

ダイズの生産性向上に対する根粒形成調節遺伝子の  
有効性の検討

島根大学 学術研究院 農生命科学系

城 惣吉

ダイズ (*Glycine max* [L.] Merr) には特定のダイズ根粒菌の感染を抑制する根粒形成調節遺伝子 ( $R_j$  遺伝子) を保有する品種の存在が知られている。  $R_j$  遺伝子は天然のものとしてこれまでに、 non- $R_j$ ,  $r_{j1}$ ,  $R_{j2}$ ,  $R_{j3}$ ,  $R_{j4}$ , そして、  $Rfg1$  の遺伝子型の存在が報告されており、 その中でも、  $r_{j1}$  は全てのダイズ根粒菌に対する根粒形成を、  $R_{j2}$  は *Bradyrhizobium diazoefficiens* USDA 122 や *Bradyrhizobium japonicum* Is-1 に対する根粒形成を、  $R_{j3}$  は *Bradyrhizobium elkanii* USDA 33 に対する根粒形成を、  $R_{j4}$  は *B. elkanii* USDA 61 や *B. japonicum* Is-34 に対する根粒形成を、  $Rfg1$  は *Sinorhizobium fredii* USDA 257 に対する根粒形成を抑制する (Hayashi *et al.* 2012). これまでの著者らの研究から、ダイズの  $R_j$  遺伝子型や栽培温度は感染ダイズ根粒菌の群集構造や接種菌の根粒占有率に影響を及ぼすことを明らかにしている (Shiro *et al.* 2012, 城ら 2021). しかしながら、これらの研究におけるダイズ栽培は人工気象器や栽培ポットが用いられており、実際の圃場で栽培を行った場合は異なる応答を示す可能性がある。さらに、ダイズ栽培において、特に、  $R_{j2}$ ,  $R_{j3}$ ,  $R_{j4}$  遺伝子が集積したダイズを用いることで窒素固定能の低い土着菌株の感染を排除し、相対的に接種した窒素固定能の高い有用菌株の感染率を高めることでダイズの生産性向上に貢献できると考えているが、接種した有用菌株との親和性やどのような菌株がどのような割合で感染すると生産性が向上するのかといった感染根粒菌の群集構造と生産性との関係についてより詳細に検討する必要がある。

そこで本研究では、 non- $R_j$ ,  $R_{j2}R_{j3}$ ,  $R_{j3}$ ,  $R_{j4}$ ,  $R_{j2}R_{j3}R_{j4}$  の各遺伝子型を示すダイズ品種と接種菌株として *B. diazoefficiens* USDA 110<sup>T</sup> を用いて圃場での栽培試験を行い、生育収量調査および感染ダイズ根粒菌の根粒占有率調査を実施し、ダイズが保有する  $R_j$  遺伝子の窒素固定能の高い有用ダイズ根粒菌の感染率向上およびダイズ生産性向上に対する有用性を明らかにすることを目的とし、将来的には高収量性ダイズ品種の育種や有用ダイズ根粒菌を活用した新規の生産技術の開発に貢献することを目指す。

## 実験方法

### 1) 供試品種、供試菌株および菌株の培養

供試品種として、 Bragg (non- $R_j$ ), CNS ( $R_{j2}R_{j3}$ ), D-51 ( $R_{j3}$ ), フクユタカ ( $R_{j4}$ ), そして、ボンミノリ ( $R_{j2}R_{j3}$ ) とフクユタカ ( $R_{j4}$ ) を交配して作出した  $R_{j2}R_{j3}R_{j4}$  遺伝子型の中生系統の B×F-M (Shiro and Saeki 2022) の 4 品種 1 系統を用いた。また、供試菌株として、ダイズ根粒菌 *Bradyrhizobium diazoefficiens* USDA 110<sup>T</sup> を用いた。菌株の培養には Yeast extract-Mannitol (YM) 液体培地を用い、植菌してインキュベーターで 28 °C で 1 週間振盪培養した。培養液を滅菌蒸留水で希釈し、血球計算盤を用いて細胞数を計測し、  $2.0 \times 10^5$  cells mL<sup>-1</sup> となるように菌密度を調整したものを接種菌液とした。

