海道品種だけである。

これまでに北海道水稻品種の出穂性に関する遺伝解析が行われ、*qDTH7-1/Ghd7* (Xue *et al.* 2008) と *qDTH7-2/Hd2/OsPRR37* (Koo *et al.* 2013; Gao *et al.* 2014) として知られている 2 つの感光性遺伝子の機能欠損による極早生性が、北海道におけるイネの栽培適応に重要であることが報告されている（Fujino and Sekiguchi 2005a, b; Nonoue *et al.* 2008; Shibaya *et al.* 2011; Fujino *et al.* 2019a）。両遺伝子の機能欠損型は在来品種「赤毛」から現行優良品種に到るまで多くの北海道水稻品種に共通する遺伝子型である（Fujino *et al.* 2019a）。

Ghd7, *OsPRR37* の各遺伝子の対立遺伝子で説明出来ない北海道水稻品種間における出穂期の違いを制御する遺伝子として、*Days to heading 8* (*DTH8*) および量的形質遺伝子座 *qDTH3* が報告されている（Fujino *et al.* 2013; Fujino and Ikegaya 2020）。機能欠損型 *dth8* は稲作地域の北への拡大を目的に自然突然変異から育種選抜されており、出穂を早生化し登熟日を 10～14 日早める。しかしながら、*dth8* を持つ品種・系統では植物体が十分に生育する前に花芽形成が始まってしまうため、登熟期の低温回避には有効であるものの、農業上適切な収量が得られないという問題がある（Fujino *et al.* 2013; Fujino and Ikegaya 2020）。一方、第 3 染色体上に *qDTH3^{DH}* を持つ品種・系統の出穂日は、*qDTH3^{DH}* を持たない品種よりも 3 日早まったが、短縮した日数に対する収量の減少程度は *dth8* よりも少なかった（Fujino and Ikegaya 2020）。そのため *qDTH3^{DH}* は登熟期の低温リスク回避や作期分散に貢献しながらも収量の減少が生じにくい、育種上有用な対立遺伝子と考えられた。原因遺伝子の同定とその由来を明らかにすることは、今後育種選抜を効率的に行う上で必須であり、更なる適応性強化を進める上で非常に重要である。

以上の研究背景に基づき、本章ではまず北海道現行優良品種のうち、出穂期の異なる中生の「ほしのゆめ」とやや早生で *qDTH3^{DH}* を持つ「大地の星」を対象とした出穂関連遺伝子の詳細マッピングを試みた。続いて、野生種を含めた幅広い遺伝資源を用いた遺伝子型判定を行い、*qDTH3* 周辺領域の成立過程を推定した。

材料および方法

1. 供試材料

北海道立総合研究機構で開発された水稻粳品種で、北海道での出穂期が中生に属する「ほしのゆめ」（新橋ら、2003）とやや早生に属する「大地の星」（木下ら、2006）の2品種を用いた。出穂性に関する量的形質遺伝子座（QTL）*qDTH3*の詳細マッピングのため、両品種の交配に由来するF₂世代592個体の遺伝子型を判別し、既報の*qDTH3*候補領域内で染色体の組換えが生じた個体を選抜した。組換え個体由来のF₃系統を栽培し、解析に用いた。本章のすべての材料は、国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構北海道農業研究センター（札幌市、北緯43度00′、東経141度42′）の試験用水田に自然条件下で栽培された。肥料は基肥として10aあたり窒素換算で8kgを施用し、栽植密度は1平米あたり26.7株とした。播種は4月下旬、苗の移植は5月下旬に行った。両親品種とF₃系統は2021年に栽培され、病虫害発生予防のため適宜防除を行った。

2. 形質評価

到穂日数（DTH: days to heading）は、個々の株で播種日から最初に出穂が確認された日までの日数を示す。出穂日は2日ごとに記録し、平均DTH値は系統または品種の各株のDTHを基に計算した。これらの値はTukey-Kramer HSD検定を用いて比較した。両親品種、F₃系統ともに16株のDTHを記録した。

3. DNA分析

各品種、系統の若葉からCTAB法（Murray and Thompson 1980）を用いてDNAを抽出、精製した。*qDTH3*領域における7つのDNAマーカーを*qDTH3*の詳細マッピングに用いた（付表1）。PCR、電気泳動、遺伝子型決定はFujino *et al.* (2004, 2005a) に従った。

4. ゲノム配列情報

塩基配列比較解析に使用したイネ品種のゲノム配列情報の一部はOryza genome Release 2.0（<http://viewer.shigen.info/oryzagenome2detail/index.xhtml>）、およびTASUKE+（<https://tasuke.dna.afrc.go.jp/index.html>）から入手した。本研究では4つのOryzaコレクションを用いた。まず、*O. rufipogon* (OR)の32品種を、Haung *et al.* 2012に従い地理的・遺伝的に分化した野生種品種群として選択した。そのうち10品種（IRGC 7品種、P46、VOC4、Yuan3-9）は、配列リードの質が低いため解析から除外した。第二に、World Rice Core collection (WRC)を用いた。WRCは世界中の栽培イネ（*Oryza sativa*）の祖先遺伝子プールの遺伝的多様性を表しているとされており、Japonica、Aus、Indicaの3つの遺伝的に分化したグループから構成されている（Kojima *et al.* 2005）。このうち

WRC43 と WRC57 は育成品種であり、WRC51 は日本が起源のため、これらの品種は今回の解析から除外した。第三に、Japanese Rice Core collection (JRC)を用いた。JRC は、日本古来の品種の遺伝子プールの遺伝的多様性を示すもので、遺伝的に分化した 3 つのグループ、すなわち Indica、Japonica の陸稲および水稲から構成されている (Ebana *et al.* 2008)。第四に DDBJ BioProject database (<https://www.ddbj.nig.ac.jp/bioproject/index-e.html>) のアクセッション番号 PRJDB2868、DRA006623、および DRA008447 (Fujino *et al.* 2018, 2021; Fujino and Ikegaya 2020) でアクセス可能な北海道水稲 20 品種をコレクション 20 V として選定した。取得したゲノム配列のフィルタリングは、Fujino *et al.* (2018) に従った。

結果

1. 「大地の星」のやや早生性を特徴づける $qDTH3^{DH}$ の詳細マッピング

「大地の星」と「ほしのゆめ」の DTH は、それぞれ 89.6 ± 2.1 日と 95.0 ± 1.5 日で、0.1%水準で有意な差異を示した (図 II -1)。IRGSP1.0 の物理地図上に $qDTH3$ をマッピングするために、既報の DNA マーカー 3SHSDC01 と InDel05018 の 2.9Mbp 間で組換え遺伝子型を示す 116 個体を F₂ 集団の 592 株から選抜した (付表 2)。116 個体について、追加で設計した DNA マーカーを用いた遺伝子型判定を行い、二重組換えが生じた可能性を示した個体や、判定結果が不明瞭であった個体は解析より除いた。以上の工程を経て、最終的に 99 個体由来の F₃ 系統を用いて $qDTH3$ の詳細マッピングを行った (付表 2)。DNA マーカー遺伝子型判定結果と F₃ 系統の表現型が一致したことから、 $qDTH3$ 座乗候補領域はマーカー HR7 と HR13 の間、IRGSP 1.0 イネ参照配列上 158kb の領域に絞り込まれた (図 II -2)。イネアノテーションプロジェクトデータベース (RAP-DB; <https://rapdb.dna.afrc.go.jp>) ではこの領域内には 19 のタンパク質コード遺伝子が予測されており、そのうち 2 つの遺伝子 (Os03g0122500、Os03g0122600) で出穂性に関する報告があった (表 II -1)。 $qDTH3$ 座乗候補領域内には両親間で塩基多型部位が 60 箇所見つかったものの、ほとんどがイントロンや遺伝子間領域に存在しており、遺伝子機能に違いを生じると予想される変異を見つけることは出来なかった。

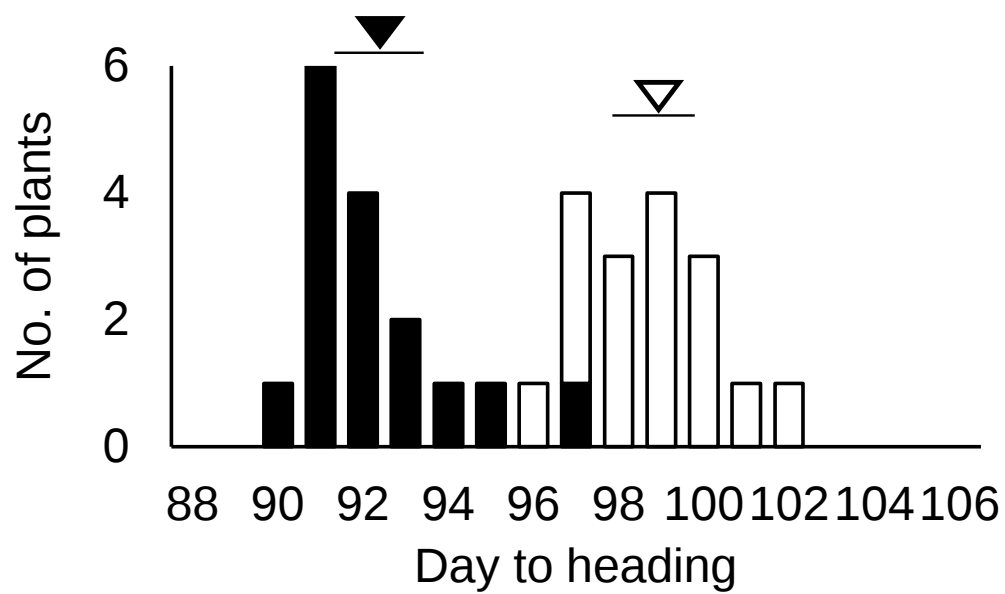


図 II-1 両親の到穂日数

黒棒は大地の星を、白棒はほしのゆめを示す。黒三角形と白三角形はそれぞれ大地の星とほしのゆめの到穂日数の平均を示す。横棒は標準偏差を示す。

図 II-1

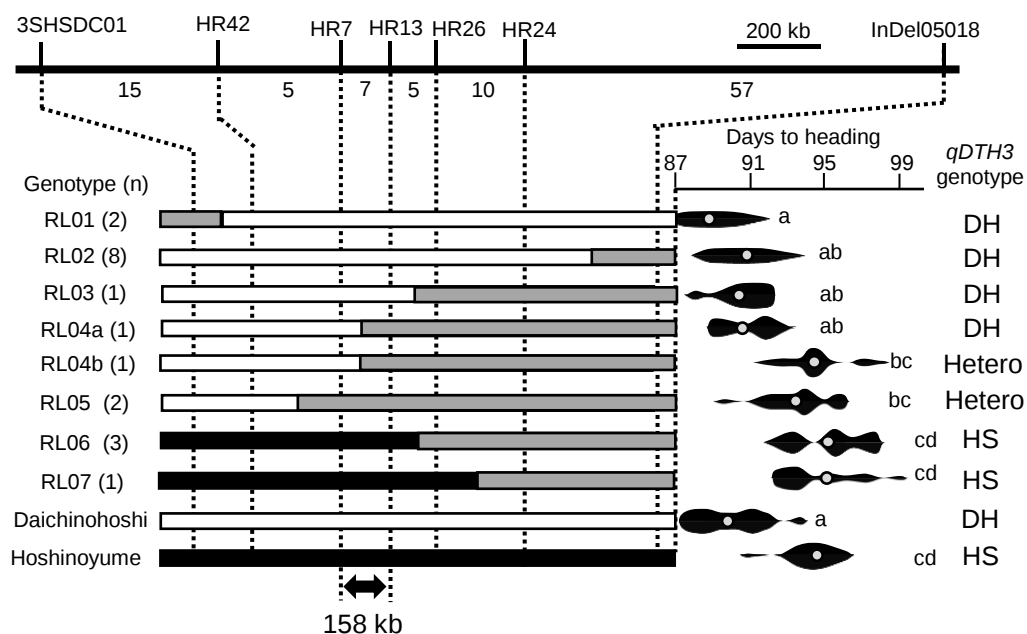


図 II-2 *qDTH3* の詳細マッピング

上図の横棒は第3染色体を、縦棒はマーカーの位置を示す。バーの下の数字はマーカー間の組換え個体の数を示す。下図の黒、白、灰色のバーはそれぞれ大地の星 (DH)、ほしのゆめ (HS)、ヘテロ (H) の遺伝子型を示す。組換え体の到穂日数 (DTH) をバイオリンプロットで示す。a、b、c、d の異なる文字は、Tukey-Kramer HSD 検定において到穂日数に有意差があることを示す。F₂ 個体における *qDTH3* の遺伝子型は、F₃ 系統の到穂日数から推測された。

図 II-2

表 II-1 RAP-DB 上で発現が予測される *qDTH3* 候補領域内の遺伝子リスト

Locus	Description
Os03g0122500	Long noncoding RNA (lncRNA), Shortening of maturity duration with no yield penalty
Os03g0122600	MIKC-type MADS-box protein, Flowering activator, Short-day/long-day promotion of flowering, MADS BOX GENE 50
Os03g0122850	Similar to Ubiquitin conjugating enzyme (Fragmen)
Os03g0123100	SUMO conjugating enzyme
Os03g0123200	Nucleotide-binding, alpha-beta plat domain containing protein
Os03g0123300	Similar to Cell cycle switch protein CCS52A
Os03g0123500	Class II KNOX-like homeobox protein, Regulation of cell expansion and wall thickening
Os03g0123600	Protein of unknown function Cys-rich family protein
Os03g0123800	Similar to Hydrolase
Os03g0124000	Homeodomain-related domain containing protein
Os03g0124033	Hypothetical protein
Os03g0124100	Protein of unknown function DUF604 domain containing protein
Os03g0124200	Similar to Pro-like protein kinase F
Os03g0124300	Similar to ATP binding protein
Os03g0124500	Conserved hypothetical protein
Os03g0124800	Non-protein coding transcript
Os03g0124900	Polygalacturonase, Pectin degrading enzyme, Regulation of intercellular adhesion
Os03g0125000	Similar to 50S ribosomal protein L5, chloroplast
Os03g0125100	Beta-carotene hydroxylase, Drought and oxidative stress resistance

表 II-1

2. *Oryza* 属における *qDTH3* 周辺領域のジェノタイピング

qDTH3 の遺伝的成立過程を明らかにするため、*qDTH3* 候補領域を含む周辺 656kb の染色体領域を GRID (Genetic region including the *qDTH3*) と命名し、塩基配列を OR、WRC、JRC、20V の 4 つの *Oryza* コレクション間で比較した。IRGSP 1.0 イネ参照配列に対して OR コレクションでは最も多くの塩基多型が検出された。一方、Indica グループを除いた JRC と、20 V では多型は少なかった (表 II -2)。5 箇所の塩基多型部位 (EGM01-EGM05) を用いた GRID 遺伝子型判定により、4 つの *Oryza* コレクション中に 11 の GRID 遺伝子型が同定された (表 II -3、4、5)。OR コレクション (付表 3)、WRC はともに 4 遺伝子型 (付表 4) で構成されており、JRC の 9 遺伝子型 (付表 5) に対して遺伝子型の種類は少なかった。北海道品種から選定された 20 V は、3 遺伝子型 (付表 6) で構成されていた。この 3 遺伝子型は OR コレクション、WRC には見られず、JRC にのみ存在していた。

「大地の星」型である GGDH と「ほしのゆめ」型である GGHS の遺伝子型が確認されたのは JRC の Japonica グループと 20V のみであり、OR コレクションと WRC には GGDH と GGHS を持つ品種は存在しなかった (表 II -5)。

表 II-2 4つの *Oryza* コレクションにおける GRID 上の塩基多型数

Collection	Group	Number	Average	Range		
				Min	Max	SD
OR		22	3051	1709	4605	927
WRC	Japonica	14	2291	951	4526	1319
	Aus	20	3817	2770	4574	447
	Indica	32	4338	961	4601	628
JRC	Japonica	32	231	4	1766	440
	Tropical Japonica	12	893	18	1642	683
	Indica	4	3642	1637	4470	1345
20V	GGDH	10	586	564	611	14
	GGHS	5	17	16	18	1

OR と 20V はそれぞれ *O. rufipogon* と北海道育種系統のコレクションを示す。

WRC; World rice core collection

JRC; Japanese rice core collection

SD; 標準偏差

表 II-2

表 II-3 GRID における 5 つの遺伝子型判別サイト

Site	Position	Marker
EGM01	962,390	HR42
EGM02	1,283,280	HR7
EGM03	1,440,928	HR13
EGM04	1,555,682	na
EGM05	1,618,515	HR26

Position は第 3 染色体上、IRGSP 1.0 における位置を示す。

EGM04 を除く 4 サイトは *qDTH3* のファインマッピングにおけるマーカーの位置と同じである。

na; 該当なし

表 II-3

表 II-4 GRID の遺伝子型パターン

Site	Genotype										
	GGDH	GGHS	GG01	GG02	GG03	GG04	GG05	GG06	GG07	GGr01	GGr02
EGM01	C	A	C	C	C	C	C	A	C	C	C
EGM02	GTTC	G	GTTC	GTTC	GTTC	GTTC	G	GTTC	G	GTTC	GTTC
EGM03	A	G	G	A	A	G	G	G	G	G	A
EGM04	C	T	C	C	T	C	C	C	T	C	C
EGM05	A	G	G	G	G	A	A	A	G	T	T

表 II-4

表 II-5 4つのコレクションにおける GRID 遺伝子型の分布

Genotype of GRID	Collection							
	OR	WRC			JRC			20V
		Japonica	Aus	Indica	Japonica	Tropical Japonica	Indica	Japonica
GGDH	0	0	0	0	5	0	1	10
GGHS	0	0	0	0	4	1	0	5
GG01	3	3	17	31	2	0	3	0
GG02	2	5	3	0	0	0	1	0
GG03	0	5	0	1	2	5	0	0
GG04	0	0	0	0	11	1	0	5
GG05	0	1	0	0	5	0	0	0
GG06	0	0	0	0	3	5	0	0
GG07	0	0	0	0	1	0	0	0
GGr01	25	0	0	0	0	0	0	0
GGr02	2	0	0	0	0	0	0	0
Total	32	14	20	32	33	12	5	20

GRID 遺伝子型は表 II-4 で示したパターンで分類した。

OR と 20V はそれぞれ *O. rufipogon* と北海道育種系統のコレクションを示す。

WRC; World rice core collection

JRC; Japanese rice core collection

表 II-5

考察

本章では北海道で育成された中生の「ほしのゆめ」と、やや早生で *qDTH3^{DH}* を持つ「大地の星」を用いて、北海道水稻優良品種間の出穂性の違いに関与する *qDTH3* の存在位置を第 3 染色体上 158kbp の領域に絞り込んだ。同領域内には出穂性に関わるとされる遺伝子が 2 つ報告されている。そのうちの一つ *OsMADS50* は、花成ホルモンであるフロリゲンをコードする *Hd3a* の上流で働く制御因子であり、過剰発現体では極端に早い開花を、ノックアウト個体では開花の遅延を誘導する (Lee *et al.* 2004)。もう一方の *Ef-cd* は、*OsSOC1* (*OsMADS50*) 遺伝子と重なるアンチセンスのロングノンコーディング RNA 転写産物を生じさせる。*Ef-cd* と *OsSOC1* の発現量には正の相関があり、*Ef-cd* と *OsSOC1* の発現が強い変異体では野生型よりも早生となった (Fang *et al.* 2019)。本章では親品種の全ゲノムシーケンス比較を行い、候補領域内で予測されている 19 個の遺伝子について配列比較をしているが、各遺伝子内に機能変異を示唆するような変異は見つからず、原因遺伝子の特定には到らなかった。この原因として、本研究で実施したイルミナ Hiseq を用いた全ゲノムシーケンス取得では、原理的に得られる配列のリード長（解読配列長）は～数百塩基程度と短くなってしまうため、仮に両親品種間に大規模な構造変異が存在した場合、原因となる変異部分を検出出来ていない可能性などが考えられる。今後、大規模解析集団を用いた高分解能マッピングやロングリードシーケンス、発現解析やゲノム編集技術等を複合的に活用することで、*qDTH3* 遺伝子とその変異型を明らかにすることができるかもしれない。

地域の育種集団のように遺伝背景の均一化が進んだ集団において、当該集団がどのように遺伝的多様性を確保しているのかという疑問に対して、*qDTH3* を含む周辺染色体領域 (GRID) の解析によって得られた祖先種 *O. rufipogon* から栽培イネへの遺伝子型の変遷が一つの答えを提供するかもしれない。GRID 内では 4 つの *Oryza* コレクションの中で生じた、ヌクレオチド置換、欠失、組換えを含む 8 つの遺伝的事象が遺伝子型の変遷に関与していると考えられた (図 II-3、表 II-6、図 II-4)。OR コレクションは最も初期の遺伝子型と考えられる 4 遺伝子型で構成されており、そのうち GGr01 はコレクション内に最も多く分布しており、GRID の祖先遺伝子型である可能性が示唆された。GRID はそこから 2 つの系統 GGr02 と GG01 に分かれ、その後組換えによって GG01 と GGr02 から GG02 が派生した可能性がある。WRC も 4 遺伝子型で構成されているが、祖先遺伝子型と考えられる GGr01 は存在しなかった。WRC では GG01 が最も多く、他に GG02、GG03、GG05 で構成されている。このうち GG03 は GG02 から派生した可能性がある。GG05 である WRC01「日本晴」は由来が日本であり、JRC と共通する遺伝子型の多様性を示した可能性がある。JRC は最多の 9 遺伝子型で構成されており、特に JRC の Japonica グループに最も多くの遺伝子型が存在している (表 II-5)。これは GRID 内の塩基多型度を比較した結果 (表 II-2) とは反対であった。すなわち、選抜によって塩基多型度は低下しても、組換

えによって新たな遺伝子型を生み出しており、そこから新たな表現型が生じた可能性が示唆された。実際に、「大地の星」型である GGDH は GG02 または GG03 と GG04 との間の組換えに、「ほしのゆめ」型である GGHS 遺伝子型は GG06 と GG07 の間の組換えにそれぞれ由来すると考えられ (図 II-4)、GGDH、GGHS の両遺伝子型は JRC にしか存在しない (表 II-5)。

qDTH3 の染色体領域近傍には、出穂性に関する多くの QTL/遺伝子が同定されている (Fujino and Iwata 2011)。それ以外にも低温発芽 (Fujino *et al.* 2004)、食味 (Takeuchi *et al.* 2008) など多くの農業形質に関わる QTL/遺伝子の報告がある。*qDTH3* の染色体領域近傍での組換えは、地域の環境条件への適応性を向上させ、育種選抜におけるターゲットとされてきた可能性がある。イネ品種育成では、地域適応性が確立される過程でいったん望ましい形質に関連する遺伝子が導入されると、それが集団全体に急速に広がることもある。Fujino ら (2019a, b) は、イネいもち病抵抗性 *Pi-cd*、出穂関連遺伝子 *Hd1* のように、優良品種の有用形質に関連する主要な遺伝子型が地域の遺伝子プールに導入され、その後地域集団内に急速に広がることを示した。優良品種を特徴づける有用な *qDTH3* 遺伝子座は、今後望ましい出穂特性を持つイネの開発に活用され、北海道のみならず他地域にも急速に普及する可能性がある。

本章で明らかにしたような、イネにとって過酷と言える環境に適応する品種群において、遺伝的組換えにより新たな有用遺伝子型が生じている可能性があるという結果は、育種選抜によって遺伝的多様性が収束していく中で、いかにして表現型多様性を拡大していくかという問いに対する、新規の重要な知見を与える。

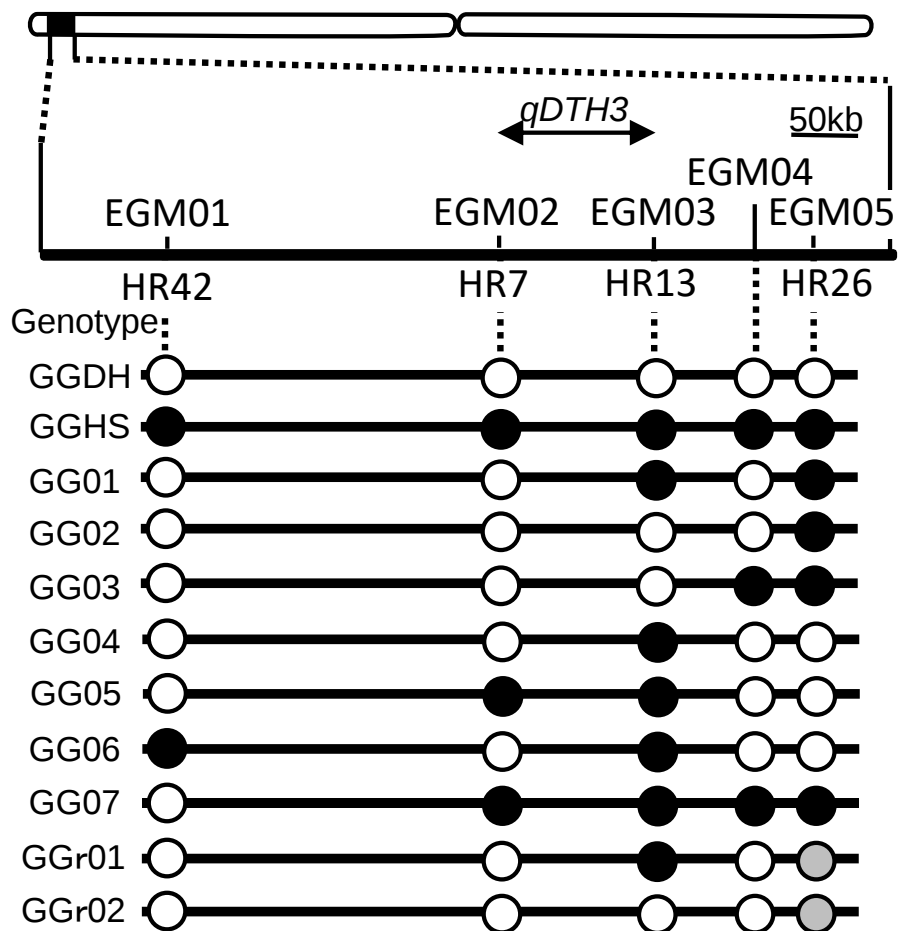


図 II-3 GRID の遺伝子型分類

上図の横棒は第3染色体を、縦棒は GRID 遺伝子型分類のための5つの多型部位の位置を示す。下図の白丸は大地の星、黒丸はほしのゆめ、灰色の丸は *Oryza rufipogon* の遺伝子型をそれぞれ示す。

図 II-3

表 II-6 4 つの *Oryza collection* 内で生じた遺伝的事象

ID	Category	Description
EV01	Recombination	Between GGr02 and GG01
EV02	Substitution	G to A at EGM05
EV03	Substitution	C to T at EGM04
EV04	Substitution	C to A at EGM01
EV05	Deletion	GTTC to G at EGM02
EV06	Recombination	Between GG02 and GG04 or between GG03 and GG04
EV07	Recombination	Between GG03 and GG05
EV08	Recombination	Between GG06 and GG07

EGM01-EGM05 は表 II-3 で示したサイトを示す。

GGr02, GG01-GG07 は表 II-4 で示した GRID 遺伝子型を示す。

表 II-6

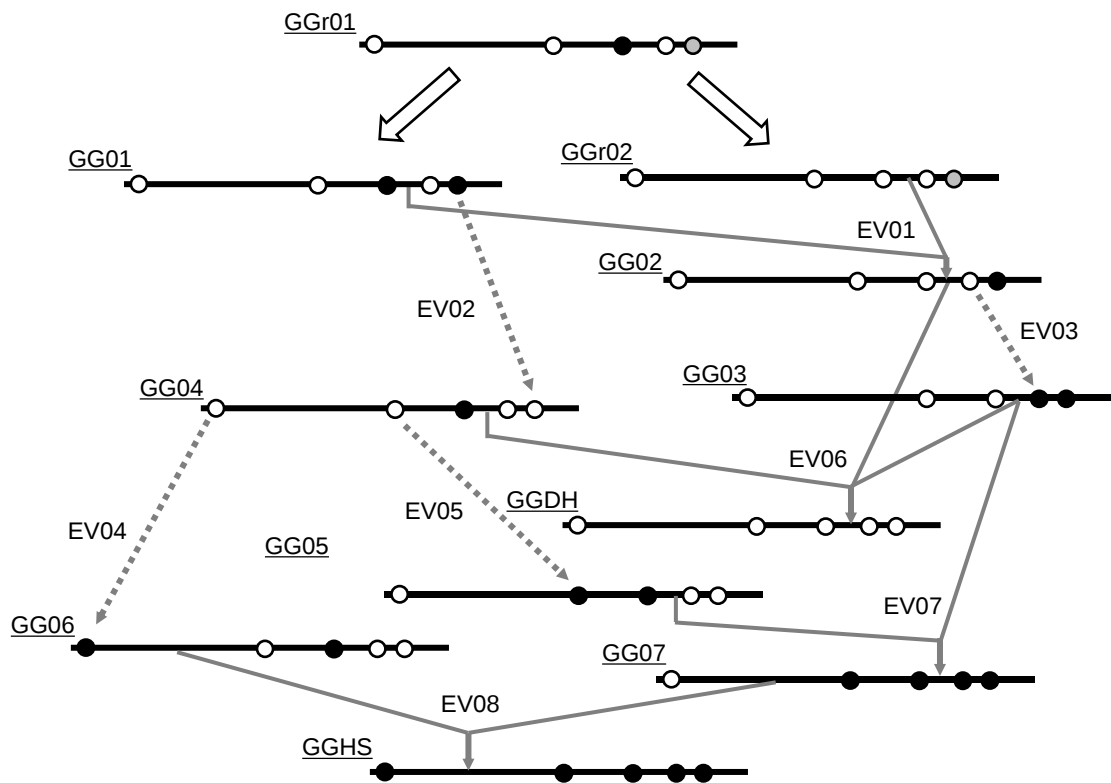


図 II-4 GRID の遺伝子型に関する進化過程モデル

実線と点線の矢印は、それぞれ置換、欠失および組換えの遺伝的事象を示す。EV01-EV08 は表 II-6 に記述されている遺伝子事象である。GRID の遺伝子型は図 II-3 に示されている。

図 II- 4

第 III 章：北海道水稻糯品種の澱粉特性の違いに関する遺伝解析

緒言

イネには粳種と糯種が存在するが、そのうち糯種は澱粉粒結合型澱粉合成酵素 I タンパク質が機能せず、アミロースを含まない (Wang *et al.* 1995)。糯種はアミロースの影響を受けないため、アミロペクチンの特性が調理加工、保存や食味の変化などの食品特性に大きく影響する。糯品種には搗いた餅の硬くなりやすさ (硬化性) が異なる様々な品種が存在し、用途に合わせた栽培が行われている。餅の硬化性の違いの原因として、アミロペクチンの鎖長分布が知られており、例えばアミロペクチンの短鎖比率が高いほど搗いた後の餅が硬くなりにくいことが報告されている (Igarashi *et al.* 2008)。アミロペクチンの鎖長分布は澱粉合成関連遺伝子の相互作用の結果として決定されるが、そこには登熟気温など環境要因も関わってくる。アミロペクチンの鎖長分布比は、登熟期の低温で短鎖比が増加することが知られており (Igarashi *et al.* 2008)、登熟期の気温が低い北海道で生産される糯品種はアミロペクチンの短鎖比率が高くなりやすく、餅の柔らかさが維持されるため和菓子などに向くとされている。北海道は糯品種の大産地として高い生産量を誇っているが、このような背景もあり餅の硬化性が低い品種の占める割合が大きい (農林水産省 令和 5 年産米の農産物検査結果 令和 6 年 3 月 31 日現在 (速報値))。一方で日本国内の餅需要は半数程が包装もちや米菓用途であり (米穀安定供給確保支援機構もち米をめぐる状況 令和 6 年 11 月)、これら用途には硬化性が高い品種が適するとされている。そこで、安定した需要の確保のため、高い餅硬化性を持つ北海道向け糯品種の開発が行われ、搗いた後の餅が硬くなりやすい特徴を持つ「しろくまもち」が 2007 年に育成された (粕谷ら 2013)。まさに生産現場の需要に育成側が応えた結果であるが、餅が硬くなりやすいという特徴の原因遺伝子が何であるか、またどこから導入されたかについては不明なままである。

アミロペクチンの鎖長分布を制御する澱粉合成遺伝子とその相互作用の解析では、形質の評価が容易なため、主に自然突然変異体および誘導変異体のうち、機能欠損変異体が利用されてきた。澱粉枝作り酵素 IIb (*SbeIIb*) 活性を欠くアミロースエクステンダー (*ae*) 変異体「EM10」の場合、アミロペクチンの短鎖 (重合度 (DP) <17) の割合が減少し、中鎖 (DP18-35) の割合が増加する (Nishi *et al.* 2001)。反対に澱粉枝作り酵素 I (*SbeI*) 活性を欠くイネ変異体は、アミロペクチンの短鎖に富み、米粉の糊化開始温度が低い (Okamoto *et al.* 2013、Sato *et al.* 2003a)。可溶型澱粉合成酵素 IIa (*SSIa*) 活性を欠くイネ変異体は、短鎖 (DP 7-9) の割合が増加し、中鎖 (DP 12-20) の割合が減少する (Umemoto *et al.* 2002)。これらの研究に基づき、近年、*SbeI* 活性を欠損した遺伝子型を持ち、餅の柔らかさが持続する「やわ恋もち (愛知糯 126 号)」 (鈴木ら 2019) や、「EM129」 (*SbeIIb* 欠損変異系統) から澱粉の性質を受け継いだ、レジスタントスターチ含量が高い「ちくし粉 85 号」 (Wada *et al.* 2018) などが開発された。機能欠損変異体を用いた解析で、

アミロペクチンの鎖長分布を制御する澱粉合成関連遺伝子の機能が明らかとなり、新たな澱粉特性を持つ品種が開発される一方で、現行優良品種間においてアミロペクチンの鎖長分布に差異を生じさせる原因遺伝子や、メカニズムは全く明らかになっていない。これは、優良品種間におけるアミロペクチンの分子構造の違いを、正確に捉えるための機器や分析方法が普及していないこと、さらにアミロペクチンの鎖長分布は、登熟期間の気温などの環境条件に影響される (Igarashi *et al.* 2008) ため、適切な解析を行うための品種や実験条件の設定が困難であることが原因と考えられる。

そこで本章では、北海道で開発された2つの糯米品種、「きたゆきもち」(品田ら 2016) と「しろくまもち」(粕谷ら 2013) を選定し、解析材料とした。「きたゆきもち」は餅の硬化性が低く、調理や低温での保管後の柔らかさを保持するために、和菓子や冷蔵スイーツに使用される。一方、「しろくまもち」は餅の硬化性が高く作業性に優れるため、切り餅や米菓などへの加工に適している。餅の硬化性は Rapid Visco Analyzer (RVA) で測定される糊化開始温度と強く関連しており、「きたゆきもち」では糊化開始温度は低く、「しろくまもち」では高い。両品種を同一環境条件下で栽培すると、到穂日数、その後の登熟日数ではほぼ同じ表現型を示すことから、登熟気温による澱粉特性への影響が少なく、糊化開始温度および餅硬化性の表現型差異の原因候補遺伝子検出に適していると考えられた。

「きたゆきもち」と「しろくまもち」を解析材料とし、米粉ペーストの糊化開始温度ならびに硬化性に関する QTL の検出を行った。さらに検出した QTL 内に存在する一塩基多型 (SNP) をターゲットとした分布解析を行い、この QTL の北海道水稻育種集団への導入過程を明らかにした。

材料および方法

1. 供試材料

北海道立総合研究機構で開発された2つの糯品種、「きたゆきもち」(品田ら、2016) と「しろくまもち」(粕谷ら、2013) を用いた。澱粉特性に関する QTL を検出するため、両品種を交配し、F₁ 個体の自殖によって F₂ 世代集団を得た。F₂ 世代 96 個体を栽培し、自殖によって F₃ 世代集団を得た。検出した QTL の分布解析には日本の本州で広く栽培された、または交配親として多く用いられた糯、粳種の計 28 品種を選定した (付表 7)。これらのイネ品種のうち一部は農業生物資源ジェンバンク

(https://www.gene.affrc.go.jp/index_ja.php) から入手した。分布解析には他にも北海道イネコアパネル (Shinada *et al.* 2014) および北海道現行優良品種を用いた (付表 7、8、9、表 III-1、III-2)。栽培環境については第三章に準ずる。「きたゆきもち」と「しろくまもち」は 2012、13、18、19 年に、F₂ 世代集団、F₃ 世代集団はそれぞれ 2018 年と 2019 年に栽培された。