### 2) ダイズ栽培試験

ダイズの栽培試験は、島根大学生物資源科学部附属生物資源教育研究センター農業生産科学部門本庄総合農場の実験圃場 (35°31'00.6" N, 133°06'37.8" E) にて行った。試験区として、供試菌株接種区と無接種区を設定し、3 反復で試験を行った。施肥量は、窒素 3 kg 10a<sup>-1</sup>, リン酸 10 kg 10a<sup>-1</sup>, カリ 10 kg 10a<sup>-1</sup> で市販の化成肥料を施肥した。栽植様式は、条間 66 cm, 株間 30 cm の 1 株 2 本立て (栽植密度 10.1 本 m<sup>-2</sup>) とした。

ダイズ種子は 2021 年 6 月 10 日に播種し、発芽後（播種から 7 日後）に調製した接種菌液を 1 株あたり  $5.0 \times 10^6$  cells となるよう接種した。

調査は、9 月 30 日に子実肥大期のダイズの生育調査（主茎長、主茎節数、莢数、莢新鮮重、茎葉乾物重、根粒数）を、収穫後に収量調査（主茎長、主茎節数、分枝数、莢数、子実数、子実重、100 粒重、収量）を行った。生育調査で採取した根粒については  $-20$  °C の冷凍庫で保管し、感染ダイズ根粒菌の占有率調査に用いた。

### 3) 感染ダイズ根粒菌の占有率調査

生育調査で採取した根粒を 70% エタノールで 3 分間、2.5% 次亜塩素酸ナトリウム溶液（有効塩素濃度 0.25%）に 30 分間浸して表面殺菌した後、滅菌蒸留水で 5 回以上洗浄した。その根粒からダイズ根粒菌の DNA を抽出するために、Hiraishi *et al.* (1995) の手法を改変した手法（Saeki *et al.* 2000）を用い、BL buffer,  $1 \text{ mg mL}^{-1}$  Proteinase K, 滅菌 milliQ 水を混合して調製した DNA 抽出用緩衝液を用いてダイズ根粒菌の DNA を抽出した。この DNA 抽出液を鋳型にして、ダイズに感染したダイズ根粒菌の種類を特定するために、16S-23S rRNA 遺伝子 ITS（Internal Transcribed Spacer）領域および吸収型ヒドロゲナーゼ遺伝子（*hup* 遺伝子）をターゲットに PCR を行った。PCR は TaKaRa Ex Premier DNA Polymerase（Takara Bio）を用いて行った。ITS 用プライマーセットとして BraITS-F : GACTGGGGTGAAGTCGTAAC と BraITS-R1 : ACGTCCTTCATCGCCTC（Saeki *et al.* 2006）を、*hup* 遺伝子用プライマーセットとして *hupS*-F261 : TCGAACAGGCGTTGTAAGTG と *hupS*-R830 : TCGACTACGACGACACCATC および *hupL*-F962 : TCGGGCAGATAGACCATTTTC と *hupL*-R1632 : GGGATCGAAGTGATCCTGAA（Shiro and Saeki 2022）を用いた。PCR 反応は、 $94$  °C 3 分、 $98$  °C 10 秒、 $58$  °C 15 秒、 $68$  °C 30 秒を 30 サイクル、最終伸長を  $68$  °C 2 分という条件で行った。PCR 終了後、ITS 領域の PCR 産物は 1% アガロースゲルにて、*hupSL* 遺伝子の PCR 産物については 2% アガロースゲルにて電気泳動を行い、増幅確認を行った。電気泳動の結果をもとに、*hupS* 遺伝子および *hupL* 遺伝子の両方の増幅が確認されたものを *hup*<sup>+</sup> 株、*hupS* 遺伝子もしくは *hupL* 遺伝子のどちらか一方の増幅が確認されたものを *hup*<sup>-</sup> 株、*hupS* 遺伝子および *hupL* 遺伝子の両方の増幅が確認されず、ITS 領域のみ増幅が確認されたものをその他の菌株として根粒占有率を求めた。

### 4) 多次元尺度構成法

*B. diazoefficiens* USDA 110<sup>T</sup> の接種によるダイズの生育収量の相違を評価するために、Bray-Curtis 類似度指数に基づいた多次元尺度構成法（Multi-dimensional scaling; MDS）による解析を行った。Bray-Curtis 類似度指数の算出および MDS 解析には、R version 4.0.3 を用いた。Bray-Curtis 類似度指数の算出には vegan パッケージ version 2.5-7 の *vegdist* 関数を用い、MDS 解析には stats パッケージ version 4.0.3 の *cmdscale* 関数を用いた。