表Ⅲ-1 Hokkaido Rice Core Panel 一覧

Variety	HRCP No.	Genotype	Progenies of 'Kitaake'
AKAGE	HRCP001	<i>SbeIIb</i>	
BOUZU	HRCP002	<i>SbeIIb</i>	
-	HRCP003	-	
BOUZU 6	HRCP004	<i>SbeIIb</i>	
HASHIRIBOUZU	HRCP005	<i>SbeIIb</i>	
WASEBOUZU	HRCP006	<i>SbeIIb</i>	
IBURIWASE	HRCP007	<i>SbeIIb</i>	
FUKOKU	HRCP008	<i>SbeIIb</i>	
WASEFUKOKU	HRCP009	<i>SbeIIb</i>	
NOURIN 9	HRCP010	<i>SbeIIb</i>	
NOURIN 11	HRCP011	<i>SbeIIb</i>	
TOMOENISHIKI	HRCP012	<i>SbeIIb</i>	
OUNOCHUUTOU	HRCP013	<i>SbeIIb</i>	
ISHIKARISHIROKE	HRCP014	<i>SbeIIb</i>	
EIKOU	HRCP015	<i>SbeIIb</i>	
KYOWA	HRCP016	<i>SbeIIb</i>	
HAKUCHOUMOCHI	HRCP017	<i>SbeIIb</i>	
NOURIN 15	HRCP018	<i>SbeIIb</i>	
NOURIN 19	HRCP019	<i>SbeIIb</i>	
NOURIN 20	HRCP020	<i>SbeIIb</i>	
NANEI	HRCP021	<i>SbeIIb</i>	
SHINEI	HRCP022	<i>SbeIIb</i>	
HOKKAI 112	HRCP023	<i>SbeIIb</i>	
SHINSETSU	HRCP024	<i>SbeIIb</i>	
TOMOEMASARI	HRCP025	<i>SbeIIb</i>	
NOURIN 34	HRCP026	<i>SbeIIb</i>	
HOKUTO	HRCP027	<i>SbeIIb</i>	
YUKARA	HRCP028	<i>SbeIIb</i>	
MIMASARI	HRCP029	<i>SbeIIb</i>	
SASAHONAMI	HRCP030	<i>SbeIIb</i>	
FUKUYUKI	HRCP031	<i>SbeIIb</i>	
SHIOKARI	HRCP032	<i>SbeIIb</i>	
MATSUMAE	HRCP033	<i>SbeIIb</i>	
KITAKOGANE	HRCP034	<i>SbeIIb</i>	
ISHIKARI	HRCP035	<i>SbeIIb</i>	

Variety	HRCP No.	Genotype	Progenies of 'Kitaake'
SORACHI	HRCP036	<i>SbeIIb</i>	
HAYAYUKI	HRCP037	<i>SbeIIb</i>	
KITAHIKARI	HRCP038	<i>SbeIIb</i>	
TOMOYUTAKA	HRCP039	<i>SbeIIb</i>	
HAYAKOGANE	HRCP040	<i>SbeIIb</i>	
SHIMAHIKARI	HRCP041	<i>SbeIIb</i>	
KITAAKE	HRCP042	<i>SbeIIb</i> ^{sr}	
MICHIKOGANE	HRCP043	<i>SbeIIb</i>	
TOMOHKARI	HRCP044	<i>SbeIIb</i>	
YUKIHIKARI	HRCP045	<i>SbeIIb</i>	
AYA	HRCP046	<i>SbeIIb</i>	
HAYAKAZE	HRCP047	<i>SbeIIb</i> ^{sr}	○
HAYAMASARI	HRCP048	<i>SbeIIb</i>	
KIRARA 397	HRCP049	<i>SbeIIb</i> ^{sr}	○
HONOKA 224	HRCP050	<i>SbeIIb</i>	
KITAIBUKI	HRCP051	<i>SbeIIb</i> ^{sr}	○
HOSHIMARU	HRCP052	<i>SbeIIb</i> ^{sr}	○
AKIHO	HRCP053	<i>SbeIIb</i> ^{sr}	○
HOSHINOYUME	HRCP054	<i>SbeIIb</i> ^{sr}	○
NANATSUBOSHI	HRCP055	<i>SbeIIb</i> ^{sr}	○
FUKKURINKO	HRCP056	<i>SbeIIb</i> ^{sr}	○
MINAKUCHIINE	HRCP057	<i>SbeIIb</i>	
KUROGE	HRCP058	<i>SbeIIb</i>	
YUMEPRIKA	HRCP059	<i>SbeIIb</i> ^{sr}	○
OBORODUKI	HRCP060	<i>SbeIIb</i> ^{sr}	○
HOKKAIWASE	HRCP061	<i>SbeIIb</i>	
TOYOHKARI	HRCP062	<i>SbeIIb</i>	
DAICHINOHOSHI	HRCP063	<i>SbeIIb</i> ^{sr}	○
HOKKAI 287	HRCP064	<i>SbeIIb</i> ^{sr}	○

HRCP No. は Shinada *et al.* (2014) による。

CAPS マーカー *SbeIIb* Ex3-1 により遺伝子型を識別した。

北海道農業研究センター保存種子を使用した。

表Ⅲ-1

表Ⅲ-2 北海道水稻粳優良品種一覧

Cultivar	HRCF No.	Genotype	Progenies of ‘Kitaake’	Developed year
YUKIHIKARI	HRCF045	<i>SbeIIb</i>		1984
KIRARA 397	HRCF049	<i>SbeIIb^{sr}</i>	○	1988
HOSHINOYUME	HRCF054	<i>SbeIIb^{sr}</i>	○	1996
NANATSUBOSHI	HRCF055	<i>SbeIIb^{sr}</i>	○	2001
AYAHIME		<i>SbeIIb^{sr}</i>	○	2001
FUKKURINKO	HRCF056	<i>SbeIIb^{sr}</i>	○	2003
DAICHINOHOSHI	HRCF063	<i>SbeIIb^{sr}</i>	○	2003
OBORODUKI	HRCF060	<i>SbeIIb^{sr}</i>	○	2005
HOSHIMARU	HRCF052	<i>SbeIIb^{sr}</i>	○	2006
YUMEPIRIKA	HRCF059	<i>SbeIIb^{sr}</i>	○	2008
KITAKURIN		<i>SbeIIb^{sr}</i>	○	2012
SORAYUKI		<i>SbeIIb^{sr}</i>	○	2014
EMIMARU		<i>SbeIIb^{sr}</i>	○	2018

HRCF No. は Shinada *et al.* (2014) による。

CAPS マーカー *SbeIIb* Ex3-1 により遺伝子型を識別した。

北海道農業研究センター保存種子を使用した。

表Ⅲ-2

2. 澱粉特性の分析

澱粉精製：精白米 2 g を 20 mL の 0.1%NaOH に 4°C で一晩浸漬し、乳鉢と乳棒を用いて粉碎した。粉碎した米を 70 μ m のセルストレーナー（ファルコン社製）で濾過し、中和するまで懸濁と遠心分離を繰り返して冷却した超純水（ミリ Q 水；Merck）で洗浄した。洗浄した澱粉を凍結乾燥し、メタノール中で加熱して脱脂した。

鎖長分布の分析：アミロペクチンの鎖長分布は、Yasui *et al.* (2009) に基づき、パルスアンペロメトリック検出器付き高性能陰イオン交換クロマトグラフィー（HPAEC-PAD）を用いて測定した。精製澱粉（5 mg）を 5.0 mL のミリ Q 水とともに 100°C で 1 時間、断続的に攪拌させながらゲル化させた後、室温（20-25°C）の水中で冷却した。pH4.7 の 0.5M 酢酸ナトリウム緩衝液 50 μ L、2%アジ化ナトリウム溶液 10 μ L、イソアミラーゼ 5 μ L をゲル化澱粉溶液 930 μ L に加え、40°C で 24 時間攪拌しながらインキュベートした。インキュベーション後、60 mL の 30%アンモニア水とミリ Q 水（1:4）を加えて溶液をアルカリ化し、300 mL の 1%水素化ホウ素ナトリウムと 30%アンモニア水とミリ Q 水（1:29）を加えてイソamil分解物を減少させ、チューブを一晩静置した。この溶液の 2 つの 600 mL アリコート（2 つの 2 mL 微量遠心管に移し、凍結乾燥した。150 μ L の 1M NaOH を加え、混合物をボルテックスし、1 時間放置して完全に溶解させた。その後、850 μ L のミリ Q 水で希釈した。溶液を Ultrafree-MC（0.20 μ m、Millipore）を用いてろ過した。ろ液（25 μ L）はガードカラム（内径 4 mm、650 mm）と CarboPak PA1 分析カラム（内径 4 mm、6250 mm、Dionex、Sunnyvale、CA、USA）を用いて HPAEC-PAD（ICS-3000、Dionex、Sunnyvale、CA、USA）で分離した。35°C で 0.15 M NaOH 水溶液（溶離液 A）と 0.15 M NaOH 水溶液+0.5 M 酢酸ナトリウム（溶離液 B）からなるグラジエントを流速 1.00 mL/分で行った。分離勾配は、-10-0 分（注入前）、90%A と 10%B；0-60 分、100%B への直線勾配；60-70 分、100%B であった。精米は、0.5 mm スクリーン付きサンプルミル（ZX200、Retsch GmbH、Haan、Germany）を用いて粉碎した。精米粉の水分含量は、135°C で 1 時間乾燥後の重量差として計算した。

糊化特性：糊化開始温度は、Rapid Visco Analyzer（RVA3D+、Newport Scientific Pty Ltd.、NSW、Australia）を用いて測定した。米粉懸濁液には、4.0 g の米粉と 20.5 mL のミリ Q 水（14%水分基準）を用いた。各品種（系統）の自然状態での差異を測定するため、 α -アミラーゼを不活性化せずに表現型値を測定した。プロファイル STD2 を一部改変し、95°C で 2 分間保持した。測定時はパドルの回転を一定（160 rpm）に保持した。

米粉ペーストの硬さ：RVA で糊化開始温度を測定した後、米粉ペーストを蓋付きステンレスシャーレ（ ϕ 5.0×高さ 1.5 cm）に入れ、4°C で 24 時間保存した。米粉ペーストの硬度は、20N のロードセルを備えたクリープメーター（RHEONER II RE2-33005C、山電、日本）を用いて測定した。米粉ペーストを、円筒状の樹脂プローブ（直径 16 mm）を用いて一定の変形速度（1.0 mm/s）で元の厚さの 30%まで圧縮した。硬さは、30%のひずみに必要な圧縮応力として計算した。

3. DNA 分析

ゲノム情報分析：「しろくまもち」の葉から抽出したゲノム DNA を、Illumina HiSeq 4000 によるペアエンドシーケンスに使用した。アダプター配列を削除し、低品質塩基 (quality value ≤ 30) を含むリードを削除した。BWA Burrows-Wheeler Aligner (Li and Durbin 2009)、SAMtools (Li *et al.* 2009)、Genome Analysis Toolkit (McKenna *et al.* 2010)、Picard (<http://broadinstitute.github.io/picard/>)を用いて、参照ゲノム Os-NIPPONBARE-Reference-IRGSP-1.0 (Kawahara *et al.* 2013)にアライメントした。参照ゲノム上でアライメントした後、BrakeDancer と Pindel を用いて構造変異と Indel を予測した。配列の depth が 5 未満でヘテロ接合の遺伝子型を含む多型は低品質とみなされ、サブシーケンスで削除された。デフォルト設定の SnpEff を用いて、NIPPONBARE 参照ゲノム上のイントロン、非翻訳領域 (5' または 3')、上流 (1000 bp)、下流 (500 bp)、コード配列、スプライス部位、遺伝子間領域など、ゲノム上の位置に基づいてこれらの多型を注釈付けした。「きたゆきもち」の塩基配列データは、この品種の育成権を持つ北海道立総合研究機構から提供された。「きたゆきもち」と「しろくまもち」の間には、合計 71,717 個の SNP が検出された。これらの SNP の中から、農研機構作物研究所先端ゲノム育種研究部門（現作物研究部門ゲノム育種支援室）で使用実績のある染色体全体をカバーする 96 個の SNP マーカーを抽出し、最終的に 82 個の SNP マーカーを選抜した(付表 10)。

DNA 抽出と遺伝子型決定：CTAB 法 (Murray and Thompson 1980) を用いて各個体・系統の若葉から DNA を抽出した。Fluidigm EP1 System (<https://dnatech.genomecenter.ucdavis.edu/fluidigm-ep1/>) を用いて遺伝子型を決定した。

連鎖解析、QTL 解析：連鎖解析には、MAPMAKER/EXP ver3.0 を用いた(Lander *et al.* 1987)。マーカー間の組換え頻度は、Kosambi 関数により遺伝距離に変換した(Kosambi 1944)。QTL 解析は、ソフトウェア QTL Cartographer 2.5 を用いて composite interval mapping 法により行った(Jansen and Stam 1994, Wang *et al.* 2012, Zeng 1994)。有意性を示す LOD 値は、QTL Cartographer 2.5 の permutation テストモード(1,000 回)により算出し、 $p < 0.05$ のときの閾値を上回るものを検出した。

CAPS マーカーの開発：親品種の全ゲノム配列比較によって検出した SNP の 1 つを対象に Primer3 プログラム (<https://primer3.ut.ee>) を用いて切断増幅多型配列 (CAPS) マーカー SbeIIb Ex3-1 を開発した (表 III-3)。PCR 反応混合物 (容量 15.0 μ L) は、25 ng の Total DNA、200 mM の各 dNTP、20 pmol のプライマー、および 2 Unit の Taq DNA ポリメラーゼと PCR バッファーからなる。反応は、94°C で 2 分間、94°C で 30 秒間、55°C で 30 秒間、72°C で 30 秒間を 35 サイクル、最終段階は 72°C で 7 分間行った。この CAPS マーカーの増幅産物を制限酵素 BspT107I (HgiC I) で消化し、2% アガロースゲルで電気泳動し、バンドパターンによって遺伝子型を判別した。

表Ⅲ-3 CAPS マーカー SbeⅡb Ex3-1 配列情報

Sequence	
Forward (5'→ 3')	Reverse (5'→ 3')
TTGCTTGTTGTCGCTCATTC	CTCCTGTTGGTGGGACAACT

表Ⅲ-3

結果

1.北海道水稲糯品種間の澱粉特性、米粉ペースト硬化性差異

「きたゆきもち」と「しろくまもち」のアミロペクチン鎖長分布を測定し、Hanashiro *et al.* (1996)に従ってアミロペクチン側鎖を4つのグループに分類した。「しろくまもち」のアミロペクチン鎖長分布パターンでは、「きたゆきもち」と比較して、2012年産と2013年産でDP 6-12とDP 13-24の側鎖の割合が有意に減少し、2012年産でDP 25-36の側鎖の割合が有意に増加した(表Ⅲ-4)。糊化開始温度と米粉ペーストの硬さは、それぞれ2012、18、19年産で「しろくまもち」の方が「きたゆきもち」より有意に高かった(表Ⅲ-5)。F₂集団の糊化開始温度と米粉ペーストの硬さを評価するために全染色体上に設計した82個のSNPマーカーを用いてQTL解析を行った(表Ⅲ-6、付表10)。糊化開始温度と米粉ペーストの硬さに関するQTLはどちらも第2染色体の同じ領域にのみ検出された。この領域はSNPマーカーFA0159とFA0817間の7.4 Mbpで、供試した中では同領域内のマーカーFA0802で最も高い連関が認められた。QTLのLOD値は糊化開始温度で閾値4.52に対して6.33、米粉ペーストの硬さで閾値3.41に対して4.25であった。寄与率は、糊化開始温度で41.2%、米粉ペーストの硬さで17.0%であった。「きたゆきもち」対立遺伝子型の相加効果は、糊化開始温度および米粉ペーストの硬さについてそれぞれ-0.48(°C)および-0.11(N)であった。「きたゆきもち」対立遺伝子型は糊化開始温度を下げ、米粉ペーストの柔らかさを保持した。

表Ⅲ-4 「きたゆきもち」および「しろくまもち」のアミロペクチン鎖長分布パターン

Variety	Cultivated year	DP 6 – 12 (%)	DP 13 – 24 (%)	DP 25 – 36 (%)	DP 37 – 60 (%)
Kitayukimochi	2012	26.2	47.1	11.8	14.8
Shirokumamochi		25.0	46.0	13.5	15.6
Kitayukimochi	2013	25.8	47.2	12.4	14.7
Shirokumamochi		25.1	46.3	12.9	15.7

および*はそれぞれ t 検定による有意差 1%および 0.1%水準を意味する。

表Ⅲ-4

表Ⅲ-5 「きたゆきもち」と「しろくまもち」の澱粉特性比較

Variety	Cultivated year	Pasting temperature (°C)	Hardness (N)
Kitayukimochi	2012	62.8	2.16
Shirokumamochi		63.6	2.46
Kitayukimochi	2018	61.8	2.14
Shirokumamochi		63.5	2.47
Kitayukimochi	2019	66.7	2.17
Shirokumamochi		67.8	2.52

＊、＊＊および***はそれぞれ t 検定による有意差 5%、1%および 0.1%水準を意味する。

表Ⅲ-5

表Ⅲ-6 糊化開始温度と餅ペーストの硬さに関連する QTL

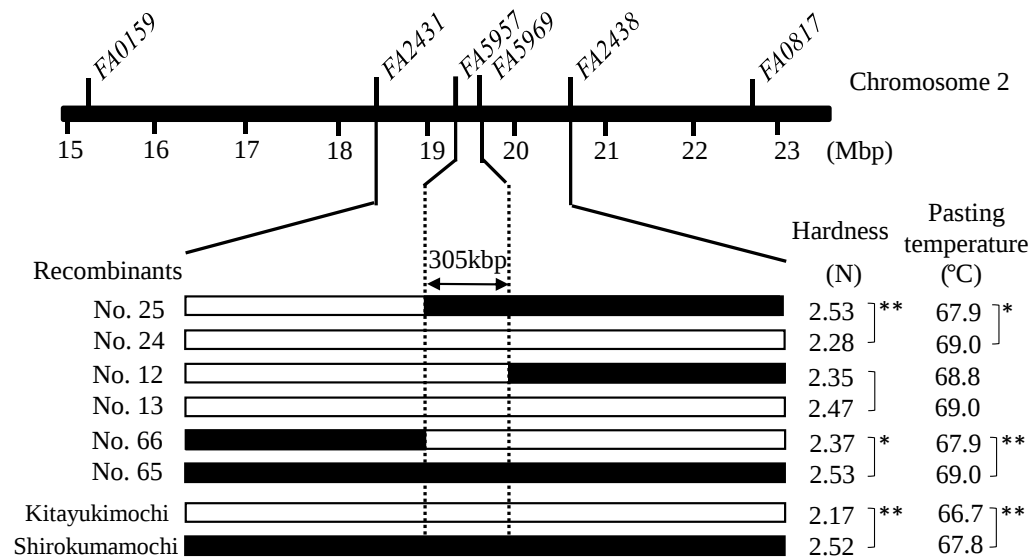
Nearest Marker	Chromosome	Position (Mbp)	LOD	Var.exp (%)	Additive Effect ^a	Phenotype
FA3224	9	1.3 – 8.9	23.2	74.3	-1.87 (%)	Amylose content
FA0803	2	16.8 – 22.4	14.1	57.7	-0.47 (°C)	Pasting temperature

^a 「きたゆきもち」型の相加効果を示す。

表Ⅲ-6

2.原因遺伝子領域のファインマッピングとスクリーニング

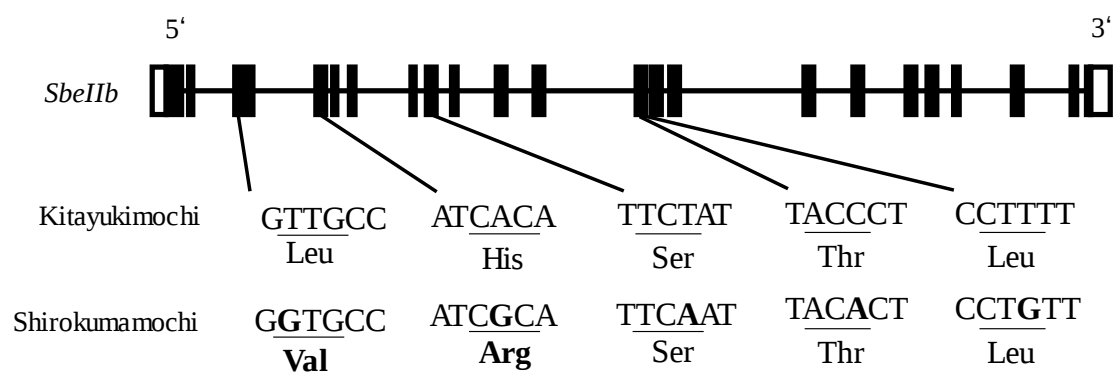
F₃ 世代個体を用いて、澱粉特性と米粉ペーストの硬化性に関わる領域を絞り込んだ。マーカーFA2431 と FA2438 の間 (2.4Mbp) で、遺伝的組換えの生じた個体由来の 6 系統を、さらに 52 の SNP マーカーを用いて遺伝子型を決定し、それぞれの澱粉特性を比較した。F₃ 世代個体のうち 25 番と 24 番、12 番と 13 番、66 番と 65 番の各組は同じ F₂ 組換え個体に由来する。FA5957 と FA5969 の 2 つのマーカーの遺伝子型は、糊化開始温度と米粉ペーストの硬さに関連しており、両マーカー間 305kbp の領域を原因遺伝子座乗候補領域とした (図Ⅲ-1)。候補遺伝子のスクリーニングには、MSU Rice Genome Annotation Project データベースを用いた。MSU では、イネの参照ゲノム配列である「日本晴」配列において、この 305kbp 領域内に 34 のタンパク質コード遺伝子を予測しており、34 の候補遺伝子のうち 1 つの遺伝子が澱粉枝作り酵素 IIb (*SbeIIb*; Os02g32660.1) をコードしている。*SbeIIb* は 22 のエクソンからなる全長 1914bp で、638 アミノ酸残基のタンパク質をコードしている。*SbeIIb* はアミロペクチン伸長に関わることが知られており、有力な原因候補遺伝子と考えられた。両親品種のゲノム配列を比較すると、「きたゆきもち」の *SbeIIb* の配列は「日本晴」と同じであった (附表 11)。一方で「しろくまもち」にはエクソンに 5 つの塩基置換が存在し、その中でも第 3 エクソンの T-to-G (Leu94Val) 変異と第 4 エクソンの A-to-G (His196Arg) 変異は非同義置換を生じると予測された (図Ⅲ-2)。第 3 エクソンの T-to-G 変異は制限酵素 BspT107I (HgiC I) の認識部位を生成したため、遺伝子型を簡便に識別可能な CAPS マーカー *SbeIIb* Ex3-1 (表Ⅲ-3、図Ⅲ-3) を開発した。*SbeIIb* Ex3-1 により識別される「しろくまもち」型の *SbeIIb* 遺伝子型を *SbeIIb^{sr}* と命名した。



図Ⅲ-1 F₃系統を用いたマッピングおよび後代検定

マーカーFA2431とFA2438の間の組換え体を96のF₂個体から選抜し、その自殖後代の表現型を調査した。白棒はきたゆきもち型、黒棒はしろくまもち型であることを示す。25番と24番、12番と13番、66番と65番の各組は同一のF₂組換え個体に由来する。*および**はそれぞれt検定による有意差1%および0.1%水準を意味する。

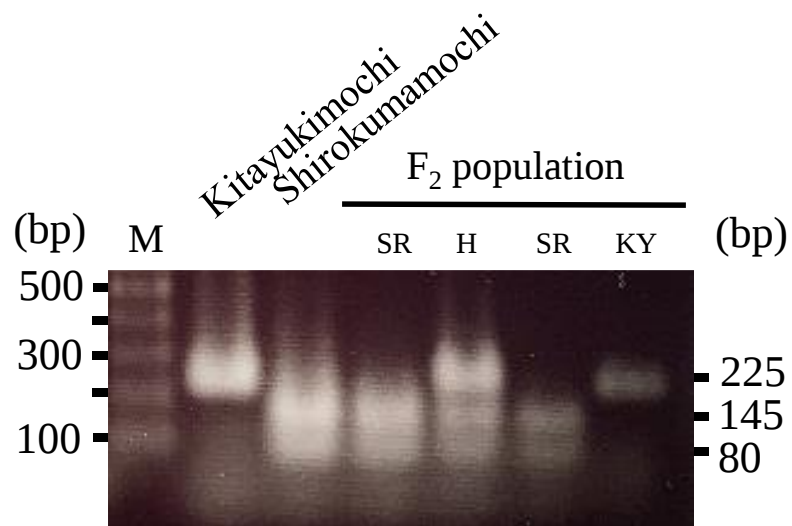
図Ⅲ-1



図Ⅲ-2 *SbeIIb* 遺伝子配列比較

白箱は非翻訳領域を、黒箱はエクソンをそれぞれ示す。文字はそれぞれエクソンとイントロンの DNA 配列を示す。翻訳されたアミノ酸は DNA 配列の下に示されている。置換された塩基およびアミノ酸は太文字で示す。

図Ⅲ-2



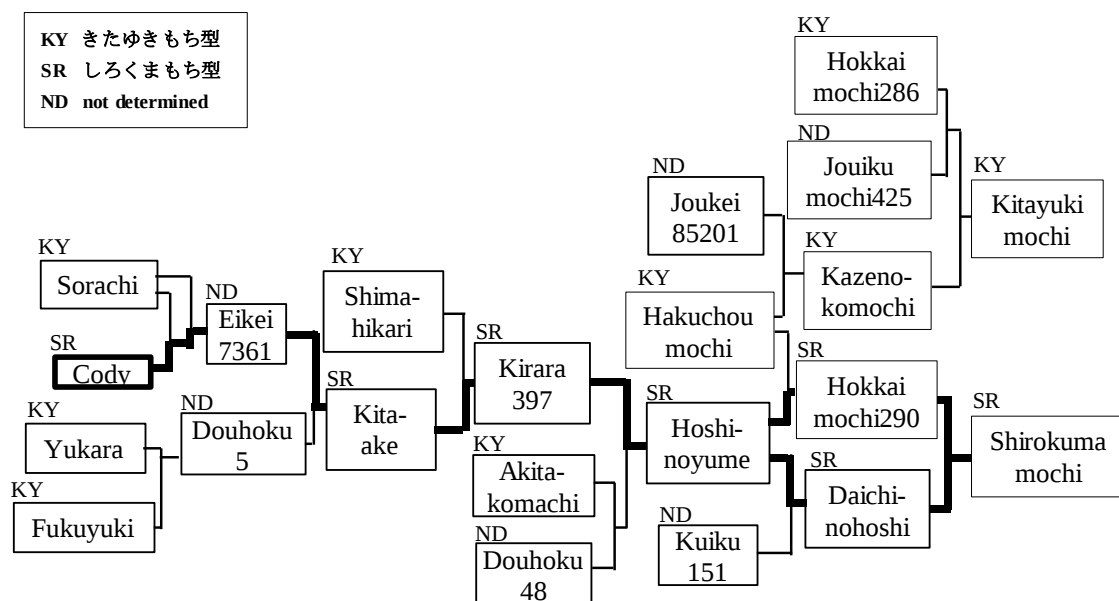
図Ⅲ-3 制限酵素処理した増幅産物の泳動像

増幅産物のサイズは右側に示されている。KY はきたゆきもちと同じ 225bp のバンドが、SR はしろくまもちと同じ切断された 145bp と 80bp の 2 本のバンドが、H はヘテロ型として 225bp、145bp と 80bp の 3 本のバンドが検出されることを意味する。M はサイズマーカー。

図Ⅲ-3

3. 原因候補遺伝子上の SNP をターゲットとした分布解析

CAPS マーカー *SbeIIb* Ex3-1 を用いて糊化開始温度と米粉ペーストの硬さに関与する原因候補遺伝子型の分布を調査した。日本の本州で栽培面積の大きい、または過去に品種育成に広く活用された代表的なイネ 28 品種（糯 17 品種、粳 11 品種）からは、遺伝子型 *SbeIIb^{sr}* は検出されなかった（付表 7）。TASUKE データベース (<https://ricegenome-corecollection.dna.affrc.go.jp/>) を参照して日本在来イネコアコレクション (JRC) の *SbeIIb* 遺伝子型を比較すると、Indica として分類されている JRC42「唐干」にのみ、*SbeIIb* のエクソン上に「しろくまもち」と同じ SNP が存在した。一方で「唐干」の *SbeIIb* のイントロン上の他の SNP は「しろくまもち」と完全には一致しなかった。北海道水稲品種コアパネル (63 品種)、北海道現行優良品種 16 品種（うち 10 品種はコアパネルと重複）、および「しろくまもち」の系譜上の祖先品種を解析した結果、*SbeIIb^{sr}* は交配によってアメリカ品種「Cody」から「キタアケ」を通じて北海道水稲品種群に導入され、「キタアケ」の子孫品種にのみ存在することが示唆された。さらに *SbeIIb^{sr}* は「キタアケ」を系譜上の親に持つ北海道の 12 の粳米現行優良品種すべてに導入されていた（表Ⅲ-1、Ⅲ-2、図Ⅲ-4、付表 8、9）。



図Ⅲ-4 「きたゆきもち」と「しろくまもち」の系譜図

品種・系統名の上に CAPS マーカー *SbeIIb* Ex3-1 による遺伝子型判別結果を示した。
太線は予想される *SbeIIb^{sr}* の導入経路。

図Ⅲ-4

考察

北海道水稲糯品種間には搗いた後の餅の硬化性に違いがあることは知られていたが、その原因は明らかではなかった。本研究により、品種間差異の原因の1つと考えられる染色体領域が明らかとなったことは、育種集団の初期世代での選抜や遺伝子集積による形質改良に貢献し得る成果である。

北海道水稲糯品種「きたゆきもち」と「しろくまもち」間で、アミロペクチン鎖長分布パターン、糊化開始温度、米粉ペーストの硬さにそれぞれ有意な差が認められた。糊化開始温度と米粉ペーストの硬さの測定値は栽培年によって異なったものの、同年産同士の比較では常に「しろくまもち」の方が「きたゆきもち」よりも糊化開始温度が高く、米粉ペーストが硬かった（表III-5）。餅の硬化性にはアミロペクチン構造に加え、アミラーゼ活性やサンプルの保存状態等も影響するため、栽培年次の異なるサンプル間比較で糊化開始温度や米粉ペーストの硬さが必ずしも近似した値を示さないのは納得できる結果である。

両品種を交配親とした F₂ 世代集団を用いた糊化開始温度と米粉ペーストの硬さに関する QTL 解析からは、両形質に共通する単一の QTL が検出され（表III-6）、F₃ 世代組換え個体を用いた追加マッピングにより、305kbp の原因遺伝子座乗候補領域が明らかになった（図III-1、付表 10）。このことは両形質に共通する単一の遺伝要因が関与していることを示唆した。この候補領域内には、澱粉合成時にアミロペクチンクラスター内の短鎖形成に関与する澱粉枝作り酵素である *SbeIIb* (Nishi *et al.* 2001) が座乗していた。アミロースエクステンダー (*ae*) 変異体である粳米変異体「EM10」は、*SbeIIb* 機能欠損の結果、アミロースとアミロペクチンの枝が野生型よりも長くなり、野生型よりもアミロペクチン短鎖割合が減少し、高い糊化開始温度を示すことが知られている (Butardo *et al.* 2011、Mizuno *et al.* 1993、Nishi *et al.* 2001、Satoh *et al.* 2003b、Yano *et al.* 1985)。この傾向は「しろくまもち」が示す澱粉特性と類似しており、また「しろくまもち」*SbeIIb* 遺伝子配列上にはアミノ酸置換を伴うと予測される塩基変異も見つかったことから、「きたゆきもち」と「しろくまもち」間の澱粉特性の違いは、*SbeIIb* 遺伝子の改変に由来する可能性が示唆され、有力な原因遺伝子と考えられた。なお、本論文では冗長な表現を避けるため以降原因遺伝子座乗候補領域という意味の「*SbeIIb* を含む 305kb の染色体領域」を「*SbeIIb*」と表現し、「しろくまもち」遺伝子型を「*SbeIIb^{sr}*」、きたゆきもち」遺伝子型を「*SbeIIb*」とする。

「しろくまもち」遺伝子型である *SbeIIb^{sr}* はアメリカ品種「Cody」から北海道水稲粳品種「キタアケ」に導入され、「キタアケ」の子孫であり北海道優良品種の「きらら 397」、「ほしのゆめ」、「大地の星」などを経て「しろくまもち」に導入されたことが示唆された（図III-4）。ここで注目すべきは糯品種・系統に *SbeIIb^{sr}* が最初に導入されたのは「きたゆきもち」の祖先でもあり餅の硬化性が低い「はくちょうもち」と粳品種「ほしのゆめ」との交配であった点である。「ほしのゆめ」は糯品種ではないため、この交配の目的は、糯品種「はくちょうもち」の澱粉特性を改良することではなく、収量、耐冷性、玄米外観品

質など他の農業形質を改良することであったと推測される。それにもかかわらず、この交配後代から糊化開始温度と餅硬化性の高い糯系統「北海糯 290 号」が選抜されたことは、育種家にとって予想外の結果であったと言えるかもしれない。*SbeIIb^{sr}*の由来は外来遺伝資源である「Cody」との交雑であるが、「キタアケ」および「しろくまもち」の育成年次から考えると、搗いた餅が硬化しやすいという特徴で糯品種として選抜されるまで、導入から 40 年以上の年月が経過していたと考えられる。一方で *SbeIIb^{sr}* は、「キタアケ」とほぼ同時期に育成された「ゆきひかり」を除く、北海道のすべての水稻粳現行優良品種に導入されていた(表Ⅲ-2)。北海道水稻育種においては糯品種・系統を除き糊化開始温度や米粉ペーストの硬さについての積極的な選抜は実施されておらず、粳品種においてこのような遺伝子型の分布の偏りが生じた理由は不明である。Shinada *et al.* (2014)は、「キタアケ」が北海道イネ集団の遺伝的グループの分化の原因となった重要な品種であることを示唆し、この遺伝的グループと他のグループとを比較して、発芽時低温耐性、アミロース含有率、一穂粒数などの表現型において有意な差異を示すと報告した。*SbeIIb^{sr}*周辺の遺伝領域が、「キタアケ」の持つなんらかの有用形質と強く連鎖しており、選抜されてきた可能性がある。今後の研究により、本研究で同定された候補領域が、遺伝的分化や表現型の変化に関連しているかそうでないのかが明らかになるであろう。また、選抜が意図的かどうかにかかわらず、*SbeIIb^{sr}*は糊化開始温度や米粉ペーストの硬さといった澱粉特性に影響を与えるため、糯品種だけでなく粳品種の炊飯米食味特性に対する影響を明らかにする必要性が生じた。

第 IV 章：澱粉特性に関わる 2 つの遺伝因子が水稻粳品種の食味特性に与える影響

緒言

澱粉の性質は、穀物の食味品質と加工特性の主な決定要因である。イネの場合、アミロース含有率とアミロペクチン分枝の鎖長分布が、澱粉の物理化学的性質と糊化および老化による調理特性を決定する。

イネの *Waxy* 遺伝子 (*Wx*; Os06g04200) は顆粒結合型澱粉合成酵素 I をコードし、アミロース合成を制御することにより胚乳のアミロース含有率を決定する (Sano 1984)。アミロース含有率は炊飯米の硬さに大きく影響し、アミロース含有率が高いと硬さが増し、低いと硬さが減る。日本では炊飯米は柔らかい食感が好まれ、品種育成過程ではアミロース含有率を低くすることで米の食味が改善されてきた (稲津 1988)。*Wx* 対立遺伝子型として、高いアミロース含有率を示す *Wx-a*、日本型品種に広く分布し中程度のアミロース含有率を示す *Wx-b*、アミロースを合成しない機能欠損型の *wx* などが自然変異として同定されている。この他に *Wx-b* よりも低いアミロース含有率を示す *Wx-mq*、*Wx1-1*、*Wx-y* などの対立遺伝子型が品種育成過程で作出、選抜されてきた (Ando *et al.* 2010、中場ら 2006、Sato *et al.* 2002)。その他 *Wx* 対立遺伝子に加え、*qAC2*、*qAC9.3* などがイネのアミロース含有率を制御する QTL として報告されている (Ando *et al.* 2010、Takemoto-Kuno *et al.* 2015)。*qAC2* の「空育 162 号」由来対立遺伝子型である *qAC2^{Kuiku}* を持つ NIL 系統は、ジャポニカ品種の遺伝的背景において野生型より 1.1% 低いアミロース含有率を示した (Takemoto-Kuno *et al.* 2015)。北海道の水稻品種から見出された *qAC9.3* は、「北海 PL9」遺伝子型保有系統においてアミロース含有率を 2.6% 低下させる (Ando *et al.* 2010)。これら QTL は、アミロース含有率の低下程度が既報の *Wx* 対立遺伝子型よりも小さく、イネの品種育成過程におけるアミロース含有率の微調整に有用であると考えられる。しかし、QTL の導入によって、糊化開始温度やアミロペクチン鎖長分布など、アミロース以外の澱粉特性に差異が生じるかどうかや、澱粉特性に関わる他の遺伝子とどのように影響しあうかについては不明である。

澱粉枝作り酵素 (BE) はアミロペクチンの分岐を生成する。植物には *BEI* と *BEII* の 2 種類の BE が存在し、イネからは *BEI*、*BEIIa*、*BEIIb* の変異株が単離されている (Nakamura 2002、Nishi *et al.* 2001、Satoh *et al.* 2003a, 2003b)。第 III 章で北海道の水稻糯品種間の澱粉特性の違いの候補遺伝子として、澱粉分枝作り酵素 IIb (*SbeIIb*) が第 2 染色体上に同定された。アメリカ品種「Cody」に由来する *SbeIIb^{sr}* を持つ水稻糯品種・系統は、アミロペクチンの鎖長分布が変化し、短鎖 (DP 6-24) 割合が減少し長鎖 (DP 25-60) 割合が増加した。その結果高い糊化開始温度を示し、米粉ペーストが硬くなりやすい。*SbeIIb^{sr}* は品種育成によって北海道のほとんどの水稻粳優良品種に導入されているが、粳品種・系統の炊飯米食味特性に及ぼす影響は不明である。

低アミロース性を示す「北海 PL9」型 *qAC9.3* および *SbeIIb^{sr}* は北海道水稲育種集団において食味や加工適性を特徴づけるユニークな遺伝因子であるが、それぞれ澱粉特性に与える影響について不明な部分が多く、またこれらの遺伝因子を集積した際にどのような表現型を示すかは明らかにされていない。

そこで本章では、北海道で作出された水稲粳品種「きたげんき」と、同じく水稲粳育成系統「北海 332 号」を材料として解析を行った。「きたげんき」は極めて高い収量性を示す多収品種であるが、「北海 PL9」型 *qAC9.3* を含まずアミロース含有率が高く、炊飯米が硬い（池ヶ谷ら 2017、Yagioka *et al.* 2021）。さらに *SbeIIb^{sr}* を持ち糊化開始温度も高い。一方、「北海 PL9」型 *qAC9.3* と *SbeIIb* を持つ育成系統「北海 332 号」は、アミロース含有率が低く、炊飯米は柔らかく糊化開始温度も低い。「きたげんき」と「北海 332 号」の交配後代 F₅ 世代の分析によって、粳品種における *SbeIIb* の遺伝子型がアミロース含有率へ与える影響を明らかにし、アミロース含有率を制御する *qAC9.3* の遺伝子型がアミロペクチン鎖長分布比に及ぼす影響を調べた。さらに、2 つの遺伝因子の組み合わせと澱粉特性との関係性を明らかにした。なお、本研究では以降 *qAC9.3* を低アミロース性の「北海 PL9」型で持つ品種・系統の場合 *qAC9.3* (+)、そうでない場合 *qAC9.3* (-) と表記する。

材料および方法

1. 供試材料

北海道農業研究センターで開発された粳品種「きたげんき」と、食味に優れる粳育成系統「北海 332 号」を用いた。澱粉特性に関する QTL を検出するため、両品種の交配に由来する F₅ 世代 96 系統を得た。F₅ 系統は各系統 16 個体が 2020 年に栽培された。栽培環境については第 II 章に準ずる。

2. 澱粉特性の分析

澱粉の精製、鎖長分布の分析、糊化特性については第 III 章に準ずる。

炊飯米の硬さ測定：測定に用いた炊飯米は芦田(吉田)ら(2020)が報告した RVA 缶と炊飯器を使用する方法で炊飯した。硬さの測定には 20N のロードセルを備えたデジタルフォースゲージと測定スタンド (DST-2N と MX-500N、イマダ、日本)を用いた。単一の圧縮力-時間プログラムを用いて、0.5 mm/s の試験速度で炊飯米を上部から圧縮し、その後元の位置に戻した。圧縮には直径 10 mm のステンレス製プローブ (P/5) を使用した。試験サンプルは底面上 8.0 mm の位置まで水平に圧縮され、圧縮時のピーク応力を硬さとした。測定は同じサンプルについて 3 回繰り返し、サンプルは親品種・系統とすべての F₅ 系統について 3 反復作成した。

3. DNA 分析

ゲノム情報取得、DNA 抽出と遺伝子型決定、連鎖解析および QTL 解析は第Ⅲ章に準ずる。F₅ 系統の遺伝子型決定には 189 の SNP マーカーを供試した。Ando *et al.* (2010)に従い、RM23804 を *qAC9.3* の遺伝子型決定に用いた。CAPS マーカー *SbeIIb* Ex3-1 と制限酵素 BspT107I (HgiC I)を用いた *SbeIIb* 遺伝子型判定は第Ⅲ章の方法に準じた。

結果

1. 「きたげんき」と「北海 332 号」間の澱粉特性差異の QTL 解析

「きたげんき」と「北海 332 号」のアミロース含有率と糊化開始温度は、それぞれ 22.9%と 72.2°C、16.5%と 71.2°Cであった (表Ⅳ-1)。F₅ 系統における表現型を見ると、アミロース含有率は 16.1~24.5%、糊化開始温度は 70.5~72.8°Cで連続的に分布していた (図Ⅳ-1)。澱粉特性は登熟気温の影響を受けることが知られているため、出穂日の違いによる影響の有無を検証した。両親品種を含む F₅ 系統の出穂日の範囲は、7 月 18 日から 7 月 29 日までの 12 日間であった。出穂後 20 日間の平均気温は、7 月 21 日出穂で最も低い 20.8°C、7 月 29 日出穂で最も高い 21.9°Cであった。出穂までの日数とアミロース含有率、糊化開始温度の間には関係は見られなかった (図Ⅳ-2)。合計 189 の SNP マーカーを用いて F₅ 系統のアミロース含有率と糊化開始温度に関する QTL 解析を行った (表Ⅳ-2、付表 12)。アミロース含有率の QTL は 9 番染色体上の SNP マーカー FA6423 と FA0535 の間 7.6Mbp の領域にのみ検出され、最近傍マーカー FA3224 は *qAC9.3* の SSR マーカーである RM23804 から 96kbp の位置にあった。糊化開始温度の QTL は 2 番染色体上の SNP マーカー FA1962 と FA2444 の間 5.6 Mbp の領域にのみマッピングされ、最近傍マーカー FA0803 は *SbeIIb* のエクソン上に設計した CAPS マーカー *SbeIIb* Ex3-1 から 136 kbp の位置にあった。QTL の LOD 値はアミロース含有率で閾値 4.5 に対して 23.2、糊化開始温度で閾値 4.7 に対して 14.1 であった。表現型への寄与率はアミロース含有率で 74.3%、糊化開始温度で 57.7%であった。「北海 332 号」遺伝子型の相加効果は、アミロース含有率で -1.87 (%)、糊化開始温度で -0.47 (°C)で、アミロース含有率と糊化開始温度を低下させた。

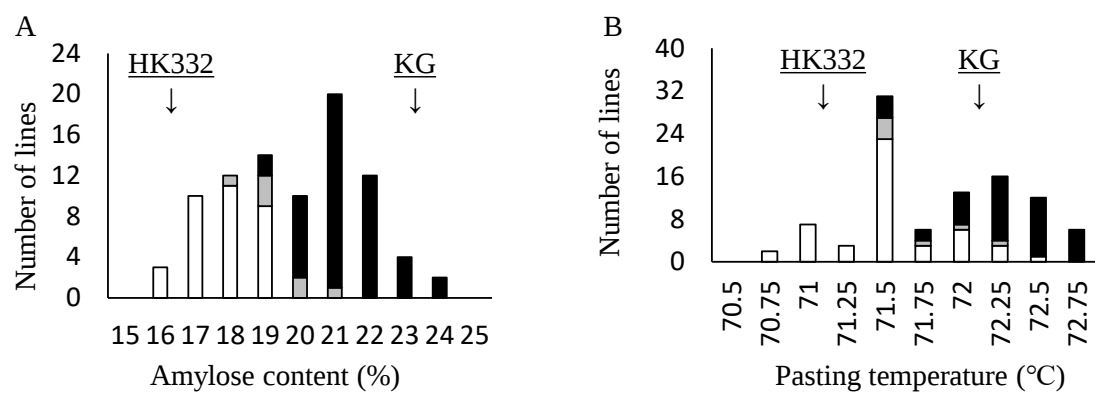
表IV-1 両親品種・系統のアミロース含有率と糊化開始温度

Variety/Strain	AC (%)	PT (°C)	Genotype	
			<i>qAC9.3</i>	<i>SbeIIb</i>
Hokkai332	16.5	71.2	<i>qAC9.3</i> (+)	<i>SbeIIb</i>
Kitagenki	22.9	72.2	<i>qAC9.3</i> (-)	<i>SbeIIb</i> ^{sr}

AC; アミロース含有率

PT; 糊化開始温度

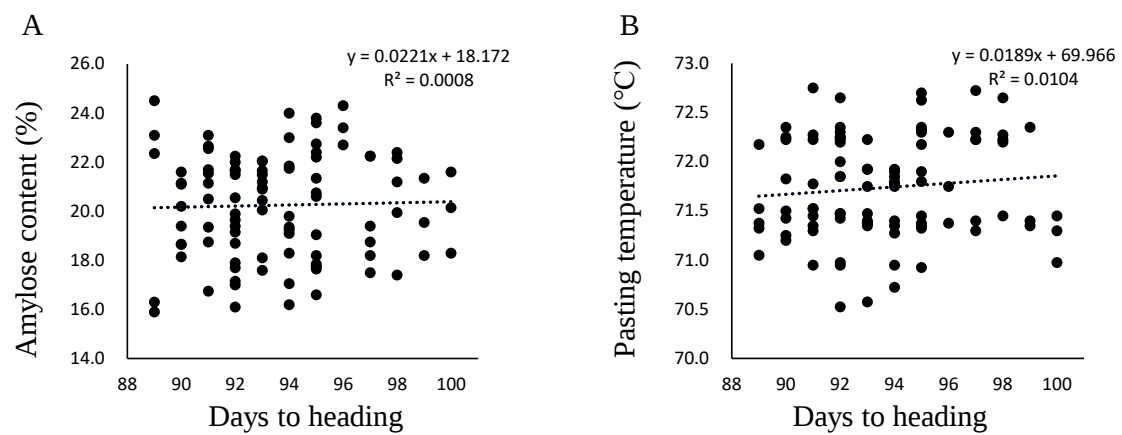
表IV-1



図IV-1 F₅系統の表現型分布

A. アミロース含量 黒、白、灰色の棒はそれぞれマーカーRM23804がKG、HK332、ヘテロ型であることを示す。B. 糊化開始温度 黒、白、灰色の棒はそれぞれマーカーSbeIIb Ex3-1がKG、HK332、ヘテロ型であることを示す。図中の矢印はKG、HK332それぞれの平均値を示す。KG：「きたげんき」、HK332：「北海 332 号」。

図IV-1



図IV-2 F₅系統における到穂日数と澱粉特性の関係

A. アミロース含有率、B. 糊化開始温度、黒点は F₅ 個体を示す。

図IV-2

表IV-2 アミロース含有率と糊化開始温度に関連する QTL

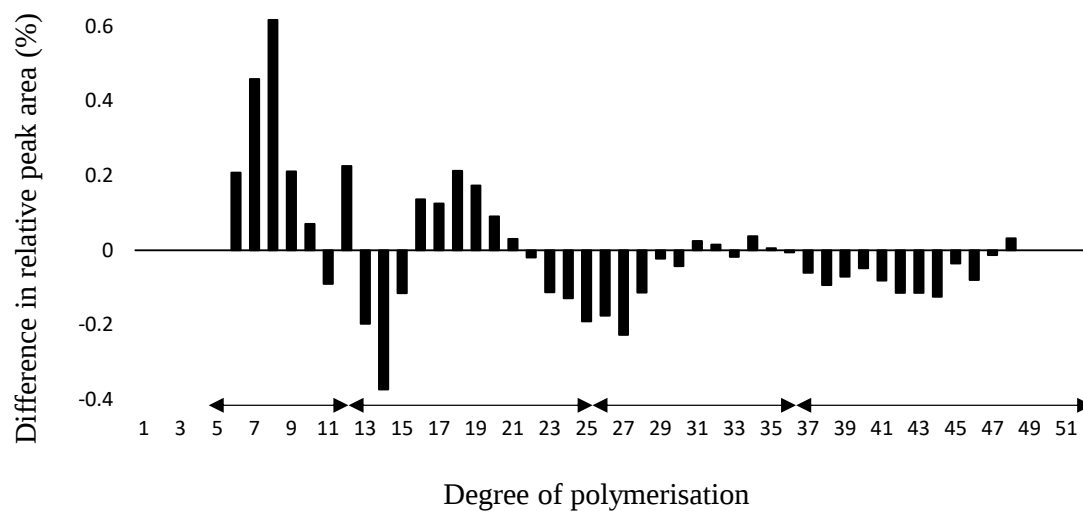
Nearest Marker	Chromosome	Position (Mbp)	LOD	Var.exp (%)	Additive Effect ^a	Phenotype
FA3224	9	1.3 – 8.9	23.2	74.3	-1.87 (%)	Amylose content
FA0803	2	16.8 – 22.4	14.1	57.7	-0.47 (°C)	Pasting temperature

^a「北海 332 号」型の相加効果を示す。

表IV-2

2. アミロペクチン鎖長分布パターン

「きたげんき」と「北海 332 号」のアミロペクチン側鎖は第IV章と同じく Hanashiro *et al.* (1996)に従い 4 つのグループに分類された。「北海 332 号」のアミロペクチン鎖長分布パターンでは、「きたげんき」と比較して、DP 6-12 の側鎖の割合が有意に増加し、DP 25-36 および DP 37-の側鎖の割合が有意に減少した (図IV-3、表IV-3)。F₅ 系統の鎖長分布を測定し、*qAC9.3* と *SbeIIb* の遺伝子型によって分類し、分布割合の差を図示した (図IV-4、表IV-4)。なお *qAC9.3* または *SbeIIb* の遺伝子型がヘテロ接合型であった系統は以降の解析から除外した。*qAC9.3* (+) と *qAC9.3* (-) との比較では、長鎖である DP25-36 および DP37-の側鎖の割合が *qAC9.3* (+) の系統で有意に増加した (図IV-4a、表IV-4)。また遺伝子型が *SbeIIb* の系統では、短鎖である DP 6-12 の側鎖の割合が *SbeIIb^{sr}* の系統よりも有意に高かった。一方で DP 13-24 の側鎖の割合は有意に減少した (図IV-4b、表IV-4)。*qAC9.3* と *SbeIIb* の両遺伝子型について親品種である「きたげんき」(*qAC9.3* (-) , *SbeIIb^{sr}*)もしくは「北海 332 号」(*qAC9.3* (+) , *SbeIIb*)と同じ遺伝子型を持つ F₅ 系統は、アミロペクチン鎖長分布の比較において親系統とは異なるパターンを示したが、遺伝子型に応じたアミロース含有率および糊化開始温度を示した (表IV-4)。また、親品種と異なる遺伝子型の系統 (*qAC9.3* (+)、*SbeIIb^{sr}*) と (*qAC9.3* (-)、*SbeIIb*) を比較した場合もアミロース含有率と糊化開始温度は遺伝子型に対応した。



図IV-3 「きたげんき」と「北海 332 号」のアミロペクチン

鎖長分布比較

縦軸、2 品種・系統間の差は「きたげんき」の各鎖長の比率を「北海 332 号」の各鎖長の比率から引いて計算した。値は 2 反復の平均値。黒矢印は Hanashiro *et al.* (1996)によって分類された 4 つのグループを示す。

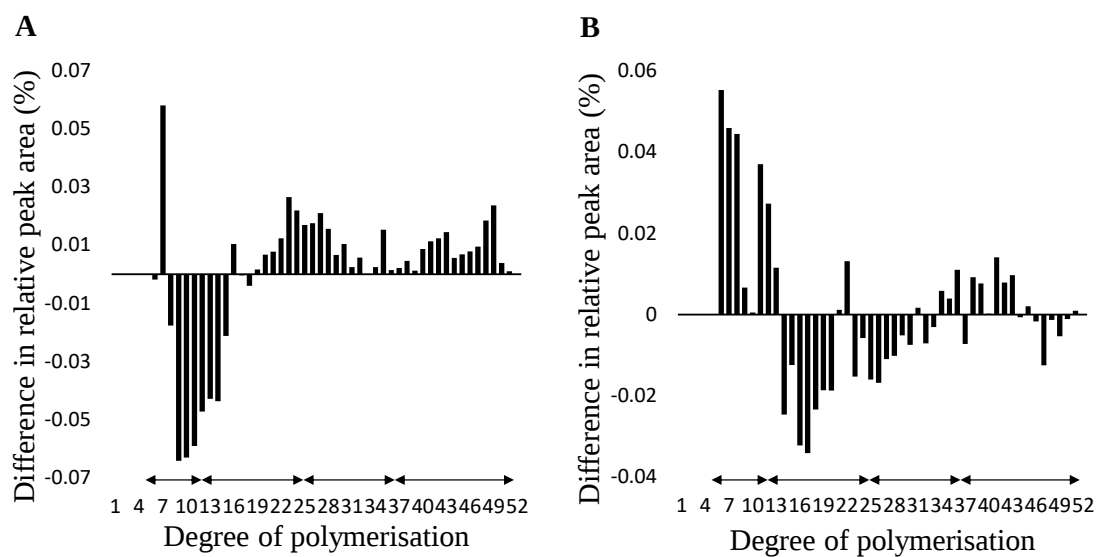
図IV-3

表IV-3 「北海 332 号」 および「きたげんき」のアミロペクチン鎖長分布パターン

Variety/Strain	DP 6 – 12 (%)	DP 13 – 24 (%)	DP 25 – 36 (%)	DP 37 – 60 (%)
Hokkai 332	32.9]*	54.4	9.8]*	3.0]***
Kitagenki	32.0]	54.5	10.2]	3.4]

*および***はそれぞれ t 検定による有意差 5%、0.1%水準を意味する。

表IV-3



図IV-4 F₅系統の遺伝子型別アミロペクチン鎖長分布比較

A. *qAC9.3*, B. *SbeIIb* 縦軸、遺伝子型間の差は「北海 332 号」遺伝子型系統の各鎖長の比率を「きたげんき」遺伝子型系統の各鎖長の比率から引いて計算した。値は系統の平均値。黒矢印は Hanashiro *et al.* (1996) によって分類された 4 つのグループを示す。

図IV-4

表IV-4 遺伝子型別 F₅ 系統の鎖長分布比較

Genotype	Number	AC	PT	Amylopectin chain length distribution			
				DP 6 – 12 (%)	DP 13 – 24 (%)	DP 25 – 36 (%)	DP 37 – 60 (%)
<i>qAC9.3</i> (+)	34	18.2	71.6	32.2	54.5	10.1	3.2
<i>qAC9.3</i> (-)	45	21.8	71.8	32.4	54.5	10.0	3.1
<i>SbeIIb</i>	45	20.4	71.4	32.4	54.4	10.1	3.1
<i>SbeIIb</i> ^{SR}	34	20.4	72.1	32.2	54.6	10.1	3.1
<i>qAC9.3</i> (+), <i>SbeIIb</i>	23	18.2	71.5	32.3	54.3	10.2	3.3
<i>qAC9.3</i> (-), <i>SbeIIb</i> ^{SR}	23	21.8	72.2	32.3	54.5	10.1	3.1
<i>qAC9.3</i> (+), <i>SbeIIb</i> ^{SR}	11	18.3	72.1	32.1	54.6	10.1	3.2
<i>qAC9.3</i> (-), <i>SbeIIb</i>	22	21.8	71.3	32.5	54.4	10.0	3.1

＊、＊＊および***はそれぞれ t 検定による有意差 5%、1%、0.1%水準を意味する。

AC; アミロース含有率

PT; 糊化開始温度

表IV-4

3. 炊飯米の硬化性

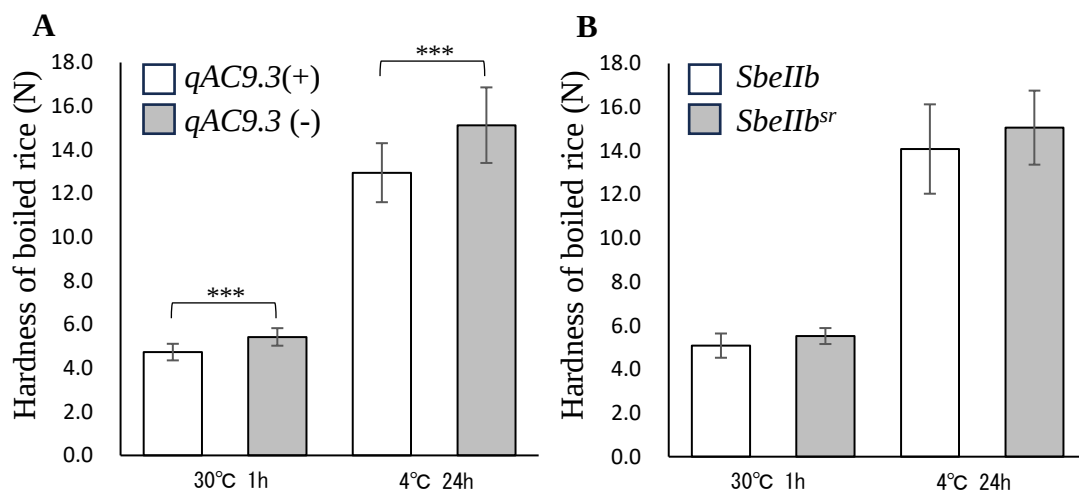
炊飯米の硬さの値は炊飯後 30°C で 1 時間静置後、4°C で 24 時間静置後の 2 つの条件で測定し、どちらの条件でも「きたげんき」の方が「北海 332 号」よりも硬かった(表IV-5)。遺伝子型による硬さへの影響を調査するため、F₅ 系統を遺伝子型で分類すると、*qAC9.3* (+) の F₅ 系統の硬さの平均値 (30°C : 4.7N、SD±0.4、4°C : 12.8N、SD±1.5) は、*qAC9.3* (−) の F₅ 系統の平均値 (30°C : 5.5N、SD±0.4、4°C : 15.0N、SD±1.7) よりも有意に低かった (図IV-5A)。一方で、*SbeIIb^{sr}* の F₅ 系統 (30°C : 5.3N、4°C : 14.3N) と *SbeIIb* の F₅ 系統 (30°C : 5.1N、4°C : 14.1N) の間で有意差はなかった (図IV-5B)。

表IV-5 両親品種・系統の炊飯後の硬さの比較

Variety/Strain	30 °C 1 h (N)	4 °C 24 h (N)
Hokkai 332	4.2	11.3
Kitagenki	6.2	15.3

***は t 検定による有意差 0.1%水準を意味する。

表IV-5



図IV-5 炊飯米の硬さの遺伝子型間比較

A. *qAC9.3* 遺伝子型と炊飯米の硬さの関係 B. *SbeIIb* 遺伝子型と炊飯米の硬さの関係。
***は Student の t 検定における有意差 0.1%水準を示す。エラーバーは標準偏差を示す。

考察

これまで北海道水稻粳品種の選抜過程においては、澱粉特性はアミロース含有率しか調査されておらず、また炊飯米の食味関連形質評価についても、炊飯直後の食味官能評価が主であり、炊飯後の硬化性の違いを考慮した育種はされていなかった。北海道内育成の粳品種・系統間で、アミロース含有率だけでなく糊化開始温度に影響する QTL が検出され、これら QTL がアミロペクチン鎖長分布や炊飯米の硬化性に与える影響について明らかになったことで、用途に応じた澱粉特性を持つ品種の早期育成につながることが期待される。

「きたげんき」と「北海 332 号」の交配から得られた F₅ 系統の QTL 解析から、両親間や F₅ 系統間に見られるアミロース含有率と糊化開始温度の差異は、それぞれ *qAC9.3* および *SbeIIb* 遺伝子型に起因することが確認された。*qAC9.3* (+) の F₅ 系統の平均アミロース含有率 (18.2%) は *qAC9.3* (-) の F₅ 系統の平均アミロース含有率 (21.8%) より低く、アミロース含有率を制御する QTL としての効果が確認された (表IV-4)。一方、*SbeIIb* 遺伝子型によるアミロース含有率の差は見られなかった (表IV-4)。*SbeIIb* は変異体のアミロペクチン短鎖比が減少し、アミロース含有率が野生型よりも高くなる *AE* 遺伝子として知られている (Nishi *et al.* 2001)。第Ⅲ章で *SbeIIb^{sr}* (きたげんき遺伝子型) を持つ糯品種「しろくまもち」は、*ae* 変異体と同様にアミロペクチン短鎖比を減少させ長鎖比を増加させたため、粳品種においてもアミロース含有率を増加させる *ae* 変異体と同様の影響が存在すると予想されたが、影響は見られなかった。その原因として、*SbeIIb^{sr}* がアミロース含有率に与える影響は、機能欠損型である *ae* 変異体ほど大きくないことなどが考えられた。

SbeIIb を持つ F₅ 系統の平均糊化開始温度 (71.4°C) は、*SbeIIb^{sr}* を持つ系統の平均糊化開始温度 (72.1°C) よりも低かった (表IV-4)。この結果は第Ⅲ章と一致する。一方、*qAC9.3* 遺伝子型による糊化開始温度に有意な差は見られなかった (表IV-4)。低アミロース性の導入は糊化開始温度を低下させる (佐藤ら 2016、吉井ら 1997) ことが知られているが、異なる結果となった。その原因として、アミロペクチン鎖長分布に着目した。*qAC9.3* (+) の系統では DP8-15 の短鎖比率が減少し、DP18-の中長鎖比率が増加していた。そのためアミロペクチン鎖長分布特性だけを見ると *qAC9.3* (+) の系統では糊化開始温度が高くなり、澱粉が老化しやすいと考えられた。*qAC9.3* (+) によるアミロペクチン中長鎖比率の増加は、アミロース含有率の低下に伴う糊化開始温度の低下を打ち消している可能性がある。

本章ではアミロース含有率、糊化開始温度、アミロペクチン鎖長分布といった澱粉特性だけでなく、それら特性が総合的に関連する表現型である炊飯米の硬さに対する *qAC9.3* および *SbeIIb* 遺伝子型の影響を調べた。その結果、炊飯米の硬さに影響を与えるのは *qAC9.3* 遺伝子型と、それに関連するアミロース含有率であり、*SbeIIb* 遺伝子型と、それに関連する糊化開始温度はわずかに影響を与えていたが、有意な差はないことが明らかとなった (図IV-5)。第Ⅲ章では、*SbeIIb* 遺伝子型の異なる糯品種の米粉ペーストを 4°C で 24

時間保存したとき、硬さの変化には有意差が認められたが、粳品種の炊飯米では硬さの変化に差は認められなかった（図IV-5b）。澱粉特性と炊飯米の食味官能評価に関して、板谷越ら（2021）は、澱粉特性のうちアミロース含有率は炊飯米の硬さに関係するが、粘りには関係せず食味官能評価への影響は小さいこと、糊化開始温度は炊飯米の粘りに関係し、食味官能評価への影響も大きいことを報告している。この糊化開始温度と炊飯米の粘りの関係は、過去の報告（Li *et al.* 2016）とも一致しており、糊化開始温度はアミロース含有率の高低による「硬さ」以外の部分で、食味官能評価を左右する重要な要因と考えられる。なお、板谷越ら（2021）の報告は、一定のアミロース含有率範囲内（15～21%）に含まれるサンプルについて述べられたものであり、この範囲を超えて高いまたは低いアミロース含有率を持つサンプルにおいては、アミロース含有率の値が物性および食味官能評価に大きく影響するものと考えられる。

qAC9.3 (+) はアミロペクチン中鎖鎖（DP18-）の割合を増加させる一方で、アミロース含有率を低下させ、糊化開始温度は変化させない。このことは、*qAC9.3* 遺伝子型によって糊化開始温度と相関する炊飯米の粘りを変えることなく、硬さに影響する米のアミロース含有率を微調整することが可能であることを示唆している。一方、*SbeIIb^{sr}* はアミロペクチン短鎖割合を低下させることで糊化開始温度を上昇させるが、アミロース含有率は変化させなかった。本章では食味官能評価における「粘り」に与える影響は調査していないが、*SbeIIb* の遺伝子型選択によって、アミロース含有率と相関する炊飯米の硬さを変えることなく、糊化開始温度と粘りを微調整することが可能であることが示唆された。

最後に、*qAC9.3* (+) と *SbeIIb^{sr}* を持つ系統におけるアミロペクチン短鎖（DP6-12）の分布比は、4 つの遺伝子型群の中で最も低かった（表IV-4）。このことは、両遺伝子型が相加的にアミロペクチン鎖長分布比に影響を与えたことを示唆し、糊化開始温度や炊飯米の粘りといった形質に大きく影響すると考えられた。これまで北海道の水稻育種では、低アミロース性遺伝子の *Wx1-1* と *qAC9.3* (+) の導入によって炊飯米の食味（硬さ）の改善が図られてきた（Ando *et al.* 2010）。また、第Ⅲ章でも述べたように、糊化開始温度による選抜や炊飯米の粘りの値の調査が行われていないため理由は不明であるが、北海道水稻粳品種には *SbeIIb^{sr}* が広く分布している。結果として、低アミロース性の粳品種を育成する際には、意図せず遺伝子型 *qAC9.3* (+) と *SbeIIb^{sr}* が選ばれてきているかもしれない。今後は、各々の遺伝子型がアミロース含有率だけでなく、各種澱粉特性に与える影響を検討し、育種目標に合致しているか確認する必要がある。

第 V 章：総合論議

北海道水稲品種群の有用遺伝子型

第 II 章で座乗候補領域の同定を行った、出穂に関わる QTL である *qDTH3*、この対立遺伝子 *qDTH3^{DH}* を導入した系統はやや早生を示す。出穂関連遺伝子 *ghd7*、*ospr37* に比べ出穂期制御への影響は小さいものの、*qDTH3^{DH}* を導入した系統は早生化しても減収程度が小さいため安定多収を達成可能であり、作期分散にも利用可能な北限地で理想的な表現型を示す。本研究で詳細マッピングが行われたことで、品種育成初期から用途に応じた遺伝子選択が可能となり、モデルやシミュレーションを活用した選抜方法の精度向上が大いに期待出来る。*qDTH3* 遺伝子座の活用の幅を広げるため、更に早生を示す *dth8/hd5* を集積させた系統の評価も行われている。「ほしのゆめ」遺伝背景に、4 つの出穂関連遺伝子を最も早生になると予想される組み合わせで持つ系統 (*ghd7*, *ospr37*, *qDTH3^{DH}*, *hd5*) を作出したところ、この系統は同じ遺伝背景下で遺伝子 (*ghd7*, *ospr37*, *qDTH3^{DH}*, *Hd5*) を持つ系統よりも 10 日程度早生を示した (Fujino and Ikegaya 2020)。しかし、植物体自体が小さい状態で出穂、登熟するため収量性は半分程度に低下した。今後遺伝背景の改良による多収化、適切な遺伝子型選択による出穂期制御によって、栽培地域の拡大、作期分散、直播や極晩植といった新たな栽培方法による活用が考えられる。*dth8/hd5* は 1941 年に育成された「農林 20 号 (北海 86 号)」で既に北海道水稲集団への導入が確認出来る (未発表データ)。古くから北海道水稲品種の中でも特に早生の品種内に保存されていた対立遺伝子である。既存の遺伝子型であっても、異なる遺伝背景や新たな遺伝子との組み合わせることで、新しい表現型を得ることが出来る。それこそが北海道水稲育種が限られた遺伝的多様性の中で継続的に新品種を開発してきた原動力であるのかもしれない。

第 III 章で座乗候補領域の同定を行った澱粉特性に関わる *SbeIIb^{sr}* は、北海道水稲糯品種に高い餅硬化性という新規形質をもたらした。遠縁品種「Cody」を由来とする *SbeIIb^{sr}* は、粳品種「キタアケ」を経由して北海道品種群に導入された。第 III 章でも述べた通り、育成当時積極的な選抜対象となっていなかった澱粉特性に関わる対立遺伝子が、現行北海道粳優良品種の多くに分布している理由は不明である。「キタアケ」は Shinada *et al.* (2014) の分類における現行優良品種が属するグループ V 形成の鍵となる品種であり、現在北海道育種集団において選抜利用されているいもち病圃場抵抗性遺伝子 *Pi-cd* の供与親でもある (Shinada *et al.* 2015)。そのため、その子孫系統は好んで交配に用いられたと推測される。*SbeIIb^{sr}* には劣悪形質の連鎖が見られないこと、また「キタアケ」の子孫系統が増加したことによる *SbeIIb^{sr}* 同士の交配頻度の上昇によって、*SbeIIb^{sr}* が残されていた理由が説明できる可能性がある。*SbeIIb^{sr}* のように選抜対象となっておらず、意図せず導入された遺伝子型であったとしても、表現型に影響している可能性があり、品種開発の持続性という点で遠縁品種の交配利用による遺伝的多様性拡大の重要性を再認識させられる。

第IV章では、糯品種でその効果が確認された *SbeIIb^{sr}* が、粳品種の澱粉特性に与える影響を調査した。さらに、北海道品種から見出されたアミロース含有率を制御する QTL である *qAC9.3* の遺伝子型が澱粉特性に与える影響と食味特性の対応関係を検証した。*SbeIIb^{sr}* はアミロペクチン鎖長分布割合を変化させ、糊化開始温度を上昇させることから、粳品種の炊飯後の米が硬くなるように作用し、食味評価を低下させる可能性が考えられた。しかしながら、分離集団の炊飯米の硬さを実際に測定したところ遺伝子型間で有意な差は見られず、*SbeIIb^{sr}* を持っていて食味評価には影響が無いことが示唆された。この結果は *SbeIIb^{sr}* を持つ「ななつぼし」、「ゆめぴりか」といった品種が、日本穀物検定協会の食味ランキングで特 A ランクを獲得する(日本穀物検定協会(参考)平成元年産からの特 A ランク一覧表)など、高い評価を受けていることから納得できる。*SbeIIb* 遺伝子型によって影響を受ける糊化開始温度は、炊飯米の付着性に影響を与えることが知られており(Li *et al.* 2016)、本研究では調査出来ていないが、炊飯後時間が経過した場合や加工品にしたときに特徴的な物性であると評価される可能性がある。アミロペクチン鎖長分布の特性により、*SbeIIb^{sr}* を持つ品種の炊飯米の付着性が低いと仮定すると、加熱を前提とした加工品(冷凍チャーハンやピラフ、パックご飯)、中食・外食用途(弁当、丼)などではハンドリングの良さで評価される可能性がある。一方でレンジアップをしないチルド製品(寿司など)ではパサつきを感じやすく、使いづらい可能性がある。現在の北海道水稻粳優良品種群の *SbeIIb* 遺伝子型は、*SbeIIb^{sr}* で固定されている状態であるため、意図的に異なる対立遺伝子を持つ系統との交配を実施し、用途に応じた澱粉特性を選択できるだけの遺伝的多様性を維持しておくことも重要に思える。*qAC9.3* を低アミロース性の「北海 PL9」型で持つ品種・系統では、アミロース含有率が有意に低下し、炊飯後の米が硬くなりにくかった。一方で、糊化開始温度に有意な差は見られず、アミロペクチン中長鎖比率の増加がアミロース含有率の低下に伴う糊化開始温度の低下を打ち消している可能性が示唆された。そのため、アミロペクチン鎖長分布特性だけを見ると澱粉が老化しやすいと考えられた。このことは、同程度のアミロース含有率を持つ他の府県産米や、アミロース含有率を制御する遺伝子の型が異なる品種と用途比較を行う場合において留意すべき点であるように思う。

北海道水稻育種の更なる発展加速のために

本研究では、北海道水稻優良品種における表現型差異を生じる遺伝的要因を明らかにすることで、将来の品種育成の方向性や戦略の検討に役立てることを目的とした。そこで、安定した生産を可能にする遺伝的要因の観点から、北海道における最重要形質の一つである出穂期の制御に着目した。さらに、生産物の品質に影響する遺伝的要因の観点から、澱粉特性に着目した。生産過程と生産物の品質に影響する遺伝的要因について解析し、それらの情報を統合することは、栽培環境に応じた作物の生産制御と生産物の品質向上を両立させた、作物品種の多様化を促進する育種システムの創出につながる。本研究はそのための

基盤となる知見を集積させたという点で大きな意義を持つ。しかしながら、現在育種に求められる形質は多く、それに対して北海道の育種集団が内包する遺伝子には限界があると考えられる。特に、温暖化対策として今後北海道でも重視されることが考えられる高温耐性については、北海道育種集団内の遺伝的多様性の有無が検討されていないだけでなく、安定した検定法すら確立されていない状況にある。このような状況においては、北海道品種の遺伝的多様性から有用遺伝子を探索するだけでなく、他地域で検証されてきた有用遺伝子を効率的に導入する必要がある。北海道は稲作極限地の一つであるが、世界には他にも高緯度地域、高地、寒冷地で栽培されるイネ品種が存在する。特異な環境に適応した品種には未知の遺伝子間相互作用が影響している可能性がある。また極限地に目を向けなくても、地域の育種集団の中に微細な表現型差異を生じる遺伝子型が保存され、独自の適応に関わる遺伝子型が成立している可能性がある。現在ではゲノム情報から SNP マーカー等を設計可能であり、遺伝的背景が近い品種や系統を用いて原因遺伝子座乗候補領域を絞り込むことが容易となった。そのため、適切な解析集団を用意すれば、表現型差異を生じる原因遺伝子をより多く迅速に同定することが可能である。効果の検証には、ゲノム編集や連続戻し交配によるピンポイント導入といった手法が有効であるが、ただ遺伝子を北海道水稻に導入すれば形質改良されるわけではない。原因となる遺伝要因と表現型に与える影響を理解した上で、関連する遺伝子群との遺伝子間相互作用をコントロールする必要がある。そのためには本研究で明らかにしたような、現行優良品種が持つ有用形質に関わる遺伝子型に対する知見が役立つ。地域の育種集団を材料として解析を行う本研究の手法は、他地域で同様の解析を行う際のモデルケースとなると考えられる。これまで育種家が選抜集積してきた有用遺伝子型のカタログ化が進み、相互利用によって革新的形質を持つ品種の育成が促進されることを期待する。

摘要

・北海道水稻品種「大地の星」と「ほしのゆめ」を用いて、出穂期の違いを制御する *qDTH3* の詳細マッピングを行った。その結果、*qDTH3* 座乗候補領域は第 3 染色体上のマーカー HR7 と HR13 の間、IRGSP 1.0 イネ参照配列上 158kb の領域に絞り込まれた。

・領域内には 19 のタンパク質コード遺伝子が予測されており、そのうち 2 つの遺伝子 (Os03g0122500、Os03g0122600) で出穂性に関係するとの報告があり、有力な原因候補遺伝子と考えられた。

・*qDTH3* 候補領域を含む周辺 656kb の染色体領域の塩基配列を 4 つの *Oryza* コレクション間で比較した。IRGSP 1.0 イネ参照配列に対して野生種では最も多くの塩基多型が検出された一方で、塩基置換、欠失、染色体組換えといった遺伝的事象によって分類される遺伝子型の数は最も少なかった。反対に、国内品種と北海道品種では塩基多型が少なかったが遺伝子型の数が多く、また野生種や世界の品種には見られない独自の遺伝子型が存在していた。

・品種育成に伴う選抜によって塩基多型程度が低下しても、組換えによって新たな遺伝子型が生み出されており、それが新たな表現型が生じる原動力となった可能性が示唆された。

・北海道で開発された 2 つの糯米品種「きたゆきもち」と「しろくまもち」を解析材料として、米粉ペーストの糊化開始温度ならび硬化性に関する QTL の検出および詳細マッピングを行った。その結果、候補領域はどちらも第 2 染色体の 305kbp の領域に絞り込まれた。

・305kbp 領域内には澱粉枝作り酵素 *Iib* (*SbeIib*; Os02g32660.1) がコードされていた。*SbeIib* はアミロペクチン伸長に関わることが知られ、また両親品種間で非同義置換を生じる塩基変異が確認されたことから有力な原因候補遺伝子と考えられた。

・系譜情報ならびに候補遺伝子内に存在する SNP をターゲットとしたマーカー遺伝子型より、高い硬化性を示す「しろくまもち」型染色体領域がアメリカ品種の「Cody」より導入されたこと、ならびに、この遺伝子型は北海道水稻育種集団に特有のものであることが示唆された。

・北海道の水稲品種から見出されたアミロース含有率を制御する QTL の *qAC9.3* および *SbeIIb* を含む 305kbp 領域の遺伝子型がそれぞれアミロース含有率、糊化開始温度、アミロペクチン鎖長分布パターンといった澱粉特性、および炊飯米の硬化性に与える影響を調査した。

・低アミロース性を示す「北海 PL9」由来の遺伝子型である *qAC9.3* (+) の系統ではアミロース含有率は低下し、糊化開始温度は変化せず、アミロペクチン鎖長分布パターンは長鎖の割合が有意に増加した。炊飯米の硬さは、「北海 PL9」型ではない *qAC9.3* (-) の系統よりも有意に低かった。

・ *SbeIIb* を含む 305kbp 領域を「しろくまもち」と同じ型で持つ場合、アミロース含有率は変化せず、糊化開始温度は高くなり、アミロペクチン鎖長分布パターンは短鎖の割合が有意に低く、一方で中鎖の割合が有意に増加した。炊飯米の硬さに違いは見られなかった。

・ *qAC9.3* および *SbeIIb* を含む 305kbp 領域の遺伝子型はアミロペクチン鎖長分布比に相加的に影響することが示唆され、糊化開始温度や炊飯米の粘りといった形質に大きく影響すると考えられた。

・北海道水稲品種を対象とした遺伝学的解析によって、優良品種が持つ有用形質の原因となる染色体領域を同定した。モデルやシミュレーションを使用した選抜の精度向上に役立つのに加え、今後革新的形質の発現や遠縁品種からの重要形質の付与といった育種戦略を立てる上で重要な情報と考えられる。

引用文献

Agrama H A, W Yan, M Jia, R Fjellstrom and A M McClung (2010) Genetic structure associated with diversity and geographic distribution in the USDA rice world collection. *Nat Sci* 2:247–291.