### 5) 統計処理

統計解析には、R version 4.0.3 を用いた。ダイズの生育や収量、感染ダイズ根粒菌の根粒占有率における *Rj* 遺伝子型や *B. diazoefficiens* USDA 110<sup>T</sup> の接種の影響を評価する

ために、R で作動する分散分析関数の `anovakun version 4.8.6` を用いて二元配置分散分析を行い、また、`multcomp` パッケージを用いて Tukey の多重検定を行った。さらに、各調査項目間の相関関係については、R の `psych` パッケージを用いて作図を行い、`cor.test` 関数を用いて相関関係の有意性を評価した (城ら 2021)。

## 実験結果および考察

$R_j$  遺伝子型サイズの生育調査結果を表 1 に、収量調査の結果を表 2 に示した。生育調査において、分散分析の結果、USDA 110<sup>T</sup> の接種については全ての調査項目で有意差は認められなかったが、USDA 110<sup>T</sup> の接種により莢新鮮重や茎葉乾物重の値が増加する傾向を示し、さらに、品種については莢新鮮重を除く調査項目で有意差が認められた (表 1)。収量調査において、分散分析の結果、USDA 110<sup>T</sup> の接種については主茎長、主茎節数および収量で有意差が認められ、無接種区と比較して、それぞれ、7.9%、7.4%、16.2%向上し、さらに、品種については全ての調査項目で有意差が認められた (表 2)。子実肥大期に実施した生育調査では、地上部の生育や莢生産において USDA 110<sup>T</sup> の明確な接種効果を得ることができなかったが (表 1)、収量調査では、USDA 110<sup>T</sup> の接種は地上部の生育を促進し、全ての品種で 8.5%~36.8%の収量の増加を示した (表 2)。

本研究で供試した *B. diazoefficiens* USDA 110<sup>T</sup> は窒素固定効率の向上に関わる *hupSL* 遺伝子を保有している (Saeki *et al.* 2004)。この遺伝子をターゲットに PCR を行い、無接種区および接種区の各サイズに感染した  $hup^+$  株、 $hup^-$  株、および、その他の菌株の根粒占有率を算出し、その結果を表 3 に示した。分散分析の結果、品種について有意差は認められたが、USDA 110<sup>T</sup> の接種について有意差は認められなかった。しかし、USDA 110<sup>T</sup> の接種により  $hup^+$  株の占有率は、無接種区と比較して、 $non-R_j$  の Bragg で 11.2%、 $R_{j_2}R_{j_3}$  遺伝子型の CNS で 31.8%、 $R_{j_3}$  遺伝子型の D-51 で 27.5%、 $R_{j_4}$  遺伝子型のフクユタカで 18.2%増加する傾向を示した。一方、 $R_{j_2}R_{j_3}R_{j_4}$  遺伝子型の B×F-M については、無接種区と比較して 2.9%減少した。しかし、B×F-M は無接種区では 74.2%と *hupSL* 遺伝子を保有した土着サイズ根粒菌の占有率が高く、他の  $R_j$  遺伝子型よりも土着の  $hup^+$  株との親和性が高いことから、土着の  $hup^+$  株の存在が少ない土壌や接種菌株の菌数が少ない場合により多くの  $hup^+$  株を感染させることができると考えられるため、このような栽培環境下において  $R_j$  遺伝子集積サイズの有用性が期待される。

根粒占有率調査で得られた  $hup^+$  株の占有率のデータと生育調査で得られた各調査項目のデータ間の相関関係を図 1 に、収量調査で得られた各調査項目のデータ間の相関関係を図 2 に示した。 $hup^+$  株の占有率と生育調査項目間の相関関係については、 $hup^+$  株の占有率の増加に伴い、主茎節数、莢数、莢新鮮重および茎葉乾物重で正の相関が認められ、特に、 $hup^+$  株の占有率と莢新鮮重、莢数と莢新鮮重との間に有意な正の相関が認められた (図 1)。収量調査項目間の相関関係については、主茎長と主茎節数、分枝数との間に、分枝数と、莢数、子実数、収量との間に、それぞれ正の相関が認められ、莢数と子実数、収量との間に、子実数と収量との間に、それぞれ有意な正の相関が認められた (表 2)。このことから、USDA 110<sup>T</sup> の接種による  $hup^+$  株の占有率の増加はサイズの地上部の生育を促進し、それに伴い生産性の向上に繋がると考えられた。