Ali M L, P L Sanchez, S Yu, M Lorieux and G C Eizenga (2010) Chromosome segment substitution lines: A powerful tool for the introgression of valuable genes from *Oryza* wild species into cultivated rice (*O. sativa*). *Rice* 3:218–234.

Ando I, H Sato, N Aoki, Y Suzuki, H Hirabayashi, M Kuroki, H Shimizu, T Ando and Y Takeuchi (2010) Genetic analysis of the low-amylose characteristics of rice cultivars Oborozuki and HokkaiPL9. *Breed Sci* 60:187–194.

芦田（吉田）かなえ、保田浩、池ヶ谷智仁、梶亮太（2020）RVA 缶を用いた新規米飯物性評価法と食味官能評価との関係 *育種学研究* 22:159–166.

米穀安定供給確保支援機構 もち米をめぐる状況 令和 6 年 11 月

https://www.komenet.jp/komenetmanager/wp-content/uploads/r0611_mochi_status.pdf
(2024 年 12 月 23 日閲覧)

Butardo V M, M A Fitzgerald, A R Bird, M J Gidley, B M Flanagan, O Larroque, A P Resurreccion, H K Laidlaw, S A Jobling, M K Morell *et al.* (2011) Impact of down-regulation of *starch branching enzyme IIb* in rice by artificial microRNA- and hairpin RNA-mediated RNA silencing. *J Exp Bot* 62:4927– 4941.

中場勝、櫻田博、結城和博、佐野智義、中場理恵子、佐藤久実、横尾信彦、本間猛俊、佐藤晨一、宮野齊ら(2006) 低アミロース米新品種「ゆきの舞」(山形 84 号)の育成 山形県農事研究報告 38: 1–23.

Ebana K, Y Kojima, S Fukuoka, T Nagamine and M Kawase (2008) Development of mini core collection of Japanese rice landrace. *Breed Sci* 58:281–291.

Fang J, F Zhang, H Wang, W Wang, F Zhao, Z Li, C Sun, F Chen, F Xu, S Chang *et al.* (2019) Ef-cd locus shortens rice maturity duration without yield penalty. *Proc Natl Acad Sci U S A* 116:18717–18722.

Fujino K and T Ikegaya (2020) A novel genotype DATTO5 developed using the five genes exhibits the fastest heading date designed in rice. *Breed Sci* 70:193–199.

Fujino K and N Iwata (2011) Identification of QTLs controlling heading date on the short arm of chromosome 3 in rice (*Oryza sativa* L.). *Breed Sci* 61:294–300.

Fujino K and H Sekiguchi (2005a) Mapping of QTLs conferring extremely early heading in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet* 111:393–398.

Fujino K and H Sekiguchi (2005b) Identification of QTLs conferring genetic variation for heading date among rice varieties at the northern-limit of rice cultivation. *Breed Sci* 55:141–146.

Fujino K, Y Hirayama, M Obara and T Ikegaya (2018) Colocalization of QTLs for hull-cracked rice and grain size in elite rice varieties in Japan. *Breed Sci* 68:449–454.

Fujino K, Y Hirayama, M Obara and T Ikegaya (2019b) Introgression of the chromosomal region with the *Pi-cd* locus from *Oryza meridionalis* into *O. sativa* L. during rice domestication. *Theor Appl Genet* 132:1981–1990.

Fujino K, Y Kawahara, OK Koyanagi and K Shirasawa (2021) Translation of continuous artificial selection on phenotype into genotype during rice breeding programs. *Breed Sci* 71:125–133.

Fujino K, M Obara and T Ikegaya (2019a) Establishment of adaptability to the northern-limit of rice production. *Mol Genet Genomics* 294:729–737.

Fujino K, H Sekiguchi, T Sato, H Kiuchi, Y Nonoue, Y Takeuchi, T Ando, S Y Lin and M Yano (2004) Mapping of quantitative trait loci controlling low-temperature germinability in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet* 108:794–799.

Fujino K, U Yamanouchi, Y Nonoue, M Obara and M Yano (2019c) Switching genetic effects of the flowering time gene *Hd1* under LD conditions by *Ghd7* and *OsPRR37* in rice. *Breed Sci* 69:127–132.

Fujino K, U Yamanouchi and M Yano (2013) Roles of the *Hd5* gene controlling heading date for adaptation to the northern limits of rice cultivation. *Theor Appl Genet* 126:611–618.

Fuller D Q (2011) Pathways to Asian civilizations: tracing the origins and spread of rice and rice cultures. *Rice* 4:78–92.

Gao H, M Jin, X M Zheng, J Chen, D Yuan, Y Xin, M Wang, D Huang, Z Zhang, K Zhou *et al.* (2014) *Days to heading 7*, a major quantitative locus determining photoperiod sensitivity and regional adaptation in rice. *Proc Natl Acad Sci USA* 111:16337–16342.

Hanashiro I, J Abe and S Hizukuri (1996) A periodic distribution of the chain length of amylopectin as revealed by high-performance anion-exchange chromatography. *Carbohydr Res* 283:151–159.

北海道立総合研究機構 水稻育成品種

<https://www.hro.or.jp/agricultural/center/chizai/nousirice.html> (2024 年 7 月 24 日閲覧)

Huang X, N Kurata, X Wei, Z X Wang, A Wang, Q Zhao, Y Zhao, K Liu, H Lu, W Li *et al.* (2012) A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. *Nature* 490:497–501.

Igarashi T, M Kinoshita, H Kanda, T Nakamori and T Kusume (2008) Evaluation of hardness of Waxy rice cake based on the amylopectin chain-length distribution. *J Appl Glycosci* 55:13–19 (in Japanese with English summary).

池ヶ谷智仁、梶亮太、梅本貴之、清水博之、松葉修一、保田浩、横上晴郁、黒木慎 (2017) 寒地向けでやや早熟期の極多収飼料用米水稻新品種「きたげんき」北農 84:164-167.

稲津脩 (1988) 北海道産米の食味向上による品質改善に関する研究 北海道立農業試験場報告 66:1-89.

板谷越重人、石橋俊明、松井崇晃、橋本憲明、重山博信、福嶋朗山 (2021) 良食味米の食味官能評価と糊化開始温度および米飯物理性との関係 北陸作物学会報 56:77-81.

Jansen R C and P Stam (1994) High resolution of quantitative traits into multiple loci via interval mapping. *Genetics* 136:1447–1455.

Juliano B O (1993) Rice in human nutrition. International Rice Research Institute and Food and Agriculture Organization of the United Nations, Los Baños, Philippines 1-15.

粕谷雅志、佐藤毅、沼尾吉則、木下雅文、吉村徹、佐々木忠雄、品田博史、尾崎洋人、木内均、相川宗巖ら (2013) 水稻糯新品種「しろくまもち」の育成. 北海道立農試集報 97:15-28.

Kawahara Y, M de la Bastide, J P Hamilton, H Kanamori, W R McCombie, S Ouyang, D C Schwartz, T Tanaka, J Wu, S Zhou *et al.* (2013) Improvement of the *Oryza sativa* Nipponbare reference genome using next generation sequence and optical map data. Rice 6:4.

木下雅文、沼尾吉則、木内均、前川利彦、相川宗巖、吉村徹、平山裕治、菊池治己、田中一生、丹野久ら (2006) 水稻新品種「大地の星」の育成. 北海道立農試集報 90:1-11.

Kojima Y, K Ebana, S Fukuoka, T Nagamine and M Kawase (2005) Development of an RFLP-based rice diversity research set of germplasm. Breed Sci 55:431-440.

Koo B H, S C Yoo, J W Park, C T Kwon, B D Lee, G An, Z Zhang, J Li, Z Li and N C Paek (2013) Natural variation in *OsPRR37* regulates heading date and contributes to rice cultivation at a wide range of latitudes. Mol Plant 6:1877-1888.

Kosambi D D (1944) The estimation of map distance from recombination values. Ann Eugen 12:172-175.

Khush G S (1997) Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. Plant Mol Biol 35:25-34.

Lander E S, P Green, J Abrahamson, A Barlow, M J Daly, S E Lincoln and L A Newberg (1987) MAPMAKER: an interactive computer package for constructing primary genetic linkage maps of experimental and natural populations. Genomics 1:174-181.

Lee S, J Kim, J J Han, M J Han and G An (2004) Functional analyses of the flowering time gene *OsMADS50*, the putative *SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION OF CO 1/AGAMOUS-LIKE 20(SOC1/AGL20)* ortholog in rice. Plant J 38:754-764.

Li H and R Durbin (2009) Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform. *Bioinformatics* 25:1754–1760.

Li H, B Handsaker, A Wysoker, T Fennell, J Ruan, N Homer, G Marth, G Abecasis, R Durbin and 1000 G. P. D. P. Subgroup (2009) The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. *Bioinformatics* 25:2078–2079.

Li H, S Prakash, T M Nicholson, M A Fitzgerald and R G Gilbert (2016) The importance of amylose and amylopectin fine structure for textural properties of cooked rice grains. *Food Chem* 196:702–711.

McKenna A, M Hanna, E Banks, A Sivachenko, K Cibulskis, A Kernytsky, K Garimella, D Altshuler, S Gabriel, M Daly *et al.* (2010) The Genome Analysis Toolkit: a MapReduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data. *Genome Res* 20:1297–1303.

Mizuno K, T Kawasaki, H Shimada, H Satoh, E Kobayashi, S Okumura, Y Arai and T Baba (1993) Alteration of the structural properties of starch components by the lack of an isoform of starch branching enzyme in rice seeds. *J Biol Chem* 268: 19084– 19091.

Murray M G and W F Thompson (1980) Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucl Acid Res* 8:4321–4325.

Nakamura Y (2002) Towards a better understanding of the metabolic system for amylopectin biosynthesis in plants: Rice endosperm as a model tissue. *Plant Cell Physiol* 43:718–725.

日本穀物検定協会（参考）平成元年産からの特 A ランク一覧表
https://www.kokken.or.jp/data/rank_specialA.pdf (2024 年 7 月 24 日閲覧)

Nishi A, Y Nakamura, N Tanaka and H Satoh (2001) Biochemical and genetic analysis of the effects of *amylose-extender* mutation in rice endosperm. *Plant Physiol* 127:459–472.

Nonoue Y, K Fujino, Y Hirayama, U Yamanouchi, S Y Lin and M Yano (2008) Detection of quantitative trait loci controlling extremely early heading in rice. *Theor Appl Genet* 116:715–722.

農林水産省 令和 5 年産米の農産物検査結果 令和 6 年 3 月 31 日現在（速報値）

<https://www.maff.go.jp/j/seisan/syoryu/kensa/kome/attach/pdf/index-45.pdf> (2024 年 7 月 24 日閲覧)

Okamoto K, N Aoki, H Fujii, T Yanagihara, A Nishi, H Satoh and T Umemoto (2013) Characterization and utilization of spontaneous deficiency in *starch branching enzyme I* of rice (*Oryza sativa* L.). J Appl Glycosci 60:53–60.

Sano Y (1984) Differential regulation of waxy gene expression in rice endosperm. Theor Appl Genet 68:467–473.

Sato H, Y Suzuki, M Sakai and T Imbe (2002) Molecular characterization on *Wx-mq*, a novel mutant gene for low amylose content in endosperm of rice (*Oryza sativa* L.). Breed Sci 52:131–135.

Satoh H, A Nishi, K Yamashita, Y Takemoto, Y Tanaka, Y Hosaka, A Sakurai, N Fujita and Y Nakamura (2003a) *Starch branching enzyme I*-deficient mutation specifically affects the structure and properties of starch in rice endosperm. Plant Physiol 133:1111–1121.

Satoh H, A Nishi, N Fujita, A Kubo, Y Nakamura, T Kawasaki and T W Okita (2003b) Isolation and characterization of starch mutants in rice. J Appl Glycosci 50:225–230.

佐藤和人、本間紀之、吉井洋一 (2016) 低アミロース米の澱粉特性と米菓加工性 新潟県農業総合研究所研究報告 14:75-80.

Shibaya T, Y Nonoue, N Ono, U Yamanouchi, K Hori and M Yano (2011) Genetic interactions involved in the inhibition of heading by heading date QTL, *Hd2* in rice under long-day conditions. Theor Appl Genet 123:1133–1143

品田博史、佐藤毅、沼尾吉則、吉村徹、尾崎洋人、木下雅文、粕谷雅志、木内均、前川利彦、平山裕治ら (2016) 水稻糯新品種「きたゆきもち」の育成. 北海道立農試集報 100:33-46.

Shinada H, T Yamamoto, E Yamamoto, K Hori, J Yonemaru, S Matsuba and K Fujino (2014) Historical changes in population structure during rice breeding programs in the northern limits of rice cultivation. Theor Appl Genet 127:995–1004.

Shinada H, T Yamamoto, H Sato, E Yamamoto, K Hori, J Yonemaru, T Sato and K Fujino (2015) Quantitative trait loci for rice blast resistance detected in a local rice breeding population by genome-wide association mapping. *Breed Sci* 65:388–395.

新橋登、前田博、國廣泰史、丹野久、田縁勝洋、木内均、平山裕治、菅原圭一、菊地治己、佐々木一男ら (2003) 水稻新品種「ほしのゆめ」の育成. 北海道立農試集報 84:1-12.

鈴木太郎、中村充、梅本貴之、池田彰弘、加藤恭宏 (2019) デンプン枝付け酵素 I の活性を欠き、餅硬化性が低い水稻糯品種「愛知糯 126 号」の育成 育種学研究 21:28-34.

Takemoto-Kuno Y, H Mitsueda, K Suzuki, H Hirabayashi, O Ideta, N Aoki, T Umemoto, T Ishii, I Ando, H Kato *et al.* (2015) *qAC2*, a novel QTL that interacts with *Wx* and controls the low amylose content in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet* 128:563–573.

Takeuchi Y, K Hori, K Suzuki, Y Nonoue, Y Takemoto-Kuno, H Maeda, H Sato, H Hirabayashi, H Ohta, T Ishii *et al.* (2008) Major QTLs for eating quality of an elite Japanese rice cultivar, Koshihikari, on the short arm of chromosome 3. *Breed Sci* 58:437–445.

Umemoto T, M Yano, H Satoh, A Shomura and Y Nakamura (2002) Mapping of a gene responsible for the difference in amylopectin structure between *japonica*-type and *indica*-type rice varieties. *Theor Appl Genet* 104:1–8.

吉井洋一、有坂将美、城斗志夫、早川利郎 (1997) 低アミロース米の理化学的特性 日本食品科学工学会誌 44(5):353-360.

Wada T, O Yamaguchi, M Miyazaki, K Miyahara, M Ishibashi, T Aihara, T Shibuta, T Inoue, M Tsubone, Y Toyosawa *et al.* (2018) Development and characterization of a new rice cultivar, ‘Chikushi-kona 85’, derived from a starch-branching enzyme IIb deficient mutant line. *Breed Sci* 68:278–283.

Wang S, C J Basten and Z B Zeng (2012) Windows QTL Cartographer 2.5. Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, NC.
<https://brcwebportal.cos.ncsu.edu/qtlcart/WQTLCart.htm>

Wang Z Y, F Q Zheng, G Z Shen, J P Gao, D P Snustad, M G Li, J L Zhang and M M Hong (1995) The amylose content in rice endosperm is related to the post-transcriptional

regulation of the *waxy* gene. *Plant J* 7:613–622.

Xue W, Y Xing, X Weng, Y Zhao, W Tang, L Wang, H Zhou, S Yu, C Xu, X Li *et al.* (2008) Natural variation in *Ghd7* is an important regulator of heading date and yield potential in rice. *Nat Genet* 40:761–767.

Yagioka A, S Hayashi, K Kimiwada and M Kondo (2021) Sink production and grain-filling ability of a new high-yielding rice variety, Kitagenki. *Field Crops Res* 260:107991.

Yano M, K Okuno, J Kawakami, H Satoh and T Omura (1985) High amylose mutants of rice, *Oryza sativa* L. *Theor Appl Genet* 69:253–257.

Yasui T, K Ashida and T Sasaki (2009) Chain-length distribution profiles of amylopectin isolated from endosperm starch of Waxy and low-amylose bread wheat (*Triticum aestivum* L.) lines with common genetic background. *Starch* 61:677–686.

Yonemaru J, T Yamamoto, K Ebana, E Yamamoto, H Nagasaki, T Shibaya and M Yano (2012) Genome-wide haplotype changed produced by artificial selection during modern rice breeding in Japan. *Pros One* 7 3:e32982.

Zeng Z B (1994) Precision mapping of quantitative trait loci. *Genetics* 136:1457–1468.

付表 1 *qDTH3* の解析に使用したプライマリスト

Name	Position	Type	Sequence		
			Primer 1 (5' → 3')	Primer 2 (5' → 3')	Primer 3 (5' → 3')
3SHSDC01	457,832	Deletion	CCACCGTGATGGCACCATTAT	CCACCGTGATGGCACCATTAT	
HR42	962,365	SNP	TGCATATTTTTACCTCTCAGCTCTCAC	AAAAAAAAGTGCATATTTTACCTCTCAGCTCTGA	GAGCACACCGCATTTGAC
HR7	1,283,186	Insertion	GTGACAACACCATGCAITTAAGAA	CAATGCATTAACTACTGAACGTGAC	TAACTCCATCAACACCGT
HR13	1,440,905	SNP	AAAAAAAAAAGGGAGCCCTACTACTTTTACTCAAAITTA	GGAACCGTACTACTTTTACTCACAAC	GGGATAGTAGTAGGGCTTCG
HR26	1,618,598	Insertion	CACGAAGCATTTTTTCTCTCCAAA	ACGAGCATAGACACGAAGGATTTTTTTT	TTGATCAAAAGAAATAGCTAACTCA
HR24	1,820,162	Deletion	AAAAAAAAAAATTGACAACTGAACGCGCAAAITTAAGTG	GACAAACTGAACGCAATTAAGAAGT	
Indel05018	3,373,133	Deletion	ACGATGGTGCCCGACGCTATTG	ACGATGGTGCCCGACGCTATTG	GTTGTGCCCGCTTTGTG

Position は IRGSP 1.0 における位置を示す。

Type は日本晴配列に対する変異として定義した。

SNP; 一塩基多型

付表2 *qDTH3* ファインマッピングに用いた組換え個体の遺伝子型

ID of the recombinant	Marker genotype							DTH				Genotype of <i>qDTH3</i>		Rank
	3SHSDC01	HR42	HR7	HR13	HR26	HR24	InDel05018	Mean	SD	Range				
										Min	Max			
R001	Hetero	H	H	nd	H	H	H	95.9	1.5	94	99	HS	M	
R002	H	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	Hetero	94.1	1.6	92	97	Hetero	M	
R003	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	H	93.6	1.8	91	99	Hetero	M	
R004	H	D	D	nd	D	D	Hetero	92.3	1.9	88	96	DH	U	
R005	Hetero	H	H	nd	H	H	D	93.5	1.9	91	98	HS	U	
R006	H	Hetero	Hetero	nd	Hetero	H	Hetero	95.1	1.9	92	99	Hetero	U	
R007	Hetero	Hetero	Hetero	H	H	H	H	94.3	1.4	92	97	Hetero	M	
R008	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	H	93.2	1.9	90	97	Hetero	M	
R009	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	93.6	1.6	91	97	Hetero	M	
R010	Hetero	D	D	nd	D	D	H	97.8	0.9	97	100	DH	U	
R011	D	D	Hetero	nd	Hetero	Hetero	Hetero	93.6	1.8	89	96	Hetero	M	
R012	H	Hetero	H	nd	Hetero	Hetero	Hetero	94.3	1.2	92	97	nd	U	
R013	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	93.5	1.5	90	96	Hetero	M	
R014	D	D	D	nd	D	Hetero	Hetero	92.1	1.0	90	93	DH	M	
R015	H	H	H	nd	H	H	Hetero	94.9	1.7	91	98	HS	M	
R016	Hetero	D	D	nd	D	D	D	88.9	1.7	86	92	DH	M	
R017	H	H	H	nd	H	H	Hetero	94.1	1.3	92	97	HS	M	
R018	D	D	D	nd	D	Hetero	Hetero	92.4	1.4	89	95	DH	N	
R019	H	H	H	H	Hetero	Hetero	Hetero	95.0	1.4	93	98	HS	M	
R020	H	H	H	nd	H	H	Hetero	94.0	1.5	91	96	HS	M	
R021	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	H	94.3	2.2	91	98	Hetero	M	
R022	Hetero	Hetero	Hetero	H	H	H	H	94.8	1.9	92	99	nd	M	
R023	Hetero	D	D	nd	D	D	D	91.9	1.2	90	94	DH	N	
R024	H	H	H	nd	Hetero	Hetero	D	95.6	1.1	93	98	nd	U	
R025	D	D	D	nd	D	D	Hetero	90.6	1.5	88	93	DH	M	
R026	H	H	H	nd	H	H	Hetero	94.2	1.8	92	98	HS	M	
R027	D	D	D	nd	D	Hetero	Hetero	92.1	1.3	89	94	DH	N	
R028	D	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	Hetero	94.4	1.8	91	97	Hetero	M	
R029	D	Hetero	Hetero	nd	H	Hetero	Hetero	93.3	1.9	91	97	nd	U	
R030	D	D	D	nd	D	D	Hetero	89.9	1.3	88	92	DH	M	
R031	Hetero	Hetero	Hetero	Hetero	H	H	H	93.5	1.3	91	95	Hetero	M	
R032	H	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	Hetero	93.3	1.7	92	99	Hetero	M	
R033	H	H	H	nd	H	H	Hetero	93.1	1.3	92	96	HS	M	
R034	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	H	H	90.8	1.7	88	94	Hetero	M	
R035	H	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	Hetero	92.5	2.0	89	96	Hetero	M	
R036	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	92.3	1.6	89	95	Hetero	M	
R037	D	D	D	nd	D	D	Hetero	89.9	1.7	87	93	DH	M	
R038	H	H	H	nd	H	H	Hetero	94.3	1.7	92	98	HS	M	
R039	H	H	H	nd	H	H	Hetero	95.9	1.6	94	98	HS	M	
R040	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	H	H	91.7	2.0	87	94	Hetero	M	
R041	Hetero	Hetero	H	nd	H	H	H	93.4	1.3	92	96	HS	M	
R042	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	92.6	1.5	90	95	Hetero	M	
R043	Hetero	H	H	nd	H	H	H	93.3	1.0	92	95	HS	M	
R044	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	92.8	1.5	90	97	Hetero	U	
R045	H	H	H	H	Hetero	Hetero	Hetero	94.4	1.1	93	96	HS	M	
R046	H	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	Hetero	93.6	1.8	91	98	Hetero	M	
R047	D	D	D	nd	D	D	Hetero	90.5	1.2	88	92	DH	M	
R048	D	D	D	nd	D	D	Hetero	89.9	2.2	86	92	DH	M	
R049	D	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	Hetero	93.7	2.2	90	100	Hetero	M	
R050	D	D	D	D	Hetero	Hetero	Hetero	90.6	1.4	88	92	DH	M	
R051	H	H	H	nd	H	H	Hetero	93.8	1.5	92	97	HS	M	
R052	D	D	D	nd	D	D	Hetero	89.9	1.4	88	94	DH	M	
R053	H	H	H	nd	H	H	Hetero	94.9	1.7	93	98	HS	M	
R054	H	H	H	nd	H	H	Hetero	95.1	2.1	93	99	HS	M	
R055	D	D	D	nd	D	Hetero	Hetero	91.6	1.4	89	94	DH	M	
R056	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	91.0	1.2	89	93	Hetero	M	
R057	Hetero	H	Hetero	nd	D	D	D	92.9	1.6	90	95	nd	U	
R058	D	D	D	nd	D	Hetero	Hetero	92.3	1.4	90	96	DH	N	
R059	H	H	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	93.3	1.8	90	98	Hetero	U	
R060	D	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	Hetero	93.1	2.3	87	97	Hetero	M	
R061	Hetero	Hetero	Hetero	H	H	H	H	94.9	1.9	91	98	r	M	
R062	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	93.3	1.1	91	95	Hetero	M	
R063	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	H	92.9	1.4	91	96	Hetero	M	
R064	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	H	92.6	1.5	90	96	Hetero	M	
R065	D	D	D	nd	D	Hetero	Hetero	92.0	1.3	90	96	DH	N	
R066	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	H	92.1	2.4	88	98	Hetero	M	
R067	H	H	H	nd	H	H	Hetero	93.5	1.0	92	96	HS	M	
R068	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	93.2	1.4	91	97	Hetero	M	
R069	H	H	H	nd	H	H	Hetero	94.3	1.4	92	97	HS	M	
R070	Hetero	H	H	nd	H	H	H	95.0	0.9	94	96	HS	M	
R071	Hetero	D	D	nd	D	D	D	92.0	1.4	90	95	DH	N	
R072	H	H	H	nd	H	Hetero	Hetero	95.1	2.2	93	100	HS	M	
R073	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	95.2	1.7	93	98	Hetero	M	
R074	H	H	Hetero	nd	Hetero	Hetero	Hetero	95.5	1.8	93	99	Hetero	M	
R075	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	H	H	93.5	1.1	93	97	Hetero	M	
R076	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	H	93.5	1.8	91	97	Hetero	M	

R077	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	92.9	1.2	91	96	Hetero	M
R078	H	H	H	nd	H	H	Hetero	96.1	2.0	92	99	HS	M
R079	D	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	Hetero	94.3	1.6	91	97	Hetero	M
R080	D	D	D	Hetero	Hetero	Hetero	Hetero	93.1	1.9	90	97	r	1
R081	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	95.6	1.6	93	99	Hetero	M
R082	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	96.1	2.2	93	100	Hetero	M
R083	H	H	Hetero	nd	Hetero	Hetero	Hetero	94.3	2.0	91	99	Hetero	M
R084	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	94.8	2.3	93	101	Hetero	M
R085	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	H	95.6	1.6	93	98	Hetero	M
R086	Hetero	Hetero	Hetero	H	H	H	H	94.3	1.7	93	97	Hetero	M
R087	H	H	H	H	Hetero	Hetero	Hetero	95.9	1.7	93	98	HS	M
R088	D	D	D	nd	D	Hetero	Hetero	92.8	1.3	90	95	DH	M
R089	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	H	94.5	1.8	92	98	Hetero	M
R090	D	D	D	nd	D	Hetero	Hetero	93.3	1.6	91	97	DH	M
R091	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	H	93.4	1.5	92	97	Hetero	M
R092	H	H	H	nd	H	H	Hetero	94.6	1.6	93	98	HS	M
R093	D	D	D	nd	D	D	Hetero	90.0	0.9	88	91	DH	M
R094	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	95.1	1.7	92	98	Hetero	M
R095	Hetero	D	D	nd	D	D	D	90.8	0.8	90	93	DH	M
R096	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	H	95.6	1.8	93	100	Hetero	M
R097	H	H	H	nd	H	H	Hetero	95.8	1.7	94	100	HS	M
R098	Hetero	H	H	nd	H	H	H	95.9	1.4	94	98	HS	M
R099	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	H	92.5	1.5	91	96	Hetero	M
R100	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	93.0	1.3	91	96	Hetero	M
R101	H	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	Hetero	91.9	1.0	90	93	Hetero	M
R102	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	D	93.2	1.2	92	96	Hetero	M
R103	H	H	H	nd	H	H	Hetero	93.1	0.7	92	95	HS	M
R104	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	H	92.0	1.1	90	93	Hetero	M
R105	H	H	H	nd	H	H	Hetero	95.3	1.2	93	98	HS	M
R106	H	H	H	nd	H	H	Hetero	92.8	1.0	91	95	HS	M
R107	D	D	Hetero	nd	Hetero	Hetero	Hetero	93.3	1.5	91	96	Hetero	M
R108	Hetero	Hetero	Hetero	H	H	H	H	94.1	1.7	92	97	Hetero	M
R109	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	Hetero	H	91.9	1.5	90	96	Hetero	M
R110	H	H	H	nd	H	H	Hetero	95.4	1.7	92	97	HS	M
R111	D	D	D	Hetero	Hetero	Hetero	Hetero	90.9	1.5	89	93	r	1
R112	Hetero	Hetero	Hetero	nd	Hetero	D	D	93.1	0.8	92	95	Hetero	M
R113	H	H	H	nd	H	H	Hetero	94.8	1.6	93	98	HS	M
R114	D	D	D	nd	D	D	Hetero	90.1	1.5	88	93	DH	M
R115	D	D	D	nd	D	Hetero	Hetero	91.7	1.0	90	93	DH	M
R116	Hetero	D	D	nd	D	D	D	92.3	1.1	91	94	DH	N

Marker genotype: D;大地の星型、H;ほしのゆめ型、Hetero;ヘテロ型

Genotype of *qDTH3*: DH;大地の星型、HS;ほしのゆめ型、Hetero;ヘテロ型、r;組換え型

Rank は組換え個体を後続の実験でどのように扱ったかを示す。1;158 kb の候補領域絞り込み、M; マッピング、U;複数の組換えなど予想外の遺伝子型のため解析に含めなかった、N; 遺伝子型と表現型間の関係性が説明できないため解析に含めなかった。

nd: 不明

付表3 *Oryza rufipogon* の GRID 遺伝子型

Cultivar / NIG Wild	Origin	Ecotype	Site					Genotype	Sequence Read
Rice accession			EGM01	EGM02	EGM03	EGM04	EGM05	GRID	Archive accession
W0120	India	<i>Or-II</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA000419
W0137	India	<i>Or-III</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA005599
W0180	Thailand	<i>Or-II</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA000419
W0593	Malaya	<i>Or-III</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA000419
W0630	Burma	<i>Or-I</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA000419
W1230	Dutch New Guinea	<i>Or-I</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA000419
W1236	Australian New Guinea	<i>Or-II</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA000419
W1551	Thailand	<i>Or-I</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA005599
W1669	India	<i>Or-III</i>	C	GTTC	A	C	T	GGr02	DRA005599
W1681	India	<i>Or-I</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA005599
W1807	Sri Lanka	<i>Or-III</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA000419
W1866	Thailand	<i>Or-I</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA005599
W1886	Thailand	na	C	GTTC	G	C	T	GGr01	SRA106223
W1962	China	na	C	GTTC	A	C	G	GG02	DRA005599
W1965	China	na	C	GTTC	G	C	G	GG01	SRA106223
W1976	Indonesia	<i>Or-II</i>	C	GTTC	A	C	T	GGr02	SRA106223
W1981	Indonesia	<i>Or-II</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA000419
W2051	Bangladesh	<i>Or-II</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA005599
W2057	Bangladesh	<i>Or-III</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	SRA106223
W2078	Australia	<i>Or-III</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA005599
W2109	Australia	na	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA005599
W2263	Cambodia	<i>Or-I</i>	C	GTTC	G	C	T	GGr01	DRA005599
IRGC80470	India	na	C	GTTC	G	C	T	GGr01	
IRGC89215	Cambodia	na	C	GTTC	G	C	T	GGr01	
IRGC105327	India	na	C	GTTC	G	C	T	GGr01	
IRGC106105	India	na	C	GTTC	G	C	T	GGr01	
IRGC106154	Laos	na	C	GTTC	G	C	T	GGr01	
IRGC105958	Indonesia	na	C	GTTC	G	C	T	GGr01	
IRGC105960	Bangladesh	na	C	GTTC	G	C	T	GGr01	
P46	China	na	C	GTTC	G	C	G	GG01	
VOC4	Nepal	na	C	GTTC	G	C	G	GG01	
Yuan3-9	China	na	C	GTTC	A	C	G	GG02	

Ecotype (Or-I、Or-II および Or-III) の分類は Huang *et al.* (2012)による。

na; 該当なし

付表 4 WRC の GRID 遺伝子型

WRC ID	Variety	Origin	Group	Site					Genotype GRID
				EGM01	EGM02	EGM03	EGM04	EGM05	
WRC01	Nipponbare	Japan	Japonica	C	G	G	C	A	GG05
WRC02	Kasalath	India	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC03	Bei Khe	Cambodia	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC04	Jena 035	Nepal	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC05	Naba	India	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC06	Puluik Arang	Indonesia	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC07	Davao 1	Philippines	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC09	Ryou Suisan Koumai	China	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC10	Shuusoushu	China	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC11	Jinguoyin	China	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC12	Dahonggu	China	Japonica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC13	Asu	Bhutan	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC14	IR 58	Philippines	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC15	Co 13	India	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC16	Vary Futsi	Madagascar	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC17	Keiboba	China	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC18	Qingyu (Seiyu)	China	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC19	Deng Pao Zhai (Toufutsusai)	China	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC20	Tadukan	Philippines	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC21	Shwe Nang Gyi	Myanmar	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC22	Calotoc	Philippines	Japonica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC23	Lebed	Philippines	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC24	Pinulupot 1	Philippines	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC25	Muha	India	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC26	Jhona 2	India	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC27	Nepal 8	Nepal	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC28	Jarjan	Bhutan	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC29	Kalo Dhan	Nepal	Aus	C	GTTC	A	C	G	GG02
WRC30	Anjana Dhan	Nepal	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC31	Shoni	Bangladesh	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC32	Tupa 121-3	Bangladesh	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC33	Surjamukhi	India	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC34	ARC 7291	India	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC35	ARC 5955	India	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC36	Ratul	India	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC37	ARC 7047	India	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC38	ARC 11094	India	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC39	Badari Dhan	Nepal	Aus	C	GTTC	A	C	G	GG02
WRC40	Nepal 555	India	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC41	Kaluheenati	Sri Lanka	Aus	C	GTTC	A	C	G	GG02
WRC42	Local Basmati	India	Aus	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC43	Dianyu 1	China	Japonica	C	GTTC	A	C	A	GGDH
WRC44	Basilanon	Philippines	Indica	C	GTTC	A	T	G	GG03
WRC45	Ma sho	Myanmar	Japonica	C	GTTC	A	T	G	GG03
WRC46	Khao Nok	Laos	Japonica	C	GTTC	A	C	G	GG02
WRC47	Jaguary	Brazil	Japonica	C	GTTC	A	T	G	GG03
WRC48	Khau Mac Kho	Vietnam	Japonica	C	GTTC	A	C	G	GG02
WRC49	Padi Perak	Indonesia	Japonica	C	GTTC	A	T	G	GG03
WRC50	Rexmont	USA	Japonica	C	GTTC	A	T	G	GG03
WRC51	Urasan 1	Japan	Japonica	A	GTTC	G	C	A	GG06
WRC52	Khau Tan Chiem	Vietnam	Japonica	C	GTTC	A	C	G	GG02
WRC53	Tima	Bhutan	Japonica	C	GTTC	A	T	G	GG03
WRC55	Tupa729	Bangladesh	Japonica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC57	Milyang 23	Korea	Indica	A	G	G	T	G	GGHS
WRC58	Neang Menh	Cambodia	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC59	Neang Phtong	Cambodia	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC60	Hakphaynhay	Laos	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC61	Radin Goi Sesat	Malaysia	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC62	Kemasin	Malaysia	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC63	Bleiyo	Thailand	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC64	Padi Kuning	Indonesia	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC65	Rambhog	India	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC66	Bingala	Myanmar	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC67	Phulba	India	Japonica	C	GTTC	A	C	G	GG02
WRC68	Khao Nam Jen	Laos	Japonica	C	GTTC	A	T	G	GG03
WRC97	Chin Galay	Myanmar	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC98	Deejiaohualuo	China	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC99	Hong Cheuh Zai	China	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01
WRC100	Vandaran	Sri Lanka	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01

Group の分類は Kojima *et al.* (2005) による。

付表 5 JRC の GRID 遺伝子型

JRC number	Variety	Upland / Paddy	Group	Site					Genotype	
				EGM01	EGM02	EGM03	EGM04	EGM05	GRID	qDTH3
JRC 01	GAISEN MOCHI	Upland rice	Tropical Japonica	A	GTTC	G	C	A	GG06	r
JRC 03	HINODE	Upland rice	Tropical Japonica	A	GTTC	G	C	A	GG06	r
JRC 04	SENSHOU	Upland rice	Tropical Japonica	A	GTTC	G	C	A	GG06	r
JRC 05	YAMADA BAKE	Upland rice	Tropical Japonica	C	GTTC	A	T	G	GG03	DH
JRC 06	KANEKO B	Upland rice	Tropical Japonica	C	GTTC	A	T	G	GG03	DH
JRC 07	IRUMA NISHIKI	Upland rice	Tropical Japonica	C	GTTC	G	C	A	GG04	r
JRC 08	OKKA MODOSHI	Upland rice	Tropical Japonica	C	GTTC	A	T	G	GG03	DH
JRC 10	HIRAYAMA	Upland rice	Tropical Japonica	A	GTTC	G	C	A	GG06	r
JRC 11	KAHEI	Upland rice	Tropical Japonica	C	GTTC	A	T	G	GG03	DH
JRC 12	OIRAN	Upland rice	Tropical Japonica	C	GTTC	A	T	G	GG03	DH
JRC 13	BOUZU MOCHI	Upland rice	Tropical Japonica	A	GTTC	G	C	A	GG06	r
JRC 14	MEGURO MOCHI	Upland rice	Tropical Japonica	A	G	G	T	G	GGHS	HS
JRC 17	AKAGE	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	A	C	A	GGDH	DH
JRC 18	HASSOKUHO	Upland rice	Japonica	C	GTTC	A	T	G	GG03	DH
JRC 19	WATARIBUNE	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	G	C	A	GG04	r
JRC 20	HOSOGARA	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	G	C	A	GG04	r
JRC 21	AKAMAI	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	G	C	G	GG01	r
JRC 22	MANSAKU	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	A	C	A	GGDH	DH
JRC 23	ISHIJIRO	Paddy rice	Japonica	A	G	G	T	G	GGHS	HS
JRC 24	JOUSHUU	Paddy rice	Japonica	A	GTTC	G	C	A	GG06	r
JRC 25	DANGO	Upland rice	Japonica	C	G	G	T	G	GG07	HS
JRC 26	AIKOKU	Paddy rice	Japonica	A	G	G	T	G	GGHS	HS
JRC 27	GINBOUZU	Paddy rice	Japonica	A	G	G	T	G	GGHS	HS
JRC 28	SHINRIKI MOCHI	Paddy rice	Japonica	C	G	G	C	A	GG05	HS
JRC 29	SHICHIMENCHOU MOCHI	Upland rice	Japonica	C	G	G	C	A	GG05	HS
JRC 30	MORITA WASE	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	G	C	A	GG04	r
JRC 31	KAMEJI	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	G	C	A	GG04	r
JRC 32	OMACHI	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	G	C	A	GG04	r
JRC 33	SHINRIKI	Paddy rice	Japonica	C	G	G	C	A	GG05	HS
JRC 34	KYOUTOASAHI	Paddy rice	Japonica	C	G	G	C	A	GG05	HS
JRC 35	KABASHIKO	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	G	C	A	GG04	r
JRC 36	SEKIYAMA	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	G	C	A	GG04	r
JRC 37	SHINYAMADAHO 2	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	G	C	A	GG04	r
JRC 38	NAGOYA SHIRO	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	A	C	A	GGDH	DH
JRC 39	SHIROINE(KEMOMI)	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	G	C	A	GG04	r
JRC 40	AKAMAI	Upland rice	Indica	C	GTTC	A	C	A	GGDH	DH
JRC 41	AKAMAI	Paddy rice	Indica	C	GTTC	A	C	G	GG02	DH
JRC 42	TOUBOSHI	Paddy rice	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01	r
JRC 43	AKAMAI	Upland rice	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01	r
JRC 44	KARAHOUshi	Paddy rice	Indica	C	GTTC	G	C	G	GG01	r
JRC 45	HIYADACHITOU	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	G	C	A	GG04	r
JRC 46	FUKOKU	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	A	C	A	GGDH	DH
JRC 47	OKABO	Upland rice	Japonica	A	GTTC	G	C	A	GG06	r
JRC 48	HAKAMURI(YOKOYAMA)	Upland rice	Japonica	C	GTTC	A	T	G	GG03	DH
JRC 49	RIKUTOU RIKUU 2	Upland rice	Japonica	C	GTTC	A	C	A	GGDH	DH
JRC 50	HIMENOMOCHI	Paddy rice	Japonica	A	G	G	T	G	GGHS	HS
JRC 51	SHINSHUU	Paddy rice	Japonica	A	GTTC	G	C	A	GG06	r
JRC 52	AICHIAHAHI	Paddy rice	Japonica	C	G	G	C	A	GG05	HS
JRC 53	RAIDEN	Upland rice	Japonica	C	GTTC	G	C	A	GG04	r
JRC 54	HOUMANSHINDEN INE	Paddy rice	Japonica	C	GTTC	G	C	G	GG01	r

Group の分類は Ebana *et al.* (2008) による。

付表 6 北海道水稲 20 品種の GRID 遺伝子型

Variety	Group	Site					Genotype
		EGM01	EGM02	EGM03	EGM04	EGM05	GRID
Daichinohosi	V	C	GTTC	A	C	A	GGDH
Hoshinoyume	V	A	G	G	T	G	GGHS
Akage	I	C	GTTC	A	C	A	GGDH
Hokkaiwase	I	C	GTTC	G	C	A	GG04
Hayayuki	II	C	GTTC	G	C	A	GG04
Shinei	II	A	G	G	T	G	GGHS
Kyouwa	IIIa	C	GTTC	A	C	A	GGDH
Sorachi	IIIa	C	GTTC	A	C	A	GGDH
Wasefukoku	IIIa	C	GTTC	A	C	A	GGDH
Hakutyomochi	IIIb	C	GTTC	A	C	A	GGDH
Shimahikari	IIIb	C	GTTC	A	C	A	GGDH
Yukara	IIIb	C	GTTC	A	C	A	GGDH
Honoka 224	IV	C	GTTC	G	C	A	GG04
Nourin No. 15	IV	A	G	G	T	G	GGHS
Kirara 397	V	C	GTTC	A	C	A	GGDH
Kitaake	V	C	GTTC	A	C	A	GGDH
Fukkurinko	V	A	G	G	T	G	GGHS
Nanatsuboshi	V	C	GTTC	G	C	A	GG04
kitakurin	na	C	GTTC	G	C	A	GG04
Yumepirika	na	A	G	G	T	G	GGHS

Group の分類は Shinada *et al.* (2014)による。

na; 該当なし

付表 7 日本の本州稲品種一覧

Variety	JP No.	Genotype	Type
HIMENOMOCHI	6113	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
HIDEKOMOCHI	6177	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
KOGANEMOCHI	6300	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
MANGETSUMOCHI	6832	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
KAGURAMOCHI	6834	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
HABUTAEMOCHI	9423	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
HIYOKUMOCHI	11289	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
SUITOU NOURIN 17	14941	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
SHIGAHABUTAEMOCHI	15036	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
SHINANOMOCHI 3	15041	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
MINENOYUKIMOCHI	54086	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
MOCHIMINORI	85329	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
SHINTAISHIYOUOMOCHI	147536	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
HAKUTOMOCHI	148020	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
YATANOMOCHI	*	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
TOYOHATAMOCHI	5088	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
NAEBAHATAMOCHI	43587	<i>SbeIIb</i>	Glutinous
AKITAKOMACHI	*	<i>SbeIIb</i>	Non-glutinous
HITOMEBORE	*	<i>SbeIIb</i>	Non-glutinous
KOSHIHIKARI	*	<i>SbeIIb</i>	Non-glutinous
NIPPONBARE	6758	<i>SbeIIb</i>	Non-glutinous
HINOHIKARI	*	<i>SbeIIb</i>	Non-glutinous
ASAHI	6761	<i>SbeIIb</i>	Non-glutinous
AIKOKU	6768	<i>SbeIIb</i>	Non-glutinous
MORITAWASE	7318	<i>SbeIIb</i>	Non-glutinous
OMATI	7529	<i>SbeIIb</i>	Non-glutinous
GINBOUZU	34032	<i>SbeIIb</i>	Non-glutinous
SHINRIKI	6758	<i>SbeIIb</i>	Non-glutinous

JP No.のある品種種子はジーンバンク (<http://www.gene.affrc.go.jp/>)から入手。

*は農研機構作物研究所から種子を入手。

CAPS マーカー*SbeIIb* Ex3-1 により遺伝子型を識別した。

付表 8 「きたゆきもち」と「しろくまもち」の祖先品種一覧

Variety	JP No.	Genotype	Progenies of 'Kitaake'	Type
HOKKAIMOCHI 286	90977	<i>SbeIIb</i>	○	Non-glutinous
HOKKAIMOCHI 290	*	<i>SbeIIb^{sr}</i>		Non-glutinous
CODY	14658	<i>SbeIIb^{sr}</i>		Glutinous

JP No.のある品種種子はジーンバンク (<http://www.gene.affrc.go.jp/>)から入手。

*は北海道農業研究センター保存種子。

CAPS マーカー*SbeIIb* Ex3-1 により遺伝子型を識別した。

付表 9 北海道水稻糯優良品種一覧

Cultivar	HRCP No.	Genotype	Progenies of 'Kitaake'	Developed year
HAKUCHOUMOCHI	HRCP017	<i>SbeIIb</i>	○	1989
KAZENOKOMOCHI		<i>SbeIIb</i>		1995
KITAFUKUMOCHI		<i>SbeIIb^{sr}</i>		2013

HRCP No. は Shinada *et al.* (2014) による。

北海道農業研究センター保存種子を使用。

CAPS マーカー*SbeIIb* Ex3-1 により遺伝子型を識別した。

付表 10 マーカー位置と各個体の遺伝子型

marker name	Chromosome(1 RGSP-1.0)	Position	Genetic distance (cM)	KY ^a	SR ^b	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
FA0625	chr01	6,918	0.0	A	B	A	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	A	A	A/B	A	B	B	A	B
FA0650	chr01	5,344,772	24.9	A	B	-	A/B	A/B	B	B	-	A/B	A/B	A	A	A/B	-	A	A/B	A/B	A	A/B
FA2311	chr01	8,789,900	49.0	A	B	B	A	A/B	A/B	-	B	A/B	A/B	A	A	A	A/B	A	A/B	-	A	A
FA5660	chr01	25,458,624	123.7	A	B	A/B	A/B	A/B	A	A	A/B	-	A/B	A/B	A/B	A	-	A/B	B	A/B	A/B	A/B
FA1899	chr01	31,859,289	147.8	A	B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	A	B	A/B	A/B	A	A	B	A/B	A/B	A	B
FA5662	chr01	37,337,260	173.8	A	B	A/B	B	A	-	B	A/B	A	B	-	A/B	A	A	B	A	-	A	B
FA5664	chr01	42,870,274	221.6	A	B	B	B	A	B	A	A	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	-	A	B	A	B
FA5665	chr02	60,863	0.0	A	B	B	A/B	B	A/B	A	B	B	A/B	-	B	-	A/B	A/B	-	A/B	A/B	A/B
FA2404	chr02	5,120,420	31.0	A	B	B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	B	-	B	-	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B
FA1938	chr02	9,503,885	64.2	A	B	B	B	B	-	A/B	A/B	A/B	B	A	-	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B
FA0159	chr02	15,330,608	76.6	A	B	B	B	-	A	B	B	A/B	B	-	A	B	A/B	A	A/B	A	A/B	-
FA0802	chr02	18,982,914	89.8	A	B	B	B	-	-	A	B	A/B	B	-	A	B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B
FA0817	chr02	22,803,570	110.6	A	B	B	-	A	A/B	A	B	A	B	-	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B
FA1798	chr02	27,988,676	137.2	A	B	B	A/B	B	A/B	A	B	A	B	A/B	A/B	A/B	-	B	A/B	A/B	A/B	A/B
FA2480	chr02	34,839,350	164.3	A	B	B	B	A	A/B	A	B	A	B	A/B	A/B	B	A/B	-	B	A/B	B	B
FA5666	chr03	1,512,633	0.0	A	B	A/B	A	B	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	A
FA0198	chr03	5,008,708	31.0	A	B	A	A	A/B	B	A/B	A/B	B	B	B	B	A/B	A/B	B	B	A/B	B	A/B
FA2496	chr03	9,284,689	56.3	A	B	-	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	-	B	B	A/B	A/B	B	B	B	A	A/B
FA0210	chr03	11,883,862	82.0	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	A	A
FA2526	chr03	16,294,230	110.4	A	B	A/B	A/B	B	A	B	A	A	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B
FA2538	chr03	21,899,263	120.6	A	B	A/B	A/B	B	A	A/B	A	A/B	A	A	-	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	B
FA0229	chr03	25,722,435	142.8	A	B	A	A	A/B	A	A	A/B	A/B	A	-	A/B	B	A/B	A/B	B	A	B	B
FA2546	chr03	29,457,760	168.0	A	B	A	B	B	A	A	A	A	A/B	A/B	B	-	A/B	A/B	B	A	B	B
FA0949	chr03	34,032,965	186.5	A	B	A	A/B	B	-	A	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	B	A/B	A/B	B
FA2585	chr04	2,484,571	0.0	A	B	A	-	-	A/B	-	A	A/B	A	A	A	A/B	A	A	A	A/B	B	A/B
FA2040	chr04	6,315,700	8.9	A	B	A	A	A/B	-	A	A/B	A/B	A	A	A	A/B	A	A/B	A	A/B	B	A/B
FA0261	chr04	9,071,039	13.6	A	B	A	-	A/B	-	A/B	A/B	A/B	A	A	A/B	A	A/B	A	A/B	B	B	A/B
FA5667	chr04	12,494,877	15.5	A	B	A	A	B	B	A/B	-	A/B	A	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	B	B	A/B
FA5668	chr04	16,343,585	27.0	A	B	A	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	B	A/B	A/B
FA3778	chr04	19,584,310	54.0	A	B	B	A/B	B	B	-	B	-	A	A/B	A/B	-	A	A	B	B	B	A/B
FA2775	chr04	24,728,216	84.2	A	B	A/B	B	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B
FA1044	chr04	27,852,379	97.2	A	B	A/B	B	A/B	B	B	B	-	A/B	A/B	A/B	-	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B
FA0298	chr04	34,992,381	196.9	A	B	B	A/B	A	A	B	A	B	B	A/B	A/B	A	B	A/B	A	B	A/B	A/B
FA0300	chr05	164,299	0.0	A	B	A	A	A/B	-	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	-	A	A/B	B	A/B	B
FA1080	chr05	4,218,156	34.8	A	B	A	A/B	-	-	A/B	A	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	A	B
FA1087	chr05	7,932,384	55.3	A	B	A	B	B	A/B	B	A/B	B	B	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	B	A/B	B
FA2057	chr05	14,243,076	62.6	A	B	A/B	B	A	A/B	B	A/B	B	B	A/B	A/B	-	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B
FA2064	chr05	17,518,553	76.1	A	B	A/B	B	A	A/B	B	A/B	B	B	-	A/B	B	A/B	A	A/B	A/B	B	B
FA0337	chr05	21,904,936	101.8	A	B	-	B	A	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B
FA1119	chr05	23,439,597	108.7	A	B	A	B	A	A/B	A/B	B	A	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B
FA5669	chr05	29,761,590	140.8	A	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B	A	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B
FA2996	chr06	5,141,289	0.0	A	B	A	B	A	-	A/B	A/B	B	-	A	A/B	A/B	A	B	-	-	B	A/B
FA1154	chr06	9,268,433	19.3	A	B	A	B	A	A/B	-	-	B	B	-	A	B	A/B	B	A/B	B	-	A/B
FA5671	chr06	13,244,713	37.1	A	B	A	B	-	A/B	A	A	B	B	A	A	A/B	B	B	A	B	A/B	A/B
FA2079	chr06	22,661,976	58.6	A	B	A	B	A/B	B	A	A/B	B	A/B	A	A	A/B	-	A/B	A	B	B	B
FA0402	chr06	26,875,901	81.5	A	B	A	A/B	A/B	B	A	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	B	B
FA1209	chr06	28,274,737	90.6	A	B	A	A/B	A/B	B	A	A/B	B	-	A/B	-	-	A/B	B	A	B	A/B	B
FA2126	chr07	572,873	0.0	A	B	A/B	A	B	A/B	A/B	A	B	A/B	A/B	A/B	A/B	-	A/B	B	B	B	A/B
FA1227	chr07	3,117,572	36.1	A	B	A	A/B	B	-	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	B	B	A/B
FA1240	chr07	7,068,264	53.7	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A	A	B	A	A/B	-	A/B	-	A/B	B	A/B	B	A/B
FA5672	chr07	11,621,016	59.1	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A	A	-	A	A/B	A/B	-	-	A/B	B	A/B	B	A/B
FA0440	chr07	14,976,991	61.2	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	A/B	-	A	B	A/B	B	A/B
FA3130	chr07	18,925,425	76.5	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	A/B	A/B	B	A	A	A/B	A/B	B	A/B
FA1319	chr08	1,670,756	0.0	A	B	A	A/B	B	A	A/B	A	A	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A	B	A/B
FA4192	chr08	3,960,657	21.9	A	B	A/B	B	A/B	A	B	A	A	A	A	A	A/B	A/B	B	B	A	B	A/B
FA2173	chr08	8,710,644	41.7	A	B	A/B	B	A/B	A	A/B	B	A	A/B	-	-	A/B	-	B	B	A/B	B	A
FA1353	chr08	13,633,497	53.2	A	B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A	A/B	A	A	A/B	-	B	B	A/B	B	A
FA0497	chr08	16,754,156	55.1	A	B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A	A/B	A	A	A/B	-	B	B	A/B	B	A
FA2170	chr08	21,025,860	75.0	A	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	B	A
FA5235	chr08	27,021,950	107.2	A	B	A	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	B	B
FA5676	chr09	298,869	0.0	A	B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B
FA3226	chr09	5,004,736	4.5	A	B	B	A/B	B	B	B	A/B	B	A/B	A/B	A	B	A/B	B	-	B	A/B	A/B
FA3235	chr09	9,336,876	21.1	A	B	A/B	B	B	A/B	B	A	A/B	-	A/B	A/B	A	B	A/B	B	-	B	A/B
FA0539	chr09	11,131,149	31.3	A	B	A/B	A/B	B	A/B	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B
FA3271	chr09	22,921,187	221.3	A	B	B	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	-
FA5679	chr10	3505174	0.0	A	B	A/B	A/B	-	A	A/B	A/B	A/B	B	B	B	-	-	A	A/B	A/B	A	B
FA5680	chr10	6,704,504	9.8	A	B	A/B	A/B	B	A/B	A	A/B	A/B	B	B	B	B	A/B	A/B	B	A/B	A	B
FA1487	chr10	10,591,322	16.5	A	B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	B	B	B	B	B	A/B	B	A/B	B	A	B
FA3304	chr10	14,300,097	35.7	A	B	A/B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	B	B	B	A/B	A/B	A/B	B	B	A	B
FA1513	chr10	17,979,264	53.8	A	B	A/B	B	A/B	A	A	A	B	B	-	A/B	A/B	A	B	A/B	A/B	A/B	A/B
FA0603	chr10	22,389,675	88.0	A	B	A	B	A	A/B	A/B	A	A	B	A/B	A/B	B	B	A/B	B	A	B	A/B
FA3337	chr11	3,624,956	0.0	A	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B
FA5250	chr11	8,004,812	34.8	A	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	A	B	-	-	B	A/B	A/B	B	A/B	A	A
FA2219	chr11	20,177,208	68.7	A	B	A/B	A/B	-	A/B	B	A	B	A/B	A	A	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	A/B
FA3409	chr11	21,895,941	77.9	A	B	A/B	A/B	B	A/B	B	A	B	A/B	A	A	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	A/B
FA1667	chr12	2,573,060	0.0	A	B	A	A/B	A	B	B	B	B	A/B	A/B	A/B	-	-	B	A	A/B	A/B	A
FA3462	chr12	5,048,877	21.1	A	B	B	B	A	B	B	A/B	-	-	-	-	B	B	A	A/B	A	A/B	A/B
FA1695	chr12	8,388,238	30.9	A	B	A/B	B	A/B	B	A/B	-	B	A/B	A	-	A/B	B	B	A	A/B	A	A/B
FA3485	chr12	12,190,904	34.9	A	B	A/B	B	-	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	B	A	A/B	A	A/B	A/B
FA3511	chr12	17,955,332	52.2	A	B	A/B	A/B	B	B	A	A/B	B	A	A/B	B	A/B	A/B	B	A	A/B	B	A/B
FA5361	chr12	21,019,285	63.5	A	B	A/B	A/B	B	B	A	A/B	B	A	A/B	A/B	A/B	-	B	A	A/B	B	B
FA1766	chr12	25,904,754	93.5	A	B																	

marker name	Chromosome(I RGSP-1.0)	Position	Genetic distance (cM)	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37
FA0625	chr01	6,918	0.0	A/B	A/B	A/B	-	B	B	A	B	B	B	A/B	A	A	B	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B
FA0650	chr01	5,344,772	24.9	A	A/B	A/B	B	B	A	A/B	A	B	A	-	A	B	B	A/B	A/B	A	-	B	
FA2311	chr01	8,789,900	49.0	A	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	A	A	A/B	-	A	A/B	B	A/B	A	A	B	A/B
FA5660	chr01	25,458,624	123.7	B	A/B	A	A/B	A/B	-	A	A	A	A	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	
FA1899	chr01	31,859,289	147.8	B	A/B	A	A	A	A/B	B	A	A/B	A/B	A	A/B	A/B	-	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B
FA5662	chr01	37,337,260	173.8	B	A/B	A/B	B	A	A	B	A	A	B	A/B	A	-	A	B	B	A/B	B	A	-
FA5664	chr01	42,870,274	221.6	A	A/B	A	B	A	A	A/B	-	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B
FA5665	chr02	60,863	0.0	A/B	A	A/B	B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	B	B	A	A/B	A
FA2404	chr02	5,120,420	31.0	A/B	A/B	B	A/B	B	B	B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	B	A/B	B	-
FA1938	chr02	9,503,885	64.2	A/B	A/B	A/B	A	B	B	A	B	-	B	A/B	-	A/B	A	A/B	A	B	A/B	B	A
FA0159	chr02	15,330,608	76.6	A/B	-	A/B	A	B	B	A	B	A	B	A	-	A	A	B	A	B	A/B	B	A
FA0802	chr02	18,982,914	89.8	A/B	A/B	A/B	A	B	B	A	B	A/B	B	A	A/B	A/B	A	B	A	B	A/B	B	A
FA0817	chr02	22,803,570	110.6	A/B	A	B	A	B	B	A/B	B	A/B	B	A	A/B	A/B	A	-	A/B	B	A	B	A
FA1798	chr02	27,988,676	137.2	A/B	A	A/B	A	A	B	A	A/B	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	B	A
FA2480	chr02	34,839,350	164.3	A/B	A	B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	B	A	B	A/B	B	A	B	A/B	-	A/B	-
FA5666	chr03	1,512,633	0.0	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B	B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B
FA0198	chr03	5,008,708	31.0	-	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	B	A	-	A/B	A/B	B	A	A/B
FA2496	chr03	9,284,689	56.3	A/B	A/B	A/B	A	-	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	-	A	B	A/B	B	A	A/B
FA0210	chr03	11,883,862	82.0	A	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	B	A/B	B	A	A/B	A	A	B
FA2526	chr03	16,294,230	110.4	A/B	B	A	A/B	A/B	A	A/B	B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	A	A
FA2538	chr03	21,899,263	120.6	A/B	B	A	A/B	A/B	A	A/B	B	B	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	A	A
FA0229	chr03	25,722,435	142.8	A	B	A/B	B	A/B	A	A	A/B	B	B	A	A/B	A/B	B	-	A	A/B	A	-	A
FA2546	chr03	29,457,760	168.0	A	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B	A	B	A/B	A/B	B	A/B	-	A
FA0949	chr03	34,032,965	186.5	A	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B
FA2585	chr04	2,484,571	0.0	B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	A	A	A/B	A	B	A/B	A	A/B	A/B	B	A/B	A/B
FA2040	chr04	6,315,700	8.9	B	-	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	A	A	A/B	A	A/B	B	A	A/B	B	A/B	B	A/B
FA0261	chr04	9,071,039	13.6	B	A	A/B	B	B	A/B	A	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	B	A	A/B	B	A/B	B	A/B
FA5667	chr04	12,494,877	15.5	B	A	A/B	B	B	A/B	A	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	B	A	A/B	B	A/B	B	A/B
FA5668	chr04	16,343,585	27.0	B	A	A/B	A/B	B	A	A	B	A	A	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	A/B	-	A
FA3778	chr04	19,584,310	54.0	-	-	A/B	A/B	A	A/B	A	B	-	A	A	A/B	A	A	A/B	A/B	-	A	B	A
FA2775	chr04	24,728,216	84.2	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	B	A/B	A	A	B	A/B
FA1044	chr04	27,852,379	97.2	A/B	A/B	A/B	A/B	B	-	A/B	A/B	B	-	A	A/B	A/B	A	B	A	A	A	-	A/B
FA0298	chr04	34,992,381	196.9	B	A/B	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A	A	A	B	B	-	B	-
FA0300	chr05	164,299	0.0	-	A	B	A/B	A	A/B	A/B	A	A/B	B	A	A/B	B	B	A	A/B	A	A	A/B	A/B
FA1080	chr05	4,218,156	34.8	B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A	B	A	A	A	A/B	A/B
FA1087	chr05	7,932,384	55.3	A/B	B	A/B	A	A/B	B	A/B	A	A	A/B	A	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	B	A/B	B
FA2057	chr05	14,243,076	62.6	A/B	B	A/B	A	A/B	B	A/B	A	A	A/B	A	A/B	A	A	A	A/B	B	A/B	A/B	B
FA2064	chr05	17,518,553	76.1	A/B	B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A	A	A/B	A	A	A	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B
FA0337	chr05	21,904,936	101.8	A	B	B	B	A/B	A/B	B	B	A	A	A/B	A	A	A	B	A/B	B	B	A/B	A/B
FA1119	chr05	23,439,597	108.7	A	B	B	B	A/B	-	B	A/B	A	A	A/B	A	-	A	B	A/B	A	B	A/B	-
FA5669	chr05	29,761,590	140.8	A	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	A	A	-	A
FA2996	chr06	5,141,289	0.0	A	A	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	A	A	B	B	A/B	B	A/B	B	-	-	A/B	A
FA1154	chr06	9,268,433	19.3	A	A	A/B	-	A	A/B	A	A/B	A	A	B	A	B	B	A/B	-	B	-	A	A
FA5671	chr06	13,244,713	37.1	A/B	A	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A	A	B	A	B	A/B	B	A	B	B	A	A/B
FA2079	chr06	22,661,976	58.6	A	A	A/B	B	B	A	A	B	A	A	B	A	B	B	A/B	B	B	A/B	B	A
FA0402	chr06	26,875,901	81.5	A/B	A	A/B	A/B	B	A	A/B	B	A	B	B	A	A	B	B	A/B	B	A/B	A/B	B
FA1209	chr06	28,274,737	90.6	A/B	A	A	A/B	B	A/B	A/B	B	B	A/B	B	A	A	B	B	A/B	B	A/B	A/B	B
FA2126	chr07	572,873	0.0	A/B	B	A	A/B	B	A	A	B	B	B	B	A/B	A	A/B	B	A	A/B	B	-	B
FA1227	chr07	3,117,572	36.1	A/B	A	A/B	B	B	A/B	A	A	B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	-	A/B	A/B	B
FA1240	chr07	7,068,264	53.7	A/B	A	B	B	B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	B
FA5672	chr07	11,621,016	59.1	A/B	A	B	B	B	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A	B	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	B
FA0440	chr07	14,976,991	61.2	A/B	A	B	B	A/B	B	A/B	B	A/B	B	A/B	A	B	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	B
FA3130	chr07	18,925,425	76.5	B	A/B	B	B	A/B	B	A/B	A/B	B	B	A/B	A	B	A/B	A	B	A/B	-	B	
FA1319	chr08	1,670,756	0.0	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	B	A/B	B	B	A	B	A	B	A/B	A	B	B	A
FA4192	chr08	3,960,657	21.9	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A	A/B	B	A	-	A	A/B	A/B	A	B	B	A
FA2173	chr08	8,710,644	41.7	A	-	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	A	A/B	B	A	A/B	A	A	-	A	B	A	A
FA1353	chr08	13,633,497	53.2	A/B	A	-	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	A	A	A	A/B	B	A/B	A
FA0497	chr08	16,754,156	55.1	A/B	A	A/B	B	A	A/B	A	A/B	A/B	B	-	A/B	A/B	A	A	A/B	B	A/B	A	A
FA2170	chr08	21,025,860	75.0	-	A/B	A/B	B	A	A/B	A	A	B	B	A/B	A/B	B	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	B
FA5235	chr08	27,021,950	107.2	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A	A/B	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	-	A/B
FA5676	chr09	298,869	0.0	B	B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	-	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B
FA3226	chr09	5,004,736	4.5	B	B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	A/B	A	B	A	A/B
FA3235	chr09	9,336,876	21.1	A/B	B	A/B	A/B	-	B	A	B	A/B	B	A/B	B	B	A/B	A	A	A/B	A	B	A/B
FA0539	chr09	11,131,149	31.3	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B	B	B	B	B	B	A/B	A	A/B	A/B	A	B	A/B
FA3271	chr09	22,921,187	221.3	-	A/B	A/B	A	B	A	B	-	-	B	A	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B
FA5679	chr10	3505174	0.0	A/B	A/B	A/B	A	A	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A	A	A/B	A/B	A
FA5680	chr10	6,704,504	9.8	A/B	B	A/B	A	A	A	B	A	A/B	-	-	A/B	A/B	A	B	A	A	A/B	A/B	A/B
FA1487	chr10	10,591,322	16.5	A	B	A/B	A	A/B	A	B	A	A/B	A	-	A/B	A/B	A	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B
FA3304	chr10	14,300,097	35.7	A/B	B	A/B	A	A/B	A	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	A	A	A	A	A	A/B	A/B	A/B
FA1513	chr10	17,979,264	53.8	B	B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	B	A	A	A/B	A	A	A/B	A	A/B	A/B
FA0603	chr10	22,389,675	88.0	-	A/B	B	A	A/B	A	A/B	A/B	A	A/B	A	B	A/B	A	-	A	A/B	A/B	B	A
FA3337	chr11	3,624,956	0.0	A	A	B	B	A	B	B	A/B	A	B	A	A/B	A/B	B	A/B	A	A/B	B	A/B	-
FA5250	chr11	8,004,812	34.8	A	A	B	-	-	A/B	A/B	B	A	A	A/B	A/B	A	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B
FA2219	chr11	20,177,208	68.7	A	B	A/B	A	A	A/B	B	A	A/B	B	A	B	A	B	A	B	A	A/B	A/B	B
FA3409	chr11	21,895,941	77.9	A	A/B	B	A/B	A	A/B	A/B	B	A	A/B	A	B	A	B	B	A/B	A	A/B	A/B	B
FA1667	chr12	2,573,060	0.0	B	B	A/B	A	A	B	A/B	A/B	B	A	A/B	B	B	B	B	A/B	A/B	A/B	-	A/B
FA3462	chr12	5,048,877	21.1	B	B	A/B	A	-	B	A/B	A/B	B	A	A/B	B	B	A/B	B	A	A/B	A/B	A/B	B
FA1695	chr12	8,388,238	30.9	A/B	B	A/B	A	A/B	B	A/B	A/B	B	-	A/B	B	B	A/B	B	A	-	A/B	A/B	B
FA3485	chr12	12,190,904	34.9	A/B	B	A/B	A	A/B	B	A/B	A												