生育および収量調査で得られたデータを基にした MDS 解析の結果を図 3 に示した。

USDA 110<sup>T</sup>の接種の有無および各品種のプロットは、それぞれ異なる位置に配置され、D-51やB×F-Mのプロットの位置は近いものの、各 *Rj* 遺伝子型で異なる位置に配置された。さらに、USDA 110<sup>T</sup>の接種の有無によって同 *Rj* 遺伝子型内でプロットの位置が異なったことから、USDA 110<sup>T</sup>の接種による *hup*<sup>+</sup>株の占有率の増加が各調査項目の値に影響を及ぼしたことが要因の一つであると考えられる。

以上、本研究の結果から、non-*Rj*のダイズ品種と比較して、*Rj*<sub>3</sub>や*Rj*<sub>4</sub>遺伝子を保有するダイズ品種は*B. diazoefficiens* USDA 110<sup>T</sup>の根粒占有率を向上させ、それに伴う地上部、特に、主茎長や主茎節数、分枝数、の生育促進により、生産性の向上に繋がったと考えられる。また、本研究はダイズ根粒菌の接種歴のない圃場で栽培試験を行ったが、この圃場には*hupSL*遺伝子を保有する*B. diazoefficiens* USDA 110<sup>T</sup>系統の土着ダイズ根粒菌が予想よりも多く存在していたこともあり、USDA 110<sup>T</sup>無接種区でも45.8%~74.2%の*hup*<sup>+</sup>株の占有率が確認された。*Rj*遺伝子の有用性やUSDA 110<sup>T</sup>の接種効果をより明確にするために、土着の*hup*<sup>+</sup>株の影響が少ない圃場での栽培試験を実施し、その有用性を評価したいと考えている。

## 要約

本研究は、ダイズが保有する*Rj*遺伝子が窒素固定能の高い有用ダイズ根粒菌の感染率向上およびダイズ生産性向上に対する有用性を明らかにすることを目的とした。供試品種としてnon-*Rj*、*Rj*<sub>2</sub>*Rj*<sub>3</sub>、*Rj*<sub>3</sub>、*Rj*<sub>4</sub>、*Rj*<sub>2</sub>*Rj*<sub>3</sub>*Rj*<sub>4</sub>の遺伝子型を示すダイズ5品種と、供試菌株として*B. diazoefficiens* USDA 110<sup>T</sup>を用いて栽培試験を行い、生育および収量調査、感染ダイズ根粒菌の占有率調査、接種菌株の占有率と生育収量との関係解析を実施した。生育および収量調査の結果、生育調査ではUSDA 110<sup>T</sup>の接種による有意な効果は認められなかったが、収量調査では収量向上に対して有意な効果が認められた。感染ダイズ根粒菌の占有率調査の結果、有意差は認められなかったものの、USDA 110<sup>T</sup>の接種により*hup*<sup>+</sup>株の占有率がnon-*Rj*と比較して*Rj*<sub>3</sub>や*Rj*<sub>4</sub>遺伝子を保有する品種で高い増加率を示す傾向にあった。*hup*<sup>+</sup>株の占有率と生育調査項目間について検討した結果、*hup*<sup>+</sup>株の占有率の増加に伴って莢数や莢新鮮重、茎葉乾物重が増加する傾向を示した。さらに、収量調査項目間について検討した結果、主茎長と主茎節数、主茎節数と分枝数、分枝数と莢数、子実数、収量との間に正の相関が認められたことから、*hup*<sup>+</sup>株の占有率の増加に伴う地上部の生育向上が生産性の向上に繋がると考えられた。

以上のことから、*Rj*<sub>3</sub>や*Rj*<sub>4</sub>遺伝子を保有するダイズ品種は接種菌株の占有率を向上させること、さらに、ダイズ生産性向上に有用である可能性が示唆された。