marker name	Chromosome(I RGSP-1.0)	Position	Genetic distance (cM)	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57
FA0625	chr01	6,918	0.0	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	A	-	B	A/B	A/B	A	B	A
FA0650	chr01	5,344,772	24.9	B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	B	A	A	B	-	-	B	A/B	A
FA2311	chr01	8,789,900	49.0	B	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	B	A/B	B	A	A	A	B	A/B	B	A/B	A	
FA5660	chr01	25,458,624	123.7	A/B	A	B	A/B	B	A/B	B	B	B	B	B	A/B	A/B	A	A	A	B	A/B	A/B	A/B
FA1899	chr01	31,859,289	147.8	A/B	A/B	B	A	B	A	A/B	B	B	B	A/B	B	B	A/B	A	A	B	A/B	A/B	A/B
FA5662	chr01	37,337,260	173.8	A	A/B	B	A	B	A/B	A	B	B	B	A/B	B	B	A/B	A/B	-	B	-	-	-
FA5664	chr01	42,870,274	221.6	B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	B	B	A/B	A	B	B	A	A	B	A/B	A	A/B
FA5665	chr02	60,863	0.0	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	B	A	A	A
FA2404	chr02	5,120,420	31.0	B	B	B	A	A	A/B	A/B	B	A	B	A/B	A/B	B	A	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B
FA1938	chr02	9,503,885	64.2	B	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	B	A	B	A	A/B	B	A/B	A/B	-	A/B	A/B	-	A
FA0159	chr02	15,330,608	76.6	A/B	A/B	B	B	A/B	A	A	-	A	B	A	A/B	B	-	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A
FA0802	chr02	18,982,914	89.8	B	B	B	A/B	A	A	B	A	B	A	B	A	B	B	A	A/B	A/B	A	B	B
FA0817	chr02	22,803,570	110.6	A/B	B	A/B	B	A/B	A	A	A/B	A/B	B	A	B	B	A	B	B	A	A/B	A/B	A/B
FA1798	chr02	27,988,676	137.2	B	B	A	A	B	A	A	A/B	A/B	B	A	B	B	A/B	B	-	A	A/B	A	B
FA2480	chr02	34,839,350	164.3	B	A/B	A	A/B	B	A	A	A/B	A	B	A	A/B	B	A	A/B	A	A	B	A/B	A/B
FA5666	chr03	1,512,633	0.0	A/B	-	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	B	A/B	A	A/B	B	B	A/B	B	A/B	A/B	B	B
FA0198	chr03	5,008,708	31.0	A	B	B	A	A/B	A	A/B	A/B	B	A	A/B	A/B	B	B	A/B	-	B	A/B	A/B	B
FA2496	chr03	9,284,689	56.3	-	B	A/B	A	A/B	A	A/B	A	A/B	A	B	-	A/B	B	B	-	-	A	A	B
FA0210	chr03	11,883,862	82.0	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A	A	A	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	A	B
FA2526	chr03	16,294,230	110.4	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	A	A/B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A/B
FA2538	chr03	21,899,263	120.6	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	A	A	A	B	A	B	A	A	A/B	-	B	A/B	A	A/B
FA0229	chr03	25,722,435	142.8	A/B	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A	A	B	A	A/B	A	A	A	A	A/B	B	A	A
FA2546	chr03	29,457,760	168.0	A/B	A/B	A/B	B	A	A	A/B	A	B	B	A	-	A	A	A	A	A/B	B	A	A/B
FA0949	chr03	34,032,965	186.5	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	B	B	A	A/B	A/B	A	A	A	A/B	A/B	A	A
FA2585	chr04	2,484,571	0.0	-	A/B	A/B	A	B	A	A/B	A/B	-	A	A/B	A	A/B	B	A	-	A	A	B	B
FA2040	chr04	6,315,700	8.9	A	A/B	A/B	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	-	A	B	A	A	A/B	B
FA0261	chr04	9,071,039	13.6	A	A/B	A/B	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	B	A	B	A	A	A/B	B
FA5667	chr04	12,494,877	15.5	A	A/B	A/B	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	B	A	B	A	A	A/B	B
FA5668	chr04	16,343,585	27.0	A	B	A/B	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	B	A/B	A/B	A	A	A/B	B
FA3778	chr04	19,584,310	54.0	A	B	B	A	A/B	A/B	A	A/B	-	A	-	A	A/B	B	B	-	A	A	-	B
FA2775	chr04	24,728,216	84.2	A	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B	A	A/B	A/B
FA1044	chr04	27,852,379	97.2	A	B	A/B	A	A	A	A/B	A	A/B	A/B	A/B	-	A	B	A/B	-	B	A	A/B	A/B
FA0298	chr04	34,992,381	196.9	A	A	-	A/B	B	B	A	A/B	A	A	A/B	A/B	B	B	B	A	A	A	A/B	B
FA0300	chr05	164,299	0.0	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	B	A	A/B	B	A/B	B	A	A	B	B	A/B	A/B	A/B	B
FA1080	chr05	4,218,156	34.8	A	-	A/B	A/B	B	A/B	B	A	A/B	B	A/B	A/B	A	B	A	-	A/B	A/B	A/B	A
FA1087	chr05	7,932,384	55.3	A	A/B	A/B	A	A	B	A	A/B	B	A/B	A/B	A	B	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A
FA2057	chr05	14,243,076	62.6	A	B	A/B	A/B	A	A	B	A	A/B	B	A/B	A	A	B	A	-	A/B	A	A/B	A
FA2064	chr05	17,518,553	76.1	A	B	A/B	A/B	A	A/B	B	A	A	B	B	A	A	B	A	-	A/B	A	A	A
FA0337	chr05	21,904,936	101.8	A/B	B	A/B	B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	A	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A
FA1119	chr05	23,439,597	108.7	A/B	B	A/B	B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	A	B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B
FA5669	chr05	29,761,590	140.8	A/B	-	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	B	B	B	A	B	B	A/B	-	A	A/B	A/B	B
FA2996	chr06	5,141,289	0.0	A	-	B	B	B	B	A	B	A	A/B	A/B	B	A	-	B	-	A/B	A/B	B	A/B
FA1154	chr06	9,268,433	19.3	A	A/B	B	A/B	B	B	A/B	B	A	A/B	A	B	A/B	A/B	A/B	-	A	A/B	A/B	A/B
FA5671	chr06	13,244,713	37.1	A	B	B	A	A/B	B	B	B	A/B	A	A/B	B	-	A/B	A	-	A	A/B	A/B	A/B
FA2079	chr06	22,661,976	58.6	A	B	B	A/B	A/B	A	A/B	B	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	A	-	A	A/B	A	A/B
FA0402	chr06	26,875,901	81.5	A/B	B	B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	B	A	A	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B
FA1209	chr06	28,274,737	90.6	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A	A	A	-	A/B	A/B	A	A/B	B	A/B	A/B
FA2126	chr07	572,873	0.0	B	B	B	B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	B	B	A/B	A	A/B	A/B
FA1227	chr07	3,117,572	36.1	B	-	B	B	B	B	A	A	B	-	B	A/B	A/B	A	B	A	B	A	A/B	A
FA1240	chr07	7,068,264	53.7	B	A/B	A	B	A/B	B	A/B	A	A/B	A	B	A/B	A/B	A	B	A	B	A/B	A/B	A/B
FA5672	chr07	11,621,016	59.1	B	A/B	A	B	A/B	B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	-	A	B	A	B	B	A/B	A
FA0440	chr07	14,976,991	61.2	B	A/B	A	B	A/B	B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	B	-	B	B	A/B	A
FA3130	chr07	18,925,425	76.5	B	B	A	B	B	B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	B	A	B	B	B	B	A/B	A
FA1319	chr08	1,670,756	0.0	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A	A/B	A	A/B	B	B	A/B	-	A	A/B	B	A
FA4192	chr08	3,960,657	21.9	B	B	A	A/B	B	A/B	B	A/B	A	A	A/B	A/B	B	B	A/B	B	A	A/B	A/B	A/B
FA2173	chr08	8,710,644	41.7	B	A/B	A	A/B	B	A/B	A	A/B	A/B	A	B	A	A/B	B	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B
FA1353	chr08	13,633,497	53.2	B	A/B	A	B	A/B	A/B	A	A/B	A	A	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	A/B	A/B
FA0497	chr08	16,754,156	55.1	B	A/B	A	B	A/B	A/B	A	A/B	A	A	B	A/B	A/B	A/B	A/B	-	A/B	B	A/B	A/B
FA2170	chr08	21,025,860	75.0	B	A/B	A	B	B	A	A/B	A/B	A	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B
FA5235	chr08	27,021,950	107.2	A/B	A/B	A	B	B	A/B	A/B	B	A/B	B	B	A	A/B	A/B	A/B	-	A	A/B	A/B	A/B
FA5676	chr09	298,869	0.0	A	A	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	B	B	B	B	B	B	B
FA3226	chr09	5,004,736	4.5	A	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	B	A/B	B	B	B	B	B	B	B	B
FA3235	chr09	9,336,876	21.1	A	A	-	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	A	B	A/B	A/B	A/B	B	B	-	A	B
FA0539	chr09	11,131,149	31.3	A	A	A/B	B	A/B	B	B	A/B	A	A	A	B	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	A	B
FA3271	chr09	22,921,187	221.3	A/B	B	A	B	B	A	A	A	A	A/B	A/B	A	A/B	B	B	A	A/B	B	A/B	B
FA5679	chr10	3505174	0.0	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	B	A/B	B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	A	B	A/B	A/B
FA5680	chr10	6,704,504	9.8	A/B	B	B	A/B	B	B	B	A/B	B	B	-	A	B	A/B	A/B	A	A	B	A/B	A/B
FA1487	chr10	10,591,322	16.5	A/B	B	B	A/B	B	B	B	A/B	B	B	A/B	A	B	A/B	A/B	-	A/B	B	A/B	A/B
FA3304	chr10	14,300,097	35.7	A/B	B	B	A/B	B	A/B	B	B	A/B	B	A	A	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B
FA1513	chr10	17,979,264	53.8	A	B	B	A/B	B	A	A/B	B	A/B	-	A	A/B	A	-	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B
FA0603	chr10	22,389,675	88.0	A	A/B	A/B	A/B	B	A	A	A/B	A/B	A	-	A/B	A	A	B	A/B	A/B	A	A/B	A/B
FA3337	chr11	3,624,956	0.0	A	B	A/B	B	B	A/B	B	A	A/B	A/B	A	B	A/B	A	A/B	A	A	A	A	A/B
FA5250	chr11	8,004,812	34.8	A	B	B	B	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	A	B	A	A	A	-	A	A/B	A	B
FA2219	chr11	20,177,208	68.7	A/B	-	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	-	A/B	-	-	A	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B
FA3409	chr11	21,895,941	77.9	A/B	A/B	A	A/B	A/B	-	A/B	A	A/B	A/B	A/B	-	A	A/B	B	A	B	B	-	-
FA1667	chr12	2,573,060	0.0	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	-	A	-	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	B	A
FA3462	chr12	5,048,877	21.1	B	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	B	A/B	-	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B	-	A/B	B	A/B
FA1695	chr12	8,388,238	30.9	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B	A	A/B	A/B	B	B
FA3485	chr12	12,190,904	34.9	A/B	A/B	-	A/B	B	B	B	B	A/B	A/B	A/B									

marker name	Chromosome(I RGSP-1.0)	Position	Genetic distance (cM)	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77
FA0625	chr01	6,918	0.0	A	A	A/B	A/B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A	B	A/B	B
FA0650	chr01	5,344,772	24.9	A	A/B	A/B	B	B	A/B	A	A/B	B	A/B	A/B	-	A/B	A	A	A	A	B	-	B
FA2311	chr01	8,789,900	49.0	A/B	B	A/B	B	B	A/B	A/B	A	B	B	A	A	A/B	A/B	A	A/B	A	B	A/B	B
FA5660	chr01	25,458,624	123.7	A	B	A	A/B	B	A	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	A/B	B	-	A/B	A/B	B
FA1899	chr01	31,859,289	147.8	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	B	B	A	A	A/B	B
FA5662	chr01	37,337,260	173.8	-	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	B	B	-	A/B	B	A	B	A	B
FA5664	chr01	42,870,274	221.6	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	A	A/B	A/B	B	A	A/B	A	A/B	A	A/B	B	A	A/B
FA5665	chr02	60,863	0.0	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	B	B	A	A/B	B	-	A	B	B
FA2404	chr02	5,120,420	31.0	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	A/B	A	A/B	B	A/B	A	B	A	A/B	A	B	A/B
FA1938	chr02	9,503,885	64.2	A	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A	-	A/B	A/B	B	A	B	B	A	A	A	A	A/B
FA0159	chr02	15,330,608	76.6	A	A/B	A	A	A	A	A/B	A	B	A/B	A	B	A	B	B	A	A/B	-	A/B	A/B
FA0802	chr02	18,982,914	89.8	B	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	A	B	A	A	B	A	B	B	A	A/B	A/B	B	A/B
FA0817	chr02	22,803,570	110.6	B	A/B	A	A	B	A	A/B	A/B	B	B	A	B	A	A/B	B	A/B	A	-	B	A/B
FA1798	chr02	27,988,676	137.2	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	B	A	A	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B
FA2480	chr02	34,839,350	164.3	A	B	-	A/B	A	A/B	A/B	A/B	-	A	A/B	B	A	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B
FA5666	chr03	1,512,633	0.0	A	B	A	A	A/B	-	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	-	A/B
FA0198	chr03	5,008,708	31.0	A	B	A	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A	A	B	A/B	A/B	-	A/B	A	B	A/B
FA2496	chr03	9,284,689	56.3	A	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	A	A	A/B	A/B	B	-	A	-	B	A
FA0210	chr03	11,883,862	82.0	A	B	A/B	A	A/B	A/B	B	A	A/B	B	A	A	A/B	A	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B
FA2526	chr03	16,294,230	110.4	A	B	A	A/B	A	A/B	B	A	A/B	B	A	A	A/B	A	A/B	A	A	A/B	B	A/B
FA2538	chr03	21,899,263	120.6	A/B	B	-	A/B	A	A/B	B	A/B	A	B	A	A	A/B	A	A/B	A	A	A	B	A/B
FA0229	chr03	25,722,435	142.8	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A	B	A/B	A	B	A	A	A	A/B	A	A/B	A	-	A	A/B
FA2546	chr03	29,457,760	168.0	A/B	A/B	-	A/B	B	A/B	B	A	A	B	A	A	A/B	A	B	A	A	A/B	A	A/B
FA0949	chr03	34,032,965	186.5	A	A	A	A/B	B	A/B	B	A	A/B	B	A	A	A	A	B	A	A/B	-	A	A/B
FA2585	chr04	2,484,571	0.0	B	A/B	A/B	A	B	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	B	A/B	A/B	A/B	A	A
FA2040	chr04	6,315,700	8.9	B	B	A/B	A	B	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B	A	A
FA0261	chr04	9,071,039	13.6	B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B	A	A
FA5667	chr04	12,494,877	15.5	B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B	B	A	A
FA5668	chr04	16,343,585	27.0	B	B	B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	A	B	A/B	B	A/B	B	A	A/B
FA3778	chr04	19,584,310	54.0	B	B	A	A	-	A	A/B	A	B	A/B	A	-	A	A/B	-	A/B	-	B	A	A
FA2775	chr04	24,728,216	84.2	A/B	A/B	A	A	A	A/B	A/B	A	A/B	B	A	A/B	A	A	A/B	A	A	B	A/B	A
FA1044	chr04	27,852,379	97.2	A	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A	A	B	A	A	A/B	A	A/B	A/B	A	B	A/B	A
FA0298	chr04	34,992,381	196.9	A	A/B	B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	B	A	A	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B
FA0300	chr05	164,299	0.0	A/B	A/B	A	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B
FA1080	chr05	4,218,156	34.8	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	B
FA1087	chr05	7,932,384	55.3	A/B	B	B	A/B	A/B	B	A	B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	B
FA2057	chr05	14,243,076	62.6	A/B	B	B	A/B	A/B	B	A	B	B	A	A	A/B	A/B	B	B	B	A	A/B	A/B	B
FA2064	chr05	17,518,553	76.1	A/B	B	B	A/B	A/B	B	A	B	B	A	A	A/B	B	B	B	B	A	A	A/B	A/B
FA0337	chr05	21,904,936	101.8	A	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	B	A/B	B	B	A/B	A	A/B	A/B	A
FA1119	chr05	23,439,597	108.7	A	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	A	B	A/B	B	B	-	A	-	A	A
FA5669	chr05	29,761,590	140.8	A/B	-	B	B	A/B	A/B	A/B	A	A	A	A	B	A/B	A/B	A/B	A	A	A	A/B	A
FA2996	chr06	5,141,289	0.0	A/B	-	A	A	B	A	B	A/B	B	-	A	A	A/B	A	B	A	-	A	B	A/B
FA1154	chr06	9,268,433	19.3	A/B	-	A	A	B	A	A/B	B	B	A/B	A	A	A	A	B	A	A/B	A	A/B	A
FA5671	chr06	13,244,713	37.1	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	A	B	B	A	A	A	A	A	B	A	A/B	A	-	A
FA2079	chr06	22,661,976	58.6	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	A	A	A	A/B	A/B	B	A	A/B	A	A/B	A
FA0402	chr06	26,875,901	81.5	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	A	B	A	A	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	A	A	B	A
FA1209	chr06	28,274,737	90.6	A/B	A/B	B	B	A/B	A	A	B	A	A	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	A	A	B	A
FA2126	chr07	572,873	0.0	A/B	A/B	B	A/B	A/B	-	-	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	A	B	A
FA1227	chr07	3,117,572	36.1	A/B	A/B	B	A/B	A	A/B	A	A	B	B	A/B	A/B	A/B	B	B	A	A	B	A	A
FA1240	chr07	7,068,264	53.7	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	B	B	A/B	A/B	A	B	A/B	A	A	B	A/B
FA5672	chr07	11,621,016	59.1	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	B	B	A/B	A/B	A	B	A/B	A/B	A	B	A/B
FA0440	chr07	14,976,991	61.2	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	B	B	A/B	A/B	A	B	A/B	A/B	A	B	A/B
FA3130	chr07	18,925,425	76.5	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A	A	B	B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A
FA1319	chr08	1,670,756	0.0	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	A	A/B	A	B	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B
FA4192	chr08	3,960,657	21.9	A	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A	A/B	B	B	B	A/B	A/B	A	A	B
FA2173	chr08	8,710,644	41.7	A	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	B	B	A	A/B	A	A	B	A
FA1353	chr08	13,633,497	53.2	A	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	A	A/B	A/B	B	B	A	A/B	A	A	B
FA0497	chr08	16,754,156	55.1	A	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	A	A/B	A/B	B	B	A	A	A	A	B
FA2170	chr08	21,025,860	75.0	A	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A	B	B	B
FA5235	chr08	27,021,950	107.2	A/B	B	A	A/B	B	A/B	A	A	A/B	B	A/B	B	A	A	A/B	A	A/B	A	B	A/B
FA5676	chr09	298,869	0.0	A/B	A	A	B	A/B	A/B	A/B	B	A	A	A	A	A	A/B	B	B	B	A	A/B	-
FA3226	chr09	5,004,736	4.5	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	-	B	A	A	A	A	A	A/B	B	B	B	A	A/B	-
FA3235	chr09	9,336,876	21.1	A	A/B	A	A/B	-	A	A	-	A	A	-	A	A	A/B	B	B	B	A	A	-
FA0539	chr09	11,131,149	31.3	A	A/B	A	A/B	A/B	A	A	A/B	A	A	A/B	A	A/B	B	B	B	B	A/B	A	B
FA3271	chr09	22,921,187	221.3	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	B	A/B	B	A/B	B	A/B	A
FA5679	chr10	3505174	0.0	B	A/B	A/B	A	B	A/B	A/B	B	A/B	A	A/B	B	A/B	A	A	A/B	A/B	A	A/B	A
FA5680	chr10	6,704,504	9.8	B	-	-	A	B	A/B	B	A/B	B	A	A	A/B	B	A/B	A	-	A/B	B	A	A/B
FA1487	chr10	10,591,322	16.5	B	B	A/B	A	B	A/B	B	A/B	B	A/B	A	A/B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B
FA3304	chr10	14,300,097	35.7	A/B	A/B	A/B	A	A	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B
FA1513	chr10	17,979,264	53.8	A/B	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	A	B	B	A/B	-
FA0603	chr10	22,389,675	88.0	A/B	A/B	A	A	A	A/B	B	A/B	A	A	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B
FA3337	chr11	3,624,956	0.0	A	B	A/B	A/B	A	A	B	B	A	B	B	A/B	A/B	B	A	B	A	B	A	A/B
FA5250	chr11	8,004,812	34.8	A/B	B	A/B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	B	-	A/B	A/B	B	B	B	-	B	A	A
FA2219	chr11	20,177,208	68.7	A	B	B	A/B	-	A	A/B	A/B	A/B	B	A	A/B	A/B	B	B	B	A/B	A	B	A
FA3409	chr11	21,895,941	77.9	A	B	A	B	A	A	A/B	A/B	B	A/B	B	A	A/B	A/B	B	B	B	A/B	A	A/B
FA1667	chr12	2,573,060	0.0	A/B	B	B	B	A/B	B	A/B	A	A/B	A/B	A	A/B	A	A	A/B	A/B	B	B	A/B	B
FA3462	chr12	5,048,877	21.1	A/B	B	-	B	A	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	-	A/B	B	B	B	A/B	B
FA1695	chr12	8,388,238	30.9	A/B	B	-	B	A/B	B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A	B	B	B	A/B	B
FA3485	chr12	12,190,904	34.9	A/B	B	A	B	-															

marker name	Chromosome(I RGSP-1.0)	Position	Genetic distance (cM)	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96
FA0625	chr01	6,918	0.0	A/B	A	B	B	-	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	-	A/B	A/B
FA0650	chr01	5,344,772	24.9	B	A	A/B	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A	-	B	B	
FA2311	chr01	8,789,900	49.0	B	A	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A	A/B	B	A/B	A	A	A/B	A/B	A	-	B	A/B
FA5660	chr01	25,458,624	123.7	A/B	A/B	A/B	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	
FA1899	chr01	31,859,289	147.8	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	A	A	A	A/B	
FA5662	chr01	37,337,260	173.8	-	A	A	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B	-	A/B	A	B	A/B	B
FA5664	chr01	42,870,274	221.6	A/B	A	A/B	B	A/B	B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	A	
FA5665	chr02	60,863	0.0	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	A	B	B	A	-	A/B	A/B	A	A/B	B	A
FA2404	chr02	5,120,420	31.0	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A	B	A/B	A/B	A	A/B	B	A	A/B	A/B	B
FA1938	chr02	9,503,885	64.2	A/B	-	A	A/B	B	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	A/B	B
FA0159	chr02	15,330,608	76.6	A/B	A	-	A/B	B	A/B	A	A	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	-	B	A/B	A	
FA0802	chr02	18,982,914	89.8	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	A	A	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A	
FA0817	chr02	22,803,570	110.6	A/B	-	A	A/B	B	A/B	A	A	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	-	A/B	B	A
FA1798	chr02	27,988,676	137.2	A	A/B	A	A/B	B	A/B	A	A	A	A/B	B	A/B	A	A	B	A/B	B	A/B	A
FA2480	chr02	34,839,350	164.3	A	A/B	A/B	A/B	B	A/B	-	A	A	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A	B	A/B	A/B
FA5666	chr03	1,512,633	0.0	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	A/B	A/B
FA0198	chr03	5,008,708	31.0	B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	A	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B
FA2496	chr03	9,284,689	56.3	B	A/B	A/B	A/B	B	-	A/B	B	B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B
FA0210	chr03	11,883,862	82.0	A/B	A	A	A/B	B	A/B	A/B	B	B	A	B	B	A/B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B
FA2526	chr03	16,294,230	110.4	A	A	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A	A/B	A/B	A	B	B	A	A/B	A/B	A/B
FA2538	chr03	21,899,263	120.6	A	A	A	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	A	A/B	A/B	A/B
FA0229	chr03	25,722,435	142.8	A	A	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	B
FA2546	chr03	29,457,760	168.0	B	A	A/B	B	A/B	A/B	B	A	A/B	A	A/B	A	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B
FA0949	chr03	34,032,965	186.5	A/B	A	B	-	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	B	-	A/B	B	A/B	B	A/B
FA2585	chr04	2,484,571	0.0	A/B	A/B	A	A/B	B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	-	B	A/B	A/B	A/B
FA2040	chr04	6,315,700	8.9	A/B	A/B	A	A/B	B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	A/B	A/B
FA0261	chr04	9,071,039	13.6	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A	A/B	A/B
FA5667	chr04	12,494,877	15.5	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A	A/B	A/B
FA5668	chr04	16,343,585	27.0	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A	A/B	A/B
FA3778	chr04	19,584,310	54.0	A/B	-	B	B	B	B	A/B	A	A/B	A/B	B	B	-	A/B	A	B	A	B	A
FA2775	chr04	24,728,216	84.2	B	-	B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A
FA1044	chr04	27,852,379	97.2	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B
FA0298	chr04	34,992,381	196.9	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B
FA0300	chr05	164,299	0.0	A	B	A/B	A	A	A/B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	B
FA1080	chr05	4,218,156	34.8	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	B	A/B	B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	B
FA1087	chr05	7,932,384	55.3	-	A	A	A/B	A/B	A/B	B	A	A	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	B
FA2057	chr05	14,243,076	62.6	A/B	-	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	A	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	B
FA2064	chr05	17,518,553	76.1	A	A	A/B	-	-	A/B	B	A	A	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B
FA0337	chr05	21,904,936	101.8	A/B	A	B	A/B	A/B	A/B	B	B	A	B	B	B	A	B	A/B	A	A/B	A/B	B
FA1119	chr05	23,439,597	108.7	A/B	A	A/B	-	-	A/B	B	B	A	B	A/B	B	A	B	A/B	A	A/B	A/B	B
FA5669	chr05	29,761,590	140.8	A/B	A/B	A/B	-	-	A/B	B	B	A/B	B	A/B	B	B	A	A	A	-	A/B	A/B
FA2996	chr06	5,141,289	0.0	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A	A	A/B	B	A/B	A/B	-	B	A/B	B	A/B	A/B
FA1154	chr06	9,268,433	19.3	A/B	A/B	B	-	-	A/B	A/B	A	A	A/B	B	A/B	A/B	-	A/B	A	A/B	A/B	
FA5671	chr06	13,244,713	37.1	A/B	-	B	-	-	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	-	A/B	A/B	A	A	A	A/B	
FA2079	chr06	22,661,976	58.6	A	-	B	A/B	A/B	A/B	A	-	A	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	A/B	A	A	B
FA0402	chr06	26,875,901	81.5	B	B	B	A/B	A	B	B	A/B	A	B	A	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B	A	B
FA1209	chr06	28,274,737	90.6	B	B	B	B	A	B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	B	B	A/B	A	A	B
FA2126	chr07	572,873	0.0	B	A/B	A	A	B	A	B	A/B	A/B	B	A/B	B	A	A	B	A/B	A/B	A	B
FA1227	chr07	3,117,572	36.1	B	A	B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A	A/B	A	B
FA1240	chr07	7,068,264	53.7	B	A/B	B	A/B	B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A	A/B	A	A/B	A	A/B
FA5672	chr07	11,621,016	59.1	B	A/B	B	A/B	B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	B	-	A/B	A	A/B	A	A/B
FA0440	chr07	14,976,991	61.2	B	A/B	B	A/B	B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	B	B	A/B	A/B	A	A/B	A	A/B
FA3130	chr07	18,925,425	76.5	A/B	A/B	B	A	B	A/B	A/B	A/B	B	B	A/B	B	B	A/B	A	A	A/B	A	A/B
FA1319	chr08	1,670,756	0.0	B	A	A	A	B	A	A	A	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B
FA4192	chr08	3,960,657	21.9	A/B	A	A	A	B	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B
FA2173	chr08	8,710,644	41.7	A/B	A	A	A	B	B	A/B	A/B	A	A	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B
FA1353	chr08	13,633,497	53.2	A/B	A	A	A	B	B	-	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	-	A/B	A	A/B	A/B	A/B
FA0497	chr08	16,754,156	55.1	A/B	A	-	A	B	B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	B	-	A/B	A	A/B	A/B	A/B
FA2170	chr08	21,025,860	75.0	A	A	A	A	B	B	A/B	A/B	A/B	A	A	A	B	A/B	A/B	A	A	A	A
FA5235	chr08	27,021,950	107.2	A	A/B	A	A	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A	A	B	A	A/B	A	A/B	A	A
FA5676	chr09	298,869	0.0	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A	A/B	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	A
FA3226	chr09	5,004,736	4.5	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	-	A	A/B	B	B	A	A/B	A/B	A/B	B	B	A
FA3235	chr09	9,336,876	21.1	-	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	A	B	-	A/B	A	A	-	-	B	B	A
FA0539	chr09	11,131,149	31.3	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	B	A/B	A	B	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	B	B	A/B
FA3271	chr09	22,921,187	221.3	A/B	A/B	A/B	B	A/B	A	-	A/B	A	B	A/B	A	B	B	B	B	A/B	B	A/B
FA5679	chr10	3505174	0.0	A/B	B	A/B	A/B	B	B	B	A	A/B	A/B	A/B	A	A	A/B	A	A	B	A/B	A
FA5680	chr10	6,704,504	9.8	A/B	B	A/B	A/B	B	A/B	B	A	A/B	A/B	A/B	A	A	A	A	A	B	A/B	A
FA1487	chr10	10,591,322	16.5	A/B	B	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	A	A	A	B	A/B	A
FA3304	chr10	14,300,097	35.7	A/B	B	A/B	A/B	A	A/B	B	A/B	A/B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A
FA1513	chr10	17,979,264	53.8	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A	B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	A
FA0603	chr10	22,389,675	88.0	A/B	A/B	-	B	-	A/B	B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	-	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B
FA3337	chr11	3,624,956	0.0	A/B	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	B	B	B	B	A	A/B	A/B	B	A/B	B	B
FA5250	chr11	8,004,812	34.8	B	A	A/B	B	A/B	B	A/B	B	B	B	A/B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B
FA2219	chr11	20,177,208	68.7	A/B	A/B	A	A/B	-	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	B	A/B	A/B	B	A	A/B	A/B	A
FA3409	chr11	21,895,941	77.9	-	A/B	A	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	B	A/B	A	B	A	A/B	A/B	A
FA1667	chr12	2,573,060	0.0	B	A/B	A	A/B	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	B	A/B	A/B	A	A	A/B	A/B	A	A/B
FA3462	chr12	5,048,877	21.1	B	A/B	A	A/B	A/B	B	A	-	A/B	B	A/B	A/B	B	A	A/B	A/B	A	A	A/B
FA1695	chr12	8,388,238	30.9	B	A/B	A	-	B	-	A	-	A/B	A/B	A/B	A/B	B	A	A/B	-	A/B	A	A
FA3485	chr12	12,190,904	34.9	B	B	A	-	B	-	A	-	A/B	A/B	A/B	-	B	A	A/B	-	-	A	A
FA3511	chr12	17,955,332	52.2	B	A	A	A/B	B	B	A	-	A/B	A/B	B	A	B	A	A/B	A/B	A	B	A
FA5361	chr12	21,019,285	63.5	A/B	A	A/B	A	B	B	A	A/B	A/B	B									

付表 11 親品種における *SbeIIb* 周辺 2kbp 領域の塩基配列比較

Os02t0528200-01	Chromosome(I RGSP-1.0)	Start(bp)	End(bp)	Reference (Nipponbare)	Kitayukimochi	Shirokumamochi
	chr02	19,369,024	19,369,024	A	A	G
	chr02	19,368,973	19,368,973	A	A	G
	chr02	19,368,742	19,368,742	G	G	A
	chr02	19,368,718	19,368,718	A	A	G
	chr02	19,368,649	19,368,649	G	G	A
	chr02	19,368,315	19,368,316	AA	AA	GT
	chr02	19,368,298	19,368,298	A	A	G
	chr02	19,368,244	19,368,244	C	C	T
	chr02	19,368,233	19,368,234	DEL	DEL	AAGCCAG
	chr02	19,368,192	19,368,192	T	T	G
	chr02	19,368,139	19,368,139	C	C	A
	chr02	19,368,073	19,368,108	GTACTTTGGTTCGT GTGGTTTGCACACT CAACTCAT	GTACTTTGGTTCGT GTGGTTTGCACACT CAACTCAT	DEL
	chr02	19,367,639	19,367,639	G	G	T
	chr02	19,367,573	19,367,573	G	G	G
	chr02	19,367,332	19,367,332	T	T	T
	chr02	19,367,203	19,367,203	A	A	G
5' UTR	chr02	19,367,035	19,367,035	C	C	G
intron1	chr02	19,366,763	19,366,763	G	G	A
exon3	chr02	19,366,170	19,366,170	T	T	G
intron3	chr02	19,365,863	19,365,863	A	A	G
intron3	chr02	19,365,744	19,365,746	AAT	AAT	DEL
intron3	chr02	19,365,650	19,365,650	A	A	DEL
intron3	chr02	19,365,396	19,365,396	T	T	G
exon4	chr02	19,365,137	19,365,137	A	A	G
intron5	chr02	19,364,877	19,364,877	A	A	T
intron6	chr02	19,364,436	19,364,436	C	C	T
intron6	chr02	19,364,412	19,364,412	T	T	A
intron6	chr02	19,364,398	19,364,399	DEL	DEL	TATATATA
intron6	chr02	19,364,374	19,364,374	A	A	G
intron6	chr02	19,364,241	19,364,241	G	G	A
exon8	chr02	19,363,928	19,363,928	T	T	A
intron8	chr02	19,363,839	19,363,841	CCT	CCT	CCT
intron8	chr02	19,363,826	19,363,828	CCC	CCC	DEL
intron9	chr02	19,363,496	19,363,496	G	G	A
intron9	chr02	19,363,309	19,363,309	A	A	G
intron9	chr02	19,363,249	19,363,250	DEL	DEL	A
intron9	chr02	19,363,157	19,363,158	DEL	DEL	T
intron9	chr02	19,363,153	19,363,153	G	G	A
intron10	chr02	19,362,829	19,362,829	T	T	A
intron11	chr02	19,362,269	19,362,269	A	A	G
intron11	chr02	19,362,261	19,362,261	C	C	T
intron11	chr02	19,362,221	19,362,221	A	A	T
intron11	chr02	19,362,035	19,362,035	A	A	G
intron11	chr02	19,361,969	19,361,969	C	C	T
intron11	chr02	19,361,930	19,361,930	G	G	T
intron11	chr02	19,361,915	19,361,915	A	A	DEL
intron11	chr02	19,361,743	19,361,743	A	A	G
exon12	chr02	19,361,451	19,361,451	C	C	A
exon12	chr02	19,361,361	19,361,361	T	T	G
intron14	chr02	19,360,640	19,360,640	T	T	C
intron14	chr02	19,360,459	19,360,459	G	G	A
intron14	chr02	19,360,395	19,360,395	G	G	T
intron14	chr02	19,360,390	19,360,390	T	T	G
intron14	chr02	19,360,201	19,360,201	A	A	G
intron14	chr02	19,360,059	19,360,059	G	G	C
intron14	chr02	19,359,896	19,359,896	T	T	G
intron15	chr02	19,358,976	19,358,977	GT	GT	AC
intron18	chr02	19,357,760	19,357,760	G	G	A
intron19	chr02	19,357,551	19,357,551	T	T	G
intron20	chr02	19,356,640	19,356,640	A	A	C
intron20	chr02	19,356,509	19,356,510	DEL	DEL	GT
intron21	chr02	19,356,257	19,356,258	DEL	DEL	C
3'UTR	chr02	19,356,040	19,356,040	G	G	C
	chr02	19,355,484	19,355,485	DEL	DEL	TT
	chr02	19,354,851	19,354,851	G	G	T
	chr02	19,354,807	19,354,810	GAGA	GAGA	DEL
	chr02	19,354,677	19,354,700	GCGGCGGCGGCGG CGGCGGCGGCGG	GCGGCGGCGGCGG GGCGGCGGCGG	DEL
	chr02	19,354,296	19,354,296	T	T	C
	chr02	19,354,058	19,354,058	T	T	G

[Leu94Val]

[His196Arg]

付表 12 マーカー位置と各系統の遺伝子型

Marker name	Chromosome	Position (bp)	KG ^a	HK332 ^b	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
FA0625	1	6,918	A	B	A	A	A	A	B	A	B	B	B	A	B	B	B	B	B	A	A	A	A	B	B	B
FA0636	1	2,073,706	A	B	B	A/B	A	A	B	B	B	B	B	A	B	B	B	B	B	A	B	A	A	B	A/B	B
FA2295	1	3,335,107	A	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B	A	B	B	B	B	B	A	B	A	A	B	A/B	B
FA2299	1	4,592,661	A	B	B	A	B	A	B	B	B	B	A	A	B	A	B	B	B	A	B	A	A	B	A/B	B
FA5158	1	6,000,445	A	B	B	A	A	B	B	B	B	A	A	B	A	A	B	B	B	A	B	A	A	B	A/B	A
FA2310	1	7,130,176	A	B	B	A/B	A	B	B	B	B	A	A	A	A	B	B	B	B	A	B	A	A	B	A/B	B
FA6401	1	10,715,298	A	B	B	B	A	B	B	A	A	A	A	A	B	B	A	B	A	A	A	A	B	B	A/B	A
FA6402	1	12,360,451	A	B	B	B	A	B	B	A	A	A	A	A	B	B	B	A	B	A	B	B	A	B	A/B	B
FA2321	1	14,507,905	A	B	B	B	A	B	B	A	A	B	B	B	A	A	B	A	B	A	B	A	B	B	A/B	B
FA1923	1	15,810,594	A	B	B	B	A	B	B	A	A	A	B	B	B	A	A	B	A	B	B	A	B	A	A	B
FA0074	1	17,196,902	A	B	B	B	A	B	B	A	A	A	B	B	B	A	A	B	A	B	B	A	B	A	A	B
FA2327	1	18,626,466	A	B	B	A/B	A	B	B	A	A	A/B	B	B	B	A	A	B	A	B	A	B	B	A	A	A
FA0080	1	19,890,642	A	B	B	A/B	A	B	B	A	A	A/B	B	B	B	B	A	B	A	B	B	A	B	A	A	A
FA1779	1	21,118,454	A	B	B	A/B	A	B	B	A	A	A/B	B	B	B	B	A	B	A	B	B	A	A/B	A	A	A
FA6165	1	22,917,620	A	B	B	A/B	B	B	A/B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	A	B	A	B	A	A	A	B
FA0090	1	24,023,377	A	B	B	A	B	B	B	A	A	B	B	B	A	B	B	A	A	B	B	B	A	A	A	B
FA0711	1	25,230,022	A	B	A	A	B	B	B	A	A	B	B	B	A	B	B	A	A	B	B	B	A	A	A	B
FA2346	1	27,318,303	A	B	B	A	B	B	B	A	A	B	B	B	A	B	B	A	A	B	A	B	B	A	A/B	A
FA0101	1	28,607,327	A	B	B	A	B	B	B	A	A	B	B	B	A	B	B	A/B	A	B	B	A/B	A	A	A	B
FA1902	1	31,081,188	A	B	B	A	B	B	B	A	B	B	B	B	B	A/B	B	B	B	B	A	A/B	A	A	A	B
FA3562	1	32,284,104	A	B	A	A	B	A	B	A	B	B	A	B	B	B	A/B	B	B	B	B	B	B	A	A	B
FA3591	1	33,409,665	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	B	A	A	B
FA1883	1	34,577,796	A	B	A	A	B	A	B	A	B	B	A	B	B	B	A	B	B	B	A	A/B	B	B	A	B
FA5662	1	37,337,260	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B	B	B	B	B	A	B	B	A	B	A	A	B	B	B
FA0748	1	38,483,177	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B	B	B	B	B	A	B	B	A	B	A	A	A	B	B
FA2379	1	39,743,313	A	B	A	B	A	A	A	A	B	B	B	B	A	B	A	B	B	A	B	A	A	A	A	B
FA5664	1	42,870,274	A	B	B	B	A	A	B	A	B	B	B	B	B	A/B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	B
FA5665	2	60,863	A	B	A	A	B	B	A	B	B	B	B	B	B	A	B	A	A	B	A	B	A	B	A	A
FA0762	2	129,1485	A	B	A	A	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	B	A	A	A	A	A/B	A	B	A
FA0135	2	2,633,802	A	B	A	A	A	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B	A	A	A	A	A/B	A	B	A	A
FA1792	2	4,333,180	A	B	A	A	A	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B	A/B	A	A	A	A	A	A/B	A	A
FA6200	2	5,618,734	A	B	A	A	A	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B	B	A	A	A	A	A	A	A	A
FA6403	2	7,183,652	A	B	A/B	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	A	B	B	B	A	B	A	A	A/B	A
FA6404	2	12,211,811	A	B	A	B	B	A	A	A	B	B	B	B	B	A	B	B	B	B	B	B	A	A	B	A/B
FA0159	2	15,330,608	A	B	A	B	B	A	A	A	A	B	B	B	B	A	B	B	B	B	B	A/B	A	A	B	A/B
FA1962	2	16,762,351	A	B	A	B	B	A	A	A	A	B	B	B	B	A	B	B	B	B	B	A/B	A	A	B	B
FA0803	2	19,229,961	A	B	B	B	B	A	A	A	A	B	B	B	B	A	B	B	B	A	B	A/B	A	B	B	A
FA2444	2	22,397,933	A	B	B	A	B	B	B	A/B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	B	A	B	A	B	B	A
FA0818	2	23,670,708	A	B	B	A	B	B	B	A/B	A	A	B	B	B	A	A	B	A	B	A	A/B	A	B	B	B
FA0176	2	25,592,080	A	B	B	A	B	B	B	A	A/B	A	A	B	B	B	B	A	B	B	A	A/B	B	B	B	B
FA0834	2	27,086,508	A	B	B	A	B	B	A/B	A	A	A	A	B	B	B	A	B	B	A	A	B	B	B	B	A
FA2462	2	28,513,173	A	B	A	A	B	B	A	A	B	A	B	B	B	B	A	B	B	B	B	B	B	B	B	A
FA0851	2	32,488,639	A	B	A/B	B	A/B	B	A/B	B	A	A	A	B	A	B	B	B	A/B	A	A	B	B	B	B	A
FA0186	2	34,244,837	A	B	A/B	B	B	B	A	B	B	A	A	A	B	A	A/B	B	B	B	B	A/B	B	B	B	A
FA0189	2	35,685,508	A	B	B	A/B	B	A/B	A	A/B	B	B	A	A	B	A	A	B	B	B	A	A/B	B	B	A	A
FA6405	3	1,527,904	A	B	A/B	A	A	A/B	B	B	A	A	A	B	A/B	B	B	B	A	A	A	A	B	B	B	A
FA0195	3	3,009,920	A	B	A/B	A	A	A	B	B	A	A	A	B	A/B	B	B	B	A	A	B	A	B	B	B	A
FA0197	3	4,468,103	A	B	B	A	A	A	B	A	A	A	B	B	A/B	B	B	A	A	A	B	B	A	B	A/B	A
FA1978	3	5,598,569	A	B	-	B	A	B	A	A	A	-	B	B	B	B	A	A	A	B	A	B	B	B	B	A
FA0876	3	6,975,221	A	B	B	B	A/B	A	B	A	A	A	B	B	B	B	B	A	A	A/B	B	A	A/B	B	B	A
FA1979	3	8,531,137	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	B	A	B	B	B	A	A	A/B	B	A	B	B	A	A
FA2497	3	10,204,221	A	B	B	A	A	A	A	A	A	A	B	A	B	B	A	A	A	A	B	A	B	B	B	A
FA0210	3	11,883,862	A	B	B	A	A/B	A	B	A	A/B	B	B	A/B	B	B	A	A	A	B	A	B	A	B	A	A
FA2517	3	14,171,041	A	B	A/B	A	A/B	B	B	A	A/B	B	B	B	B	B	A	A	A	B	A	B	A	B	A	B
FA6156	3	15,914,325	A	B	B	A	A	B	B	A	A/B	B	B	B	B	B	A	A	B	A	B	A	B	A	B	A
FA0217	3	17,359,999	A	B	B	A	A	B	B	A	A/B	B	B	B	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A/B	B	B
FA0218	3	18,462,395	A	B	B	A	A	B	B	A	B	B	B	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A/B	B	B	
FA2535	3	19,655,155	A	B	B	A	A	B	B	A	B	B	B	B	B	A	B	A	B	A	B	A	A	A/B	B	B
FA0914	3	20,815,071	A	B	B	A	A	B	B	A	B	B	B	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A/B	B	B	
FA6020	3	22,199,791	A	B	B	A	A/B	B	B	A	B	B	B	B	B	B	B	A	B	A	B	A	A	B	B	B
FA0924	3	24,233,477	A	B	B	A	A/B	B	A	A	A/B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	B
FA0229	3	25,722,435	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	B	A	B	A	A	A	A	B	A	A	A	A	A	B
FA0231	3	26,858,590	A	B	A/B	A	B	B	A	A	A	A	B	A	B	A	A/B	A	A	B	A	A	A	A	A	B
FA5875	3	30,192,307	A	B	B	A	B	B	A	A	A	B	B	B	A/B	B	A	A/B	A	A/B	A	A/B	A	A	A	B
FA0238	3	31,429,682	A	B	B	A	B	B	A	A	A	B	B	B	B	B	A	A/B	A	A/B	A	A/B	A	A	A	B
FA3667	3	32,714,911	A	B	B	A	A	B	A	A	B	B	B	B	B	B	A/B	A	A/B	A	A/B	A	A	A	A	B
FA3696	3	33,903,010	A	B	B	A	A	B	A	A	B	B	B	B	B	B	B	A/B	B	A/B	B	A/B	B	A	A	B
FA3717	3	34,914,785	A	B	B	B	A	B	A	A	B	B	B	B	B	B	B	B	A/B	B	A/B	B	A/B	B	B	A
FA2556	3	36,187,187	A	B	B	B	A	B	A	A	B	A	B	B	B	B	B	B	A	B	A	B	B	A	B	B
FA6115	4	9,811	A	B	A/B	B	A/B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	A	A	A	A	A	A	A	A/B	A/B	B
FA0970	4	4,049,199	A	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	A/B	B	A	A	A	A	A	A/B	A	A/B	A/B	A
FA0975	4	5,150,930	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	B	B	A/B	B	B	B	A	A	A	A/B	A	A/B	B	A
FA5190	4	7,089,840	A	B	A	B	A	A/B	A/B	B	A	B	B	B	A/B	B	B	B	A	B	A	A	A	B	A	A
FA0260	4	8,299,249	A	B	A	B	A	A/B	A/B	B	A	B	B	B	A/B	B	B	B	A	A	A/B	A	A	B	A	A
FA0989	4	9,429,191	A	B	A	B	A	B	A/B	B	A	B	B	B	A/B	B	B	B	A	A	B	A	A/B	A	A	B
FA2044	4	10,632,478	A	B	A	B	A	B	A/B	B	A	B	B	B	A/B	B	B	B	A	A	A/B	A	A	B	A	B
FA0264	4	11,868,695	A	B	A	B	A	B	A/B	B	A	B	B	B	A/B	B	B	B	A	A	A/B	A	A	A	B	A
FA1002	4																									

Marker name	Chromosome	Position (bp)	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	
FA0625	1	6,918	A	A	A	B	A/B	A	B	A	A	A	A	A	B	B	A	A	B	A	A	B	B	A	A	A	B
FA0636	1	2,073,706	B	A	B	B	A	A	B	A	A	A	A	B	B	A	A	A	A	A	B	B	A	A	A	B	
FA2295	1	3,335,107	B	A	B	B	A	A	B	A	A	A	A	B	B	A	A	A	A	A	B	B	A	A	A	B	
FA2299	1	4,592,661	B	B	B	B	A	B	B	A	A	A	A	B	B	A	A	A	A	A	A	A	B	A	A	B	
FA5158	1	6,000,445	B	B	B	B	A	A/B	B	A	A/B	A	B	B	B	A	A	A	A	A	A	A	B	A	A	B	
FA2310	1	7,130,176	A/B	B	B	B	A	A/B	A/B	A	A/B	A	B	A/B	B	A	A/B	A	A	A	A	A	B	A	A	A	
FA6401	1	10,715,298	A	B	B	B	A	A	A	B	B	B	B	B	A	A	A/B	A	B	B	B	B	B	A	A	A	
FA6402	1	12,360,451	A	B	B	B	A	A	A	B	B	B	A	B	A	A	A/B	A	B	B	B	B	B	A	A/B	A	
FA2321	1	14,507,905	A	B	B	B	B	B	A	B	B	B	A	B	A	A	A/B	A	B	B	B	B	B	A/B	A/B	B	
FA1923	1	15,810,594	A	B	B	B	B	B	A	B	B	B	A	A/B	A	B	A/B	A	B	B	A	A	B	A/B	A/B	B	
FA0074	1	17,196,902	A	B	B	B	B	B	A	B	B	B	A	A/B	A	B	A/B	A	B	B	A	A	B	A/B	A/B	B	
FA2327	1	18,626,466	A	B	B	B	B	B	A	B	B	B	A	A/B	A	B	A/B	A	B	B	B	B	B	B	A/B	B	
FA0080	1	19,890,642	A	B	B	B	B	B	A	B	B	B	A	B	A	B	B	A	B	B	A	A	B	B	A/B	B	
FA1779	1	21,118,454	A	A	B	B	A	B	A	B	B	B	A	B	A	B	A	A	B	B	A	A	B	B	A/B	B	
FA6165	1	22,917,620	A	A	A	A/B	A	B	A	B	B	B	B	A	B	A	B	A	A	B	B	B	A	B	A/B	B	
FA0090	1	24,023,377	A	A	A	A	B	A	B	B	B	B	A	A	B	A	A	A	B	B	A	A	B	B	B	B	
FA0711	1	25,230,022	A/B	A	B	A	B	A	B	A	B	B	B	A	A	B	A	A	B	B	A	A	B	A	B	B	
FA2346	1	27,318,303	B	B	A	B	A	B	A	B	A	B	B	A	B	A	A	A	A	B	A	B	B	B	B	A	
FA0101	1	28,607,327	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	B	A	B	A	A	A	A	B	A	A/B	B	B	B	A	
FA1902	1	31,081,188	A/B	B	A	A/B	B	B	A	B	A	B	B	B	A	B	A	A	A	B	A/B	A/B	B	B	B	A	
FA3562	1	32,284,104	A/B	B	A	A/B	A	B	A	B	A	B	B	B	A	A	A	A	A	B	A	B	B	B	B	A	
FA3591	1	33,409,665	A/B	A	A	A/B	A	B	A	B	A	A	B	B	A	B	A	A	A	B	A	B	B	B	B	A	
FA1883	1	34,577,796	A/B	A	A	A/B	A	B	A	B	A	A	B	B	A	B	A	A	A	B	B	A	B	B	B	B	
FA5662	1	37,337,260	A	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	B	A	B	A	A	A	A	B	A	B	B	B	B	
FA0748	1	38,483,177	A	A	A	B	A	B	A	B	B	B	A	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	B	
FA2379	1	39,743,313	A	B	B	B	A	B	A	B	B	B	B	A	B	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	
FA5664	1	42,870,274	B	B	B	B	B	A	B	B	A	B	B	A	B	B	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B	
FA5665	2	60,863	A	A	B	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	A	A	A	
FA0762	2	129,1485	A	B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	A	B	A	A	A	
FA0135	2	2,633,802	A	A	B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	
FA1792	2	4,333,180	A	A	B	A	B	B	A	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A	A	B	B	B	A	A	A	
FA6200	2	5,618,734	A	B	A	B	B	A	A	A	B	-	B	A	B	A	A	A	A	A	A	A	B	A	A	A	
FA6403	2	7,183,652	A	A	B	A	A	B	A	A	A	B	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	A	B	A	A	
FA6404	2	12,211,811	A	B	A	B	B	B	A	B	B	A	B	A	B	A	A/B	B	A	A	A	A	B	B	B	A	
FA0159	2	15,330,608	A	A	B	A	B	B	B	A	B	B	A	B	A	B	A	A/B	B	A	A	B	A	B	B	B	
FA1962	2	16,762,351	A	A	B	A/B	B	B	B	A	B	B	A	A	A	A	A/B	B	A	A	B	A	B	B	B	A	
FA0803	2	19,229,961	A	B	B	A/B	A/B	B	A	B	B	B	B	A	A	A	A/B	B	A	B	B	A	B	B	B	A	
FA2444	2	22,397,933	B	B	B	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B	
FA0818	2	23,670,708	B	B	B	B	A	B	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	A	A/B	B	B	B	B	A	A	
FA0176	2	25,592,080	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	B	A	A	A	A	B	A	A/B	B	A	B	A	B	A	
FA0834	2	27,086,508	A	B	A	A	B	B	A	B	A/B	B	B	A	A	A	A	B	A	A/B	B	B	A	A	B	B	
FA2462	2	28,513,173	A	B	A	A	B	A	B	A/B	B	B	B	B	A	A	A	B	A	A/B	A	A/B	A	B	B	B	
FA0851	2	32,488,639	A	B	A	A	B	B	A	A	A/B	B	B	A/B	A	A	B	A	B	B	B	B	B	B	A	B	
FA0186	2	34,244,837	B	B	A	A	B	B	A	A	B	B	B	A/B	A	B	A	B	A	B	A	B	B	A	B	B	
FA0189	2	35,685,508	A/B	B	A	A	B	B	A	A	B	B	A	A/B	A	B	A	B	A	B	A	B	B	A	B	B	
FA6405	3	1,527,904	B	A	A	B	B	B	A	A	B	A	B	B	A	A	A	B	A	A	A	A	A	B	A/B	A	
FA0195	3	3,009,920	B	A	A	B	B	A	A	B	A	B	B	A	A	A	A	B	B	A	B	B	B	B	B	A	
FA0197	3	4,468,103	A/B	A	A	A/B	A	B	A	A	B	B	B	B	A	A/B	A	B	B	B	A	B	B	B	B	A	
FA1978	3	5,598,596	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	B	-	A	A/B	A	-	B	A	B	B	B	B	B	A	
FA0876	3	6,975,221	A/B	A	A	B	B	A	B	B	B	B	B	B	A	A/B	A	B	B	B	B	B	B	B	B	A/B	
FA1979	3	8,531,137	A/B	B	A	A	B	B	A	B	B	B	B	B	A	A	A	B	B	A	B	B	B	B	B	A/B	
FA2497	3	10,204,221	A	B	B	A	B	B	A	B	B	B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	B	B	B	A	
FA0210	3	11,883,862	A	B	B	A	A	B	A	A	B	B	A	B	A	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	A	
FA2517	3	14,171,041	A	B	B	A	A	A/B	A	A	B	B	B	B	A	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	A	
FA6156	3	15,914,325	A	B	B	A/B	A	A	A	A	A	B	A	B	A	B	B	A	B	B	B	B	B	B	A	A	
FA0217	3	17,359,999	A	B	A	A	A	A	A	A	A	B	A	B	A	B	A	A	B	B	B	B	A	A	A	B	
FA0218	3	18,462,395	A	B	A	A	A	A	A	A	A	B	A	B	A	B	A	A	B	B	B	A	A	A	B	A	
FA2535	3	19,655,155	A	B	A	A	A	A	A	A	A	B	A	B	A	B	A	A	B	B	B	B	B	A	A	B	
FA0914	3	20,815,071	A	B	A	A	A	A	A	A	A	B	A	B	A	B	A	A	B	B	B	B	A	A	A	B	
FA6020	3	22,199,791	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	B	A	B	B	B	B	B	B	A	A	B	A	
FA0924	3	24,233,477	A	A	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B	A	A	A/B	B	A	
FA0229	3	25,722,435	A	A	A	A	B	A	A	A	A	A	B	A	A	B	A	B	B	A	B	A	A	A	A/B	A	
FA0231	3	26,858,590	A	A	A	A/B	A	A	A/B	A	B	B	A	A	A	A	A/B	B	A	B	A	A	A	A	A/B	A	
FA5875	3	30,192,307	A	A	A	A	A/B	A	A	B	A	A	A	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	A	A	
FA0238	3	31,429,682	A	A	B	A	A	A	B	A	A	A	B	A	A	B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	
FA3667	3	32,714,191	A	B	A	A	A	A	A	B	A	A	B	A	B	A	A	B	B	A	A	A	A	A/B	B	B	
FA3696	3	33,903,010	A	B	A	B	A	A	A	B	B	A	B	A	B	A	A	B	B	A	A	A	A	A/B	B	B	
FA3717	3	34,914,785	A	B	B	A	B	B	A	A	B	B	A	B	A	A	B	B	A	B	A	B	B	B	B	A	
FA2556	3	36,187,187	A	A	B	A	B	B	A	A	B	B	A	B	A	B	B	A	B	A	B	B	B	A	B	A	
FA6115	4	9,811	B	A	A	B	B	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	A	A	A	
FA0970	4	4,049,199	B	A	A	B	A	B	B	A	B	A	B	B	B	A	A/B	B	B	B	B	A	B	A	A	A	
FA0975	4	5,150,930	B	A	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	B	A	A	
FA5190	4	7,089,840	B	A	A	A	A	B	B	A/B	A	B	B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	B	A	
FA0260	4	8,299,249	B	A	A	A	B	B	B	A/B	A	B	B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B	A	B	
FA0989	4	9,429,191	B	A	A	A	B	B	A/B	A	B	B	B	B	A	A	B	B	B	B	A	B	A	B	A	B	
FA2044	4	10,632,478	B	A	A	A	A	B	B	A/B	A	B	B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B	A	B	
FA0264	4	11,868,695	B	A	A	A	B	B	A/B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	B	B	B	A	B	A	B	A	
FA1002	4	13,465,462	B	A	A	A	B	B	A/B	A	B	B	A														

Marker name	Chromosome	Position (bp)	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70
FA0625	1	6,918	B	A	A	B	B	A	B	A	A	A	B	B	A	A	B	B	B	B	A	A	A	A	A	A
FA0636	1	2,073,706	B	A	A	A	A	B	A	B	A	A	B	B	A	A	A	B	B	B	A	B	A	A	A	A
FA2295	1	3,335,107	B	A	A	A	B	A	B	A	A	B	B	B	A	A	A	B	B	B	A	B	A	A	A	A
FA2299	1	4,592,661	B	A	A/B	A	B	A	B	A	A	B	B	B	A	A	A/B	B	B	B	B	B	A	A	A	A
FA5158	1	6,000,445	B	A	A/B	A	B	A	B	A	A	B	B	B	B	A	B	B	B	B	B	B	A	A	B	A
FA2310	1	7,130,176	B	A	B	A	B	A	B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	B	B	B	B	A	A	B	A
FA6401	1	10,715,298	B	B	B	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B
FA6402	1	12,360,451	B	B	B	B	B	A	A	A	B	A	B	B	A	B	B	A	B	B	B	B	A	B	A	B
FA2321	1	14,507,905	B	B	B	B	B	A	A	A	B	B	B	B	A	B	B	A	B	A	B	A	A/B	B	A	B
FA1923	1	15,810,594	B	B	B	B	B	A	A	A	B	B	B	A	A	B	B	A/B	B	A	B	A	A/B	B	A	B
FA0074	1	17,196,902	B	B	B	B	B	A	A	A	B	B	B	A	A	B	B	A/B	B	A	B	A	A/B	B	A	B
FA2327	1	18,626,466	B	B	B	B	B	A	A	A	B	B	B	A	A	B	B	A/B	B	A	B	A	A/B	B	A	B
FA0080	1	19,890,642	B	B	B	B	B	A	A	A	B	B	B	A	A	B	B	A/B	B	A	B	A	A/B	B	A	B
FA1779	1	21,118,454	B	B	B	B	B	A	A	B	B	B	B	A	A	B	B	A/B	A	A	A	A	A/B	B	A	B
FA6165	1	22,917,620	B	B	A	A	B	A	A	B	B	A	B	A	A	B	B	B	B	A	B	A	A/B	B	A	B
FA0090	1	24,023,377	B	B	A	A	B	A	A	B	B	B	A/B	A	A	B	B	B	A	A	A	A	A/B	B	A	B
FA0711	1	25,230,022	B	B	A	A	B	A	A	B	B	B	A/B	A	A	B	B	B	A	A	A	B	A/B	A/B	A	B
FA2346	1	27,318,303	B	B	A	A	A	B	A	A/B	B	B	A	A	A	B	A	B	A	B	A	B	A/B	A/B	A	B
FA0101	1	28,607,327	B	B	A	A	A	B	A	A/B	B	B	A	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A/B	A/B	A	B
FA1902	1	31,081,188	B	A	A	A	B	B	A	B	B	B	B	A	A	B	A	B	A	B	A	A	A	A/B	A	B
FA3562	1	32,284,104	B	B	B	A	B	B	A	B	A	B	B	A	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B
FA3591	1	33,409,665	B	B	B	A	B	B	A	B	A	B	B	A	A/B	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A/B	B
FA1883	1	34,577,796	B	B	A	A/B	A	B	A	B	A	B	A	A	A/B	A	A	B	A	B	A	A	A	B	A/B	B
FA5662	1	37,337,260	B	B	A	A/B	A	B	A/B	B	A	B	B	A	A	A/B	B	A	B	A	A	A	A	B	A/B	B
FA0748	1	38,483,177	B	B	A	A/B	A	B	A/B	B	A	B	A	A	A/B	B	A	A	A	A	B	A	B	B	A/B	B
FA2379	1	39,743,313	B	B	A	A	B	B	A/B	B	A	B	B	A	A/B	A	A	A	A	A	A	A	B	A	A/B	A/B
FA5664	1	42,870,274	B	B	B	A	B	A	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	A	A	A
FA5665	2	60,863	A	B	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B	B	B	A	B	A	B	B	B
FA0762	2	129,1485	A	B	B	B	A	A/B	A	B	A	A	A	A	A	B	B	B	B	A	A	B	B	B	A	B
FA0135	2	2,633,802	A	B	B	A	A/B	A	B	A	A	A	A	A/B	B	B	B	B	B	A	A	B	B	B	A	B
FA1792	2	4,333,180	A	B	B	B	A	A/B	A/B	A	A	B	A	A	B	B	B	B	B	A	A	B	A/B	B	B	B
FA6200	2	5,618,734	B	B	B	B	A	B	A/B	A	B	B	A	A	B	B	B	A	B	B	B	B	A	A/B	B	B
FA6403	2	7,183,652	B	B	B	B	A	B	B	A	B	B	A	A	B	A	B	A	B	B	B	B	B	A/B	A/B	B
FA6404	2	12,211,811	B	B	B	B	A	A/B	A	B	A	B	A	A	A	A	B	A	B	B	B	B	B	A	B	A
FA0159	2	15,330,608	B	B	B	A	A/B	A	B	A	B	A	B	A	A	A	B	A	B	A	A	A	A	B	A	B
FA1962	2	16,762,351	B	B	B	B	B	A/B	A	A	A	A/B	B	A	A	A	B	A	B	A	A	A	A	B	A	B
FA0803	2	19,229,961	B	A	B	B	B	A	A	A	A	A/B	B	A	A	A	A	B	A	B	A	A	A	A	B	A
FA2444	2	22,397,933	B	B	A	A	B	A	B	A	B	B	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A	B	B	B
FA0818	2	23,670,708	B	B	A	A	B	A	B	A	B	B	B	B	B	A	B	A/B	B	A	A	A	A	B	B	B
FA0176	2	25,592,080	B	B	A	A	B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	A	A/B	B	A	A	A	A	B	B	B
FA0834	2	27,086,508	B	A	A	B	B	A	B	B	B	B	B	B	A	B	A/B	B	A	A	A	A	A	B	B	B
FA2462	2	28,513,173	B	A	A	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	A	B	A/B	A	A	A	A	A	B	B	A
FA0851	2	32,488,639	B	A	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	A	A	A	B	A	B	B	B	A	B	A	A
FA0186	2	34,244,837	B	B	A	A	B	A	B	B	A	B	B	B	A	A	A	B	B	B	B	A	A	A	A	A
FA0189	2	35,685,508	B	B	A	A	B	A	B	B	A	B	B	B	A	A	A	B	B	B	B	A	B	A	A	A
FA6405	3	1,527,904	B	A	B	A/B	A	A	B	A	A	A/B	A	B	A	A	B	B	A	A	A	A	A	B	A/B	A
FA0195	3	3,009,920	B	A	B	A	A	B	B	A	A	B	A	B	A	A	B	B	A	A	A	A	B	A	A	B
FA0197	3	4,468,103	B	A	B	B	A	B	B	A	A	B	A	B	A	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	B
FA1978	3	5,598,569	A	-	B	B	A	B	B	A	A	B	A	B	A	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	B
FA0876	3	6,975,221	B	A	B	A	A	B	B	A	A	B	A	B	A	A	B	B	A/B	B	A	B	A	A	A	B
FA1979	3	8,531,137	B	A	B	A	A	B	B	A	A	B	A	A/B	A	A	B	B	A/B	B	A	B	B	A	A	A/B
FA2497	3	10,204,221	B	A	A	A	B	B	A	A	B	A	A/B	B	A	B	B	A/B	B	A/B	B	A/B	B	B	A	A/B
FA0210	3	11,883,862	B	A	A	A	B	A/B	B	A	A	B	B	A/B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	B	A/B
FA2517	3	14,171,041	B	A/B	A	A	B	B	B	A	B	B	B	A	B	A	A	B	A	A/B	A	A/B	A	A	B	A/B
FA6156	3	15,914,325	B	A/B	A	A	B	B	B	A	B	A	B	A	A	A	B	B	A	A	A	A	A	B	A	A/B
FA0217	3	17,359,999	B	A/B	A	A	B	B	B	A	B	A	B	A	A	A	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B
FA0218	3	18,462,395	B	A/B	A	A	B	B	B	A	B	A	B	A	A	A	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B
FA2535	3	19,655,155	B	A/B	A	A	B	B	B	A	B	A	B	A	A	A	B	A	A	B	A	B	B	B	A	B
FA0914	3	20,815,071	B	A/B	A	A	B	B	B	A	B	A	B	A	A	A	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B
FA6020	3	22,199,791	B	A/B	A	A	B	B	A	A	B	B	B	A	A	A	B	A	B	B	B	B	B	B	A	B
FA0924	3	24,233,477	A	B	A	A	B	B	A	A	B	B	B	A	A	B	A	A	A	A/B	B	A/B	B	B	A	A
FA0229	3	25,722,435	A	A	A	A	B	B	A	A	B	A	B	A	A	B	A	A	A/B	A	A/B	A	A/B	B	A	B
FA0231	3	26,858,590	A	A	A	A	B	B	A	B	B	A	B	A	A	B	B	B	A	B	A	A/B	A	A/B	A	B
FA5875	3	30,192,307	A	A	B	A	A	A/B	A	B	A	A	A	B	A	A/B	B	A	A	B	A	B	A/B	B	A	B
FA0238	3	31,429,682	A	A	B	A	A	A	B	B	A	A	B	A	A	B	A	B	A	A	B	A	A/B	B	A	B
FA3667	3	32,714,191	A/B	A	B	A	A	A	B	B	A	A	A	B	A	A/B	B	A	A	B	A	B	B	B	A	B
FA3696	3	33,903,010	B	A	B	A	A	A	B	B	A	A	A	B	A	A	B	A	A	A	B	A	B	B	A	B
FA3717	3	34,914,785	B	A	B	A	A	A	B	B	A	A	A	B	A	B	B	A	A	A/B	A	A/B	B	A	A	B
FA2556	3	36,187,187	B	A	B	A	A	A	B	B	A	B	A	B	A	A	B	A	A	B	A	B	B	A	A	A/B
FA6115	4	9,811	B	A	B	B	A	A	B	A	B	A/B	A	B	B	A	A	B	B	A	B	A	B	B	A	B
FA0970	4	4,049,199	B	A	B	B	A	A	A	B	B	B	A	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	B	B	B
FA0975	4	5,150,930	B	A	B	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B
FA5190	4	7,089,840	A	B	B	B	A	A	A	B	B	B	A	A	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	B
FA0260	4	8,299,249	B	A	B	B	A	A	A	B	B	B	B	A	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B
FA0989	4	9,429,191	B	A	B	B	A	A	A	B	B	B	A	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B
FA2044	4	10,632,478	B	A	B	B	A	A	A	B	B	B	A	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	A	A	B
FA0264	4	11,868,695	B	A	B	B	A	A	A	B	B	B	A	A	B	A	A	B	A	A	A	B	A	A	B	B
FA1002	4	13,465,462	B	A	B	B	A	A	A	B	B</															

Marker name	Chromosome	Position (bp)	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	
FA0625	1	6,918	B	B	A	B	A	B	B	B	B	A/B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	B	A	A	B	B	A
FA0636	1	2,073,706	B	B	B	B	A	B	B	B	B	A	A	A	B	A	B	A	A	A	A	B	A	A	B	A	A
FA2295	1	3,335,107	B	B	B	B	A	B	B	B	B	A	A	A	B	A	B	A	B	A	A	B	B	A	B	A	A
FA2299	1	4,592,661	B	B	B	B	A	B	B	B	B	A	A	A	B	A	B	A	B	B	A	B	A	A	B	A	A
FA5158	1	6,000,445	B	B	B	A	A	B	B	B	B	A/B	A	A	A	B	B	A	B	B	B	B	B	A	B	A	A
FA2310	1	7,130,176	B	B	B	A	B	A	B	B	B	A	A	A	A	B	B	A	B	B	B	B	B	A	B	B	B
FA6401	1	10,715,298	B	A	A/B	A	B	A	B	B	B	A	A	A	A	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B	B	B
FA6402	1	12,360,451	B	A	A/B	A	B	A	B	B	B	A	A	A	A	B	A	B	B	A	A	A	A	A	B	B	B
FA2321	1	14,507,905	A	A	A	A	B	B	B	B	B	A	A	A	A	B	A/B	B	B	A	A	A	A	B	B	B	B
FA1923	1	15,810,594	A	A	A	A	B	B	B	B	A	A	A	A	B	A/B	B	B	A	A	A	B	B	B	B	B	B
FA0074	1	17,196,902	A	A	A	A	B	B	B	B	A	A	A	A	A	B	A/B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B
FA2327	1	18,626,466	A	A	A	A	B	B	B	B	A	A	A	A	A	B	A/B	B	B	A	A	A	A	B	B	A	B
FA0080	1	19,890,642	A	A	A	A	B	B	B	B	A	A	A	A	A	B	A/B	B	B	A	A	B	B	B	B	A	B
FA1779	1	21,118,454	A/B	B	A	A	B	B	B	B	A	A	A	B	A	B	A/B	B	B	A	A	B	B	B	B	A	B
FA6165	1	22,917,620	A/B	B	A	A	B	B	B	B	A	A	B	A	B	A	B	B	B	B	A	B	B	A	B	A	B
FA0090	1	24,023,377	A/B	B	A	A	B	B	B	B	A	A	A	B	A	B	B	B	B	A	A	B	B	A	B	A	B
FA0711	1	25,230,022	A/B	B	A	A	B	B	B	B	A	A	A	B	B	B	B	B	A	A	B	B	A	B	A	B	B
FA2346	1	27,318,303	A/B	B	A	A	B	B	B	B	A	A	A	A	B	B	B	B	A	A	B	A	B	B	B	A	A
FA0101	1	28,607,327	A	B	A	B	B	B	B	B	A	A	A	B	B	B	A	B	B	A	B	B	B	B	B	A	A
FA1902	1	31,081,188	B	B	A	A	B	B	B	B	A	A	A	B	B	A	B	A/B	A/B	B	B	A/B	B	B	B	B	A
FA3562	1	32,284,104	A/B	A	A	A	B	A	B	A	B	B	B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	B	B	B	A
FA3591	1	33,409,665	A	A	A	A	B	A	B	A	B	B	B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	B	B	A	A
FA1883	1	34,577,796	A	A	A	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B	B	A	A
FA5662	1	37,337,260	A	A	A	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B	A	A	B	A	B	B	B	B	B	B	A	A
FA0748	1	38,483,177	A	A/B	B	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B	A	A	B	A	B	B	B	A	A	B	A	A
FA2379	1	39,743,313	A	A/B	A	B	B	A	B	A	B	A	A	B	B	A	A/B	B	A	B	B	B	B	B	A	B	A
FA5664	1	42,870,274	A	B	B	B	A	A	A	A	A	A	B	B	B	A	A	B	A	B	B	B	B	A	B	A	B
FA5665	2	60,863	A	A	A	A	A	A	A/B	A	A	A	A	B	A/B	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A
FA0762	2	129,1485	A	A	A	B	A	A	A/B	A	A	A	A	B	B	A/B	B	A	A	A	A	B	A	A	A/B	B	A
FA0135	2	2,633,802	A	A	A	B	A	A	A/B	A	A	A	A	B	B	B	B	A	A	A	A	B	A	A	A/B	B	A
FA1792	2	4,333,180	A	A	A	B	A	B	A/B	A	A	A	B	B	B	B	A	B	A	A	A/B	B	A	B	B	B	A
FA6200	2	5,618,734	B	A	A	A	B	B	B	A	B	A	B	B	B	B	A	A	A	A	A	A	A	A	B	B	A
FA6403	2	7,183,652	A	A	A	A	B	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B	A	A/B	A	A/B	A	A	A	B	B	A
FA6404	2	12,211,811	A	A	B	A/B	A	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	B	A	B	A	B	A	A	B	B	A
FA0159	2	15,330,608	A	A	B	A/B	A	B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	B	B	A	A	A	B	B	A
FA1962	2	16,762,351	A	A	B	A/B	A	A	B	A	A	B	A	B	B	B	B	B	A	A	A	A	A	A	A	B	A
FA0803	2	19,229,961	A/B	A	B	B	A	A	A/B	A	B	B	A	B	B	B	B	B	A	A	A	A/B	A	A	A/B	B	A
FA2444	2	22,397,933	B	A	B	B	A	A	A/B	A	B	A	A	B	B	A/B	B	A	A	A	B	A	B	A	A	B	B
FA0818	2	23,670,708	B	A	B	B	B	A	A	B	B	A	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A	B	B
FA0176	2	25,592,080	B	A	B	B	A	A	A	B	B	A	B	B	B	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	B	B
FA0834	2	27,086,508	B	A	B	B	A	A	A	B	B	B	B	B	B	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	B	B
FA2462	2	28,513,173	A/B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	B	B	B	A	A	A	A	B	A	B	A	B	A	A	B
FA0851	2	32,488,639	B	B	B	B	A	B	A/B	B	B	B	B	B	B	A	B	A	A/B	B	A	A	A	A	A	B	B
FA0186	2	34,244,837	B	B	B	B	A	B	B	B	B	A	A	B	B	B	A	B	A	A/B	B	A	A	A	A	B	B
FA0189	2	35,685,508	B	B	B	A	A	B	B	B	B	A	A	B	B	B	A	B	A	A/B	A/B	A	A	A	A	B	B
FA6405	3	1,527,904	A	B	B	A/B	A/B	A	B	B	B	A	A	B	A/B	B	A	B	B	B	B	B	B	A	A	A	B
FA0195	3	3,009,920	B	A	B	B	A/B	A	B	B	A	A	A	B	A	B	A	B	B	B	B	A	B	A	B	A	B
FA0197	3	4,468,103	B	A	B	B	A/B	A	B	B	B	B	A	A	B	A	B	A	A	B	B	A	A	A	B	A	B
FA1978	3	5,598,569	B	A	B	A/B	A	B	B	B	-	A	-	-	A	B	A	A	B	A	-	A	A	B	A	B	B
FA0876	3	6,975,221	B	A	B	B	A	B	B	B	B	A	A	B	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	B	B	B
FA1979	3	8,531,137	B	A	B	A/B	A	B	B	B	A	B	A	A	B	A	B	A	A	B	A/B	A	A	B	B	B	B
FA2497	3	10,204,221	B	B	B	A/B	A	B	B	A	A/B	A	A	B	A	A	A	A	B	A	B	B	A	A	B	B	B
FA0210	3	11,883,862	B	A	A	A/B	B	A/B	B	A	A/B	A	A	B	A	A	A/B	A/B	B	A	B	A/B	A/B	B	B	B	B
FA2517	3	14,171,041	B	B	A	A/B	A	A/B	B	A	A/B	A	A	B	B	A	A	B	B	A	B	B	A	A	B	A	B
FA6156	3	15,914,325	A	B	A	A/B	A	A	B	A	A	A	A	B	B	A	A	B	B	A/B	B	A/B	B	A	A	A	A/B
FA0217	3	17,359,999	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	B	B	A/B	A	B	B	A	A	A	A
FA0218	3	18,462,395	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	B	B	A	A	B	B	A	A	A	A
FA2535	3	19,655,155	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A
FA0914	3	20,815,071	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	B	B	A	A	B	B	A	A	A	A
FA6020	3	22,199,791	A	B	B	B	A	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	A	A	A
FA0924	3	24,233,477	A	B	B	B	A	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	B	B	B	B	A	B	B	A	A	A
FA0229	3	25,722,435	A	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	B	A	B	A	B	B	B	A	A	A
FA0231	3	26,858,590	B	A	A	A	B	B	A	A	A	A	A	B	B	A	A	B	A	B	A	B	A	B	B	A	B
FA5875	3	30,192,307	B	A	B	A	A/B	B	A	B	B	A	B	B	B	A	A	B	A	A	A	A	A	A	A	A	B
FA0238	3	31,429,682	B	A	B	A	A/B	B	B	B	B	B	B	B	A/B	B	A	A	A	A	A	B	A	A	A	A	B
FA3667	3	32,714,191	B	A/B	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B	B	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	-
FA3696	3	33,903,010	B	A/B	B	A	A	B	B	B	B	A	B	A	B	B	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B
FA3717	3	34,914,785	B	A/B	B	A	B	B	B	B	B	A	B	A	B	B	B	B	A	A	A	A	A	A	A	A	B
FA2556	3	36,187,187	A/B	A/B	B	A	B	B	B	B	B	A	B	A	B	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B
FA6115	4	9,811	A/B	B	A/B	A	A	A	B	B	A	B	A	A/B	B	A	B	A/B	A	B	A	B	A	A	A	A	A
FA0970	4	4,049,199	B	A	A/B	A	A	B	B	A	A	B	B	A	B	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A	B
FA0975	4	5,150,930	B	A	A/B	A	A	B	B	A	A	B	B	A/B	B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	A	B
FA5190	4	7,089,840	B	A	A/B	A	A	B	B	A	A	B	B	A/B	A/B	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A	B
FA0260	4	8,299,249	B	A	A/B	A	A	B	B	A	A	B	B	A/B	A/B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	A	B
FA0989	4	9,429,191	B	A	A/B	A	A	B	B	A	A	B	B	A/B	A/B	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A	B
FA2044	4	10																									

Marker name	Chromosome	Position (bp)	KG ^a	HK332 ^b	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
FA1091	5	9,004,749	A	B	A/B	B	B	B	B	A	B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	A/B	A	B	B	B
FA2966	5	17,290,422	A	B	A	B	A	B	B	A	B	A	B	A/B	A	A/B	B	B	A	B	A	B	A	A	A	B
FA2070	5	18,468,922	A	B	A	B	A	B	A	A	B	A	B	B	A	B	B	A	A	B	A	A/B	A	A	A	B
FA2971	5	20,441,687	A	B	A	B	A	B	A	A	B	A	B	B	A	B	B	B	A	B	A	B	A	A	B	A/B
FA6065	5	22,691,771	A	B	B	B	A	B	A	A	B	B	A/B	B	A	B	B	B	A	A	A	A	A	B	A	A/B
FA0343	5	24,801,132	A	B	B	A	A	B	B	A	B	B	A/B	A/B	A	B	B	B	A	A	B	A/B	A	B	A/B	A
FA1124	5	26,932,044	A	B	B	A	B	B	B	A	B	B	B	B	A	B	A/B	B	A	B	B	B	A	A	A/B	A
FA2982	5	28,445,291	A	B	B	A	B	A	A/B	A	B	B	A	A	A	B	B	B	A	B	A	B	A	A	A/B	A
FA1132	5	29,754,410	A	B	B	A	B	A/B	A/B	A	B	B	A	A	A	B	A	A	B	A	B	B	A	A	A/B	A
FA6410	6	3,002	A	B	A/B	-	B	-	A/B	A/B	A/B	B	A	A	B	A	A/B	A/B	A/B	A	A/B	A	A	B	A/B	B
FA6411	6	1,290,072	A	B	A	B	B	B	A	A/B	A	B	A	B	B	A	A	A/B	A	A	A	A	B	A	B	B
FA6412	6	2,397,365	A	B	B	B	B	B	A	A/B	A/B	B	A	B	B	A	B	A	A	A	A	A	B	A	A	B
FA3026	6	10807907	A	B	B	B	A/B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A	B	A	A	A	A	B	B	B	A
FA0375	6	12,284,260	A	B	B	B	A/B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A	B	A	B	B	B	B	B	B	A
FA6415	6	19,533,575	A	B	B	B	A	A/B	A	A	B	A	B	A	B	B	A	B	B	A	B	A	B	A	A/B	B
FA6416	6	21,401,591	A	B	B	B	A	A/B	A	A	B	B	A	B	B	A	A	B	B	A	B	A	A/B	A	A	A
FA6417	6	23,710,411	A	B	B	B	A	A/B	B	A	A	B	B	B	B	B	A/B	B	B	B	B	B	A/B	A	A	A
FA0404	6	27,875,211	A	B	A	B	A	B	B	A	B	A	B	B	B	B	A	B	B	A/B	A	B	A	A	A/B	A
FA3069	6	28,964,344	A	B	A	B	A	B	B	A	B	A	B	B	B	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A/B	A
FA3072	6	30,371,937	A	B	A	B	A	A	A	A	B	A	B	B	B	A	B	B	A	A	A	A	A	A	A	A
FA2119	7	68,275	A	B	B	A	A	B	B	B	A	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	B	A	B	A	A
FA2134	7	1,311,819	A	B	A	A	A	B	A	B	A	B	B	A	B	A	B	B	B	A	B	B	A	B	B	A
FA1226	7	2,472,694	A	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	A	A	B	B	B	A	B	A	A	B	B	A/B
FA6418	7	4,000,072	A	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	A	A	A	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A/B
FA6419	7	5,063,894	A	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	A	A	A	A	B	A	B	A	B	B	B	A/B
FA6420	7	11,293,728	A	B	A	B	A	B	B	B	B	B	A	A	A	A	A	A	B	B	B	B	A	A/B	B	A
FA6421	7	19,377,911	A	B	A	A	A	B	B	A	A	A	A	B	A	A	A	B	B	B	B	B	A	A	A/B	A
FA3144	7	22,419,320	A	B	A	A/B	A	B	B	A	A	A	B	A	A	A	B	B	B	B	B	B	A	B	B	B
FA1289	7	23,624,058	A	B	A	A/B	A	A	B	A	A	A	A	B	A	A	A	B	B	A	A	A	A	B	B	B
FA6354	7	24,792,084	A	B	A	A/B	A	A	B	A	A	A	A	B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	A/B	B	B
FA1849	7	25,993,444	A	B	A	B	A	A	B	A	A	A	A	B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	A/B	B	B
FA1308	7	28,675,345	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	A	B	A	A	A	A/B	A	A/B	B	B
FA0471	8	173,474	A	B	B	A	B	B	A	B	B	B	A	A	A	B	A/B	B	B	B	A	B	A	B	A	A/B
FA4153	8	2,332,806	A	B	B	A	B	A	A	B	B	B	A	A	A	B	A	B	B	B	B	B	A	A	B	A/B
FA6422	8	4,351,863	A	B	B	-	A	B	A	B	A	A	A	A	A/B	B	A	-	A	B	A	B	A	A	A	A
FA1344	8	11,314,776	A	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	B	A	B	A	B	A	A
FA5909	8	12,661,030	A	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	A	B	A	B	A	B	A	A
FA3192	8	14,196,343	A	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	A	B	A	B	A	B	A	A
FA3199	8	15,235,478	A	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	A	B	A	B	A	B	A	A
FA2156	8	16,451,909	A	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	A	B	A	B	B	B	A	A
FA1371	8	17,571,654	A	B	A	A	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B	A	B	A	B	A	B	B	A	B	A
FA1376	8	18,874,411	A	B	A	A	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A
FA1380	8	20,306,227	A	B	A	A	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B	A	B	A	B	A/B	A/B	B	A	B	A
FA0518	8	27,221,650	A	B	B	A	A	A/B	B	A	A	A	A	B	A	A	A	A	B	B	B	A/B	B	A	A	A
FA2151	8	28,340,239	A	B	B	A	A	A/B	B	A	A	A	B	A	A	A	A	A	B	A	B	A	B	B	A/B	A
FA6423	9	1,293,918	A	B	A	A	A	B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	A	B	B	B
FA1405	9	2,750,505	A	B	A	A	A	A	B	A	B	B	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	A	B	B
FA3224	9	4,504,970	A	B	A	A	A	B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	A	B	B
FA0535	9	8923559	A	B	A	A	B	A	B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	B	B
FA1426	9	10,611,657	A	B	A	B	B	B	B	A	B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B
FA0542	9	12,728,309	A	B	A	B	B	B	B	A	B	B	A	A	B	B	B	B	A	B	B	B	A/B	B	B	B
FA5238	9	14,127,575	A	B	A	B	B	B	B	A	B	B	B	A	B	B	B	B	A	A	A	A/B	B	B	B	B
FA2189	9	15,972,400	A	B	A	B	B	A	A	B	B	A	A/B	B	B	B	B	A	B	B	B	A/B	B	B	B	B
FA3264	9	21,047,200	A	B	B	A	A	B	A	B	A	B	A	A/B	A/B	B	A/B	A	B	A	B	A	B	A/B	A/B	A/B
FA3271	9	22,921,187	A	B	B	A	A	B	A	A	A	A	A/B	A/B	A	B	A/B	A	B	A	B	A	B	B	B	B
FA0564	10	1,528,769	A	B	A	B	A	B	B	A	A	B	A	A	A	B	B	A	B	B	A	A/B	B	B	A/B	B
FA6085	10	6,955,443	A	B	A	B	A	B	B	A	A	B	A	B	A	B	B	B	A	B	A	B	A	A	A	B
FA1481	10	8,560,544	A	B	A	B	A	B	B	A	A	B	A	B	A	B	B	B	A	B	A	A	A	A	A	B
FA3294	10	9,934,800	A	B	A	B	A	B	B	A	A	B	A	B	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A	B
FA0581	10	11,982,857	A	B	A	B	A	B	B	A	A	B	A	B	B	B	B	B	A	B	A	A	A	A	A	B
FA6221	10	13,253,748	A	B	A	B	A	B	B	A	A	B	A	B	B	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A	B
FA5349	10	15,340,742	A	B	B	B	A	B	B	A	A	B	A	B	B	B	B	A	A	B	A	B	A	A	A	B
FA3308	10	16,678,662	A	B	B	B	A	B	B	A	A	B	A	B	B	B	B	A	A	B	A	B	B	A	A	B
FA0591	10	17,798,355	A	B	B	B	B	B	B	A	A	B	A	B	B	B	B	A/B	B	A	A	A	A	A	A	B
FA6195	10	23,121,236	A	B	A	A	B	A/B	B	A	A	A	A	B	A	A	A	B	B	B	B	B	A	A/B	B	A
FA3328	11	130,453	A	B	B	B	B	B	B	B	B	B	A	B	B	A	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B
FA3334	11	3,368,163	A	B	B	B	A	B	A	B	A	A	B	B	B	B	A/B	A	A	B	A	B	B	B	B	A/B
FA3341	11	4,605,187	A	B	B	A/B	A	A	A	A	A	A	A	B	B	B	B	A	B	A	B	A	B	B	B	A
FA3361	11	10,913,500	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A/B	A/B	B	B	A	A	A	B	A	B	A	B
FA1570	11	12,597,346	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A/B	A/B	B	B	A	A	B	A/B	B	A	B	A
FA3365	11	13,610,170	A	B	B	A	B	B	A	A	A	A	A	A	A/B	A/B	B	B	A	A	A	B	A	B	A	A
FA2227	11	15,688,180	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	A/B	A/B	B	B	A	A	B	A/B	B	A	B	A
FA3374	11	16,898,168	A	B	B	A	B	A	B	B	A	B	A	A/B	B	A	B	B	A	B	A	B	B	A	B	A
FA3429	11	24,564,316	A	B	A	A	A	B	A/B	A	B	A	B	A	B	B	B	A	A	B	A	B	A	A	A	A
FA3436	11	25,864,746	A	B	A	A/B	A	A/B	B	B	A	B	A	B	A	B	B	A	A	B	A	B	A	A	A	B
FA1651	11	27,244,322	A	B	A	A/B	A	A/B	B	B	A	B	B	B	B	A	B	A	B	B	B	A	A	A	A	B
FA5116	11	29,004,577	A	B	A	A	A	A/B	B	B	A	B	B	A	B	B	A	B	A	B	B	B	A	A	A	B
FA5255	12	146,457	A	B	A	A	A																			

Marker name	Chromosome	Position (bp)	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46			
FA1091	5	9,004,749	A	A	B	B	A	A	A	B	B	B	A	B	A	A	B	A/B	B	A	A	B	A	B	A	B	A	B	
FA2966	5	17,290,422	A	A	B	B	A	A/B	A	B	B	B	A	B	A	A	B	A/B	B	B	B	B	B	B	A	B	A	B	
FA2070	5	18,468,922	A	A	B	B	B	A	A	B	B	B	A	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B	B	A	B	B	B	
FA2971	5	20,441,687	A	A	B	B	B	B	B	A/B	B	B	A	A	B	A	B	B	B	A	B	A	B	A	B	A	A	B	
FA6065	5	22,691,771	A	A	B	B	B	B	A	B	B	A/B	B	B	A/B	A	B	A/B	B	A	B	A	B	A	B	A	A/B	A	
FA0343	5	24,801,132	A	A	B	B	B	B	A	A	B	A	A/B	B	A/B	A	B	A/B	B	A	B	B	B	A	B	A	B	A	
FA1124	5	26,932,044	A	A	B	B	B	B	A	A	B	A	A/B	B	B	A	B	A	A	A	A	A	A	B	A/B	B	A	A	
FA2982	5	28,445,291	A	A	A	B	B	B	A	A	B	A	A	B	B	B	B	A	A	A	A	A	A	B	A/B	B	A	A	
FA1132	5	29,754,410	A	A	A	B	B	B	A	A	B	A	A	A/B	B	A	B	B	B	A	A	A	A	B	B	B	A	A	
FA6410	6	3,002	B	A	A/B	B	-	A	A/B	-	A	A	A	A/B	A/B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	
FA6411	6	1,290,072	B	A	A	B	B	A	A	B	A	A	A	A	A	A	B	A	A	B	A	B	A	B	B	A	B	A	
FA6412	6	2,397,365	A/B	A	A	B	B	A	A	B	A	A	A	A	A	B	A	A/B	B	B	B	B	B	B	B	A	A/B	A	
FA3026	6	10807907	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A	A	A	B	A	A	A	A	A	A	A	A	B	A	A	A	A/B	
FA0375	6	12,284,260	A	B	A	A	A	B	A	B	A	A	A	A	B	B	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	A	B	
FA6415	6	19,533,575	A	B	A	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A/B	A	A	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	
FA6416	6	21,401,591	A	A	A	A	B	A	A	B	B	A	B	A	A/B	A	A/B	B	A/B	A	A/B	A	A	A	A	A	B	B	
FA6417	6	23,710,411	A	A	A	A	B	A	A	B	B	A	A	A	A/B	A	A	B	A	A	A	A	A	A	A	A	B	B	
FA0404	6	27,875,211	A	A	B	B	B	A	B	A/B	B	A	A	B	B	A	B	B	A	B	A	B	B	A	A	A	A	A/B	A
FA3069	6	28,964,344	A	A	B	A	B	A	B	A/B	B	A	A	B	B	A	B	B	B	A	B	A	B	A	B	A	A	A/B	A
FA3072	6	30,371,937	A	A	B	A	B	A	B	A/B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	B	A	B	A	A	A	B	A
FA2119	7	68,275	A	B	A	B	B	B	B	A	A	A	B	B	B	B	A	A	A/B	A/B	B	A	B	A	A	A	A	B	
FA2134	7	1,311,819	A/B	A	A	B	A/B	B	B	A	A	A	A	B	B	A	A	B	A	A	B	A	B	A	B	A	A	B	
FA1226	7	2,472,694	A	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	B	A	A	A	B	B	A	B	B	A	B	A	B	B	B	
FA6418	7	4,000,072	A	B	B	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A	B	B	A	B	A	B	B	A	B	B	A	A/B	
FA6419	7	5,063,894	B	B	B	B	A	B	A	B	B	B	A	B	A	A	B	B	A	B	A	B	B	B	A	B	A	A/B	
FA6420	7	11,293,728	B	A	B	B	A	A/B	A	A	B	B	A	B	A	A	B	A	A	A	A/B	A	A/B	A/B	A	B	A	A	
FA6421	7	19,377,911	B	A	B	A	A	A	A	A	B	B	A	B	A	B	B	B	B	A	B	A	B	A	B	A	A	B	
FA3144	7	22,419,320	B	A	A	A	A	A	A	A	A	B	A	B	A	A/B	A	B	B	B	B	B	B	A	A	B	A	A	
FA1289	7	23,624,058	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	B	B	A	A/B	A	B	B	B	B	B	A	A	A	A	B	A	
FA6354	7	24,792,084	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	B	B	A	A/B	A	A	B	B	B	B	B	A	A	B	A	A/B	
FA1849	7	25,993,444	A	A	A	B	A	A	A	A	A	A	B	B	A	B	A	B	A	B	B	B	A	A	A	A	B	B	
FA1308	7	28,675,345	A	A	A/B	B	A	A	A	A	A	A	B	B	A	A	B	A	B	B	A	A	A	A	A	A	A	B	
FA0471	8	173,474	B	A	A	B	A	B	A	B	B	A/B	B	B	A	A	A	A	A	A	A	A/B	B	B	B	A	A	B	
FA4153	8	2,332,806	B	A	A	B	B	A	A	B	B	B	B	B	A	A	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	
FA6422	8	4,351,863	B	A	A	A/B	A	A	-	B	A	B	A	B	A	B	A	-	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	
FA1344	8	11,314,776	A	B	A	B	A	A	A	B	B	B	B	B	A	B	A	A	A	A	B	B	B	A	A	A	A	A	
FA5909	8	12,661,030	A	B	A	B	A	A	A	B	B	B	B	B	A	B	A	A	A	A	B	A	B	A	A	A	A	A	
FA3192	8	14,196,343	A	B	A	B	A	A	A	B	B	B	B	B	A	B	A	A	A	A	B	A	B	A	A	A	A	A	
FA3199	8	15,235,478	A	B	A	B	A	A	A	B	B	B	B	B	B	A	B	A	A	A	B	A	B	A	A	A	A	A	
FA2156	8	16,451,909	A	B	B	B	A	A	A	B	A	B	B	A	A	B	B	A	A	A	B	B	B	A	A	A	A	A	
FA1371	8	17,571,654	A	B	B	B	A	A	A	B	A	B	B	A	A	B	B	A	A	A	B	B	B	A	A	A	A	A	
FA1376	8	18,874,411	A	B	B	B	A	A	A	B	A	B	B	A	A	B	B	A	A	B	B	B	B	A	A	A	A	A	
FA1380	8	20,306,227	A	B	B	B	A	A	A	B	A	B	B	A	A	B	B	A	A	B	B	B	B	A	A	A	A	A	
FA0518	8	27,221,650	A	B	B	A/B	B	B	B	A	A	A	A	A/B	B	B	A	A	B	B	A	B	A	B	A	A/B	A	A	
FA2151	8	28,340,239	A	B	B	A/B	B	B	B	A	A	A	A	A/B	B	B	A/B	B	B	B	B	A	B	A	A	A/B	A	A	
FA6423	9	1,293,918	A	B	B	B	B	A	B	A/B	A	A	B	B	B	A/B	B	A	A	A	A	A	A	A	B	B	B	B	
FA1405	9	2,750,505	A	B	B	B	B	A	B	A/B	A	A	B	B	B	A/B	B	A	A	A	A	A	A	A	B	B	B	B	
FA3224	9	4,504,970	A	B	B	B	B	A	B	A/B	A	A	B	B	B	A/B	B	A	A	A	A	A	A	A	B	B	B	B	
FA0535	9	8923559	A/B	B	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A/B	B	A	B	A	A	A	A	A/B	A/B	A	A	B	B	B	
FA1426	9	10,611,657	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	A	A	B	A	B	A	A	A	A/B	A/B	A	A	B	B	B	B	
FA0542	9	12,728,309	A	B	B	A	B	A/B	B	A	B	A	B	A	B	B	B	B	A	A	B	A	B	B	B	B	B	B	
FA5238	9	14,127,575	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	B	B	B	A	A	A	A	A	B	B	B	B	B	
FA2189	9	15,972,400	A	B	B	A	B	A/B	B	A	B	A	A	A	B	A/B	B	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	
FA3264	9	21,047,200	A	A	A	B	B	A/B	A	A	B	A	-	A	A	A	B	A/B	A/B	A/B	A	B	B	B	B	B	B	B	
FA3271	9	22,921,187	A	A	A/B	B	B	A/B	B	A	B	A	A/B	A	A/B	A	A	B	A/B	A/B	A/B	A	B	B	B	B	B	B	
FA0564	10	1,528,769	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	B	B	A	A	B	B	A	A	B	A	B	A	B	B	A	B	
FA6085	10	6,955,443	A	B	B	A	A	B	A	B	B	A/B	A	B	A	A	B	B	A	A	A	A	A	B	B	A	A	A	
FA1481	10	8,560,544	A	B	B	A	A	B	A	B	B	A/B	A	B	A	A	B	B	A	A	B	A	B	B	B	A	A	A	
FA3294	10	9,934,800	A	B	B	A	A	B	A	B	B	A/B	A	B	A	A	B	B	A	A	A	A	B	A	B	B	A	A	
FA0581	10	11,982,857	A	B	A/B	A	A	B	B	B	B	B	A	A	B	B	A	A/B	B	A	A	B	A	B	B	A	A	A	
FA6221	10	13,253,748	A	B	A/B	B	A	B	B	A	B	A	A	B	A	B	A	A/B	B	A	A	A	A	B	B	A	A	A	
FA5349	10	15,340,742	A	A/B	A	B	A	B	B	A	B	A	A	B	B	A	A/B	B	A	A	A	A	B	B	B	A	A	A	
FA3308	10	16,678,662	A	B	A/B	B	B	B	B	B	A	B	A	A	B	B	A	A/B	B	A	A	A	A	B	B	B	B	A	
FA0591	10	17,798,355	A	B	B	B	B	B	B	A	B	A	A	B	B	B	A	A/B	B	A	A	A	B	B	A/B	B	A	A	
FA6195	10	23,121,236	A	B	A/B	A	A	B	B	A	A	A/B	A	A	B	B	A	B	B	A	A	A	A	B	A	B	B	B	
FA3328	11	130,453	B	B	B	A	A	B	B	B	A	A/B	A	A	B	B	B	B	B	A	A	A	A	B	A	B	A	A	
FA3334	11	3,368,163	B	B	B	A	A	B	B	B	A	A	A	B	A	A	B	B	A	A	A	A	B	A	B	A	B	A	
FA3341	11	4,605,187	A	B	A	A	A	B	B	B	B	A	A	B	A	B	A	A	B	A	A	A	A	B	A	A	A	A	
FA3361	11	10,913,500	A	B	A	B	A	B	B	B	A	A	A	A	B	A	A	B	B	A	B	A	A	A	A	A/B	B	B	
FA1570	11	12,597,346	A	B	A	-	A	B	B	B	B	A	A	A	A	B	A	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A/B	B
FA3365	11	13,610,170	A	B	A	B	A	B	B	B	A	A	A	A	B	A	A	B	B	A	B	A	A	A	A	A	A	A	
FA2227	11	15,688,180	A	B	A	B	A	B	B	B	A	B	A	B	B	B	A	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A/B	B
FA3374	11	16,898,168	A	B	A	B	A	B	B	B	A	B	A	B	B														

Marker name	Chromosome	Position (bp)	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	
FA1091	5	9,004,749	B	A	B	A/B	B	A	B	B	A	A/B	B	B	A	A/B	A	B	A	A	A/B	A	A	B	A	A/B	
FA2966	5	17,290,422	B	A	B	A	B	A	B	B	A	B	B	B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	B	A	A	
FA2070	5	18,468,922	B	B	B	A	A	B	B	B	A	B	A	B	A	B	B	B	A	A	B	A	A	B	A	A	
FA2971	5	20,441,687	B	A	B	A	A	B	B	B	B	B	A	B	A	B	B	B	A	A	A	A	A	B	A	A	
FA6065	5	22,691,771	B	A/B	B	A	B	B	B	B	B	A/B	B	B	B	A	B	B	A	A	A	A	A	A	B	A	
FA0343	5	24,801,132	B	B	B	A	B	B	B	B	B	A/B	B	B	B	A	B	B	A	A	B	B	A	A	A/B	A	
FA1124	5	26,932,044	B	B	B	A	B	B	A	B	B	A	B	B	B	A	B	A	A	B	B	B	A	B	B	A	
FA2982	5	28,445,291	B	A	B	A	B	B	A	B	B	A	B	B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A/B	
FA1132	5	29,754,410	B	A	B	A	B	B	A	B	B	A	B	B	B	B	A	A	A	B	B	A	B	B	A	A	
FA6410	6	3,002	A/B	A/B	-	A	A/B	A	B	A	A	A/B	A/B	A/B	-	A/B	A	A/B	B	A/B	B	A/B	A	A	A	A/B	
FA6411	6	1,290,072	A	B	B	A	B	A	A	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A/B	A/B	B	B	
FA6412	6	2,397,365	A	B	B	A	B	A	A	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A	A/B	B	B	
FA3026	6	10807907	B	B	B	A	A	B	B	B	A	A/B	A/B	A	B	A	B	B	B	A	B	A	A	A	B	B	
FA0375	6	12,284,260	B	B	B	B	B	B	B	B	B	A/B	B	B	B	A	B	B	B	A	B	A	A	A	B	B	
FA6415	6	19,533,575	B	B	A	B	B	B	B	B	B	A	A	B	B	B	A	B	B	A	B	B	A	A/B	B	B	
FA6416	6	21,401,591	B	B	A	A	B	B	B	B	A	B	B	B	B	A	B	A	B	A	B	A	A/B	B	B	B	
FA6417	6	23,710,411	B	B	A	A	B	B	A	B	A	B	B	B	B	A	B	A	B	A	B	A	A	B	B	B	
FA0404	6	27,875,211	B	B	A	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A	A	B	A	B	A	A	B	A	B	
FA3069	6	28,964,344	B	B	A	A	A	A	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	B	A	B	A	A	B	A	B	
FA3072	6	30,371,937	B	B	A	A	A	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	B	B	A	B	A	A	B	A	B	
FA2119	7	68,275	A	B	A/B	B	B	B	B	A	A	B	B	A	B	A	A	A/B	A	A	A	A	A	B	B	A	
FA2134	7	1,311,819	A	B	A	B	B	B	B	A	A	A	B	B	A	A/B	A	A	A	A	A	A	A	A	A/B	A/B	
FA1226	7	2,472,694	A	A	A	B	B	B	A	A	A	B	A/B	A	A	A	A	A	B	A	A	A	A	B	A	A	
FA6418	7	4,000,072	A	A	A	B	B	A	A	A	A	A	A/B	A	A	A	A	A	A/B	A	A/B	A	B	A	A	A	
FA6419	7	5,063,894	A/B	A	A	B	B	A	A	A	A	A	A/B	B	A	B	A	A	B	A	B	A	B	A	A	A	
FA6420	7	11,293,728	A/B	A	A	B	A	A	B	A	A	A	A/B	B	B	A	A	B	B	A	B	A	B	B	B	B	
FA6421	7	19,377,911	B	B	A	B	B	A	B	B	A	A	B	A	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	A	B	
FA3144	7	22,419,320	B	A	A	A	B	A	A	A	A	A	B	A	A	B	A	B	B	B	B	B	A	B	A	B	
FA1289	7	23,624,058	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	B	B	B	B	B	B	A	B	
FA6354	7	24,792,084	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	B	B	B	B	B	B	B	B	
FA1849	7	25,993,444	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	B	B	B	B	A	B	B	B	
FA1308	7	28,675,345	B	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	A/B	A	A	B	B	B	B	A	A	A	B	B	
FA0471	8	173,474	A	B	A	A	B	A	B	A/B	A	A	B	A	B	A	A	A	B	A/B	A	A	B	B	A	B	B
FA4153	8	2,332,806	A	B	B	A	B	B	B	B	A	A	B	A	B	A	A	B	A	B	A	B	B	A	B	B	
FA6422	8	4,351,863	A	B	B	A	A	-	B	B	-	-	A	-	A	A	A	B	A	B	A	B	B	B	A	B	
FA1344	8	11,314,776	A	A	B	A/B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	A	A	B	B	B	B	A	A/B	A	A/B	
FA5909	8	12,661,030	A	B	A/B	A	B	B	A	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	B	B	B	B	A/B	A	A/B	
FA3192	8	14,196,343	A	A	B	A/B	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	B	A	B	A	B	A/B	A	A/B	
FA3199	8	15,235,478	A	A	B	A/B	A	B	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	B	A	B	B	B	A/B	A	A/B	
FA2156	8	16,451,909	A	A	A	A/B	A	B	B	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	B	B	B	B	A/B	A	A/B	
FA1371	8	17,571,654	A	A	A	A	A	B	B	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	B	B	A	B	A/B	A	A/B	
FA1376	8	18,874,411	A	A	A	A	A	B	A	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	B	B	A	B	A/B	A	A/B	
FA1380	8	20,306,227	A	A	A	A/B	B	B	A	B	A	B	A	B	A	A	A	A	A	B	A	B	A	A	A	A/B	
FA0518	8	27,221,650	A	A	A	B	A	B	B	A	A	A	A	B	A	B	B	B	A	B	B	A	B	B	A	A	
FA2151	8	28,340,239	A	A	B	A	A	B	A	A	A	A	A	B	A	B	A	B	B	A	A	B	A/B	A	B	A	
FA6423	9	1,293,918	A	B	A	A	B	A/B	A	B	A	B	B	A	A	B	A	A	A	A	A	A	A	A/B	A	B	
FA1405	9	2,750,505	A	B	A	A	B	A/B	A	B	A	B	B	A	A	B	A	A	A	A	B	A	A	A/B	A	B	
FA3224	9	4,504,970	A	B	A	A	B	A/B	A	B	A	B	B	A	A	B	A	A	A	A	A	A	A	A/B	A	B	
FA0535	9	8923559	B	A	A	B	B	A	A	B	A	B	B	A	A	B	A	A	A	A	A	A	A	A	A	B	
FA1426	9	10,611,657	B	A	A	B	B	A	A	B	A	A	B	A	B	A	A/B	A/B	A	A	A	A	A	A	A	B	
FA0542	9	12,728,309	B	A	A	B	B	A	A	B	A	A/B	B	B	A/B	A/B	B	B	A	A	A	A/B	B	A	A/B	B	
FA5238	9	14,127,575	B	A	B	B	A	B	B	A	B	B	B	B	A/B	A/B	B	B	A	B	A	B	B	A	B	B	
FA2189	9	15,972,400	B	B	B	A/B	A	B	B	B	B	A/B	B	B	A	B	B	B	B	A	B	B	B	A	B	B	
FA3264	9	21,047,200	B	A/B	B	B	B	A	A	B	A	B	B	A	B	B	B	B	A	B	A	B	B	A	B	B	
FA3271	9	22,921,187	B	A	B	B	B	A	A	B	A	B	B	A	B	B	B	B	A	B	A	B	B	A	B	B	
FA0564	10	1,528,769	A	A	A	A	B	A	A/B	B	B	A	B	B	B	A	B	A	B	A	B	B	A	A	B	B	
FA6085	10	6,955,443	A	A	B	B	A	B	A	A	B	B	A	B	A	B	B	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B	A	A	B	
FA1481	10	8,560,544	A	A	B	B	A	B	A	A	B	B	A	B	A	B	B	A/B	A/B	B	B	B	A/B	A	A	B	
FA3294	10	9,934,800	A	A	B	B	A	B	A	A	B	B	A	B	A	B	B	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B	A	A	B	
FA0581	10	11,982,857	A	A	A	B	A	B	A	B	B	B	A	A	A	B	B	A/B	A/B	B	B	B	A/B	A	A	B	
FA6221	10	13,253,748	A	A	B	A	B	A	B	A	B	B	B	A	A	B	B	A/B	A/B	B	A/B	B	A/B	B	B	B	
FA5349	10	15,340,742	A	A	A	B	B	B	B	B	B	B	B	A/B	B	B	B	A/B	A	B	A	B	A/B	B	B	B	
FA3308	10	16,678,662	A	A	A	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	A/B	A	B	A	B	A/B	B	B	B	
FA0591	10	17,798,355	A	A	A	B	B	B	B	B	B	A	A/B	B	B	A/B	B	A/B	A	B	A	A	A/B	B	B	B	
FA6195	10	23,121,236	A	A	A	B	B	A	B	B	A	A	A	B	A/B	B	B	A	B	B	B	B	A	A	A/B	B	
FA3328	11	130,453	B	A	B	A	B	A/B	B	B	B	A	B	B	A	B	A	B	B	A	B	A	B	B	A	B	
FA3334	11	3,368,163	B	A	B	A	B	B	B	B	B	B	B	B	A/B	A	A	B	B	A/B	B	A/B	B	A	A/B	B	
FA3341	11	4,605,187	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	B	B	B	A	B	B	B	A/B	B	A/B	B	A	B	B	
FA3361	11	10,913,500	B	B	A	A	B	B	B	A	A/B	A	A/B	B	A	B	B	A/B	B	A/B	B	A	A/B	B	B	B	
FA1570	11	12,597,346	B	B	A	A	B	B	B	A	A/B	A	A/B	B	A	B	B	A/B	A/B	A	A	A	A/B	B	B	B	
FA3365	11	13,610,170	B	B	A	A	B	B	B	B	A	A/B	A	A/B	B	A	B	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	B	
FA2227	11	15,688,180	B	B	A	B	A	B	B	B	A	A/B	A	A/B	B	A	B	B	A/B	A/B	A	A	A/B	B	B	B	
FA3374	11	16,898,168	B	B	A	B	A	B	B	B	A	B	A	B	B	A	A	B	A/B	A/B	A/B	A/B	A	A/B	B	B	
FA3429	11	24,564,316	B	B	B	A	B	A	A	B	B	B	B	B	B	B	B	A	A/B	B	A/B	B	B	B	B	A	
FA3436	11	25,864,746	A	B	B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	B	B	A	A	B	A	B	B	B	B	A	
FA1651	11	27,244,322	A	B	B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	B	B	A	A	B	B	B	B	B	B	A	
FA5116	11	29,004,577	A	B	B	B	B	A	B	B	B	B	B	B	B	B	B	A	A	B	A	B	B	B	B	A	
FA5																											

謝 辞

本論文をまとめるにあたり、終始暖かい激励とご指導、ご鞭撻をいただきました北海道大学大学院農学研究院教授 貴島祐治博士に心より感謝申し上げます。また、学位論文審査において、貴重なご指導とご助言をいただきました同教授 金澤章博士ならびに同准教授 小出陽平博士に心よりお礼申し上げます。

本研究では農研機構北海道農業研究センター藤野賢治博士（現農研機構野菜果樹研究部門）には、実験計画の立案からデータのまとめまで、細部にわたり数多くの温かいご指導とご助言を賜りました。農研機構北海道農業研究センターにおいて、梅本貴之博士（現農研機構食品研究部門）、芦田（吉田）かなえ博士（現農研機構食品研究部門）よりイネ澱粉の分析に関する実験手法ならびにデータ解析に関して数多くのご指導とご助言を賜りました。心より感謝申し上げます。

本研究の実験実施において、北海道農業研究センター松葉修一氏の熱心なご協力をいただきました。また、本研究で用いた水稻品種のゲノム情報の提供をご快諾いただきました北海道立総合研究機構の皆さまに心より感謝申し上げます。

最後に、北海道農業研究センターおよび農研機構作物研究部門の契約職員の皆さまのご協力なくしては、本研究の実施は不可能であったことを記すとともに厚くお礼申し上げます。