## 謝辞

本研究を遂行するにあたり、研究助成を賜りました公益財団法人タカノ農芸化学研究助成財団に心から感謝申し上げます。また、本研究を遂行するにあたり、ダイズの栽培管理や調査にご協力いただきました関係者の皆様に心から感謝申し上げます。

参考文献

- 1) Hayashi M, Saeki Y, Haga M, Harada K, Kouchi H, Umehara Y. 2012. *Rj* (*rj*) genes involved in nitrogen-fixing root nodule formation in soybean. *Breeding Science*, 61, 544-553.
- 2) Saeki S, Akagi I, Takaki H, Nagatomo Y. 2000. Diversity of indigenous *Bradyrhizobium* strains isolated from three different *Rj*-soybean cultivars in terms of randomly amplified polymorphic DNA and intrinsic antibiotic resistance. *Soil Science and Plant Nutrition*, 46, 917-926.
- 3) Saeki Y, Aimi N, Hashimoto M, Tsukamoto S, Kaneko A, Yoshida N, Nagatomo Y, Akao S. 2004. Grouping of *Bradyrhizobium* USDA strains by sequence analysis of 16S rDNA and 16S-23S rDNA internal transcribed spacer region. *Soil Science and Plant Nutrition*, 50, 517-525.
- 4) 城 惣吉・間塚真矢・門脇正行・佐伯雄一. 2021. 栽培温度がダイズの生育および感染ダイズ根粒菌の群集構造に及ぼす影響. 日本土壌肥科学雑誌, 92, 255-262.
- 5) Shiro S, Saeki Y. 2022. Breeding of *Rj* gene-accumulated soybean genotypes and their availability for improving soybean productivity. In: Oyama T. (ed.) Soybean – Recent Advances in Research and Applications. IntechOpen, <https://www.intechopen.com/online-first/80926>
- 6) Shiro S, Yamamoto A, Umehara Y, Hayashi M, Yoshida N, Nishiwaki A, Yamakawa T, Saeki Y. 2012. Effect of *Rj* Genotype and Cultivation Temperature on the Community Structure of Soybean-Nodulating Bradyrhizobia. *Applied and Environmental Microbiology*, 78, 1243-1250.

図表

表1 *B. diazoefficiens* USDA 110<sup>T</sup>の接種および*Rj*遺伝子型の違いがダイズの生育に及ぼす影響

USDA 110 <sup>T</sup>	品種	主茎長 (cm plant <sup>-1</sup> )	主茎節数 (No. plant <sup>-1</sup> )	莢数 (No. plant <sup>-1</sup> )	莢新鮮重 (g plant <sup>-1</sup> )	茎葉乾物重 (g plant <sup>-1</sup> )	根粒数 (No. plant <sup>-1</sup> )
無接種区	Bragg	60.0	14.4	130.5	108.4	48.7	247.1
	CNS	60.2	15.6	204.8	107.0	44.8	141.0
	D-51	49.7	14.6	126.3	107.4	46.9	109.0
	フクユタカ	57.7	14.7	89.3	106.1	49.3	128.8
	B×F-M	54.1	14.9	118.9	123.0	40.3	143.5
接種区	Bragg	64.3	14.3	114.4	98.6	54.9	188.6
	CNS	55.5	16.3	197.8	124.1	47.7	203.5
	D-51	48.4	13.8	150.8	134.8	48.8	66.7
	フクユタカ	61.3	16.0	98.4	119.1	55.7	77.5
	B×F-M	52.3	13.6	98.9	98.3	38.4	140.0
無接種区		56.4	14.8	134.0	110.4	46.0	153.9
接種区		56.3	14.8	132.1	115.0	49.1	135.3
分散分析	Bragg	62.1 c	14.3	122.4 ab	103.5	51.8 b	217.8 b
	CNS	57.8 bc	16.0	201.3 c	115.6	46.3 ab	172.3 ab
	D-51	49.0 c	14.2	138.5 b	121.1	47.9 ab	87.9 a
	フクユタカ	59.5 bc	15.3	93.9 a	112.6	52.5 b	103.2 ab
	B×F-M	53.2 ab	14.2	108.9 ab	110.6	39.4 a	141.7 ab
接種 (I)	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
品種 (C)	***	*	***	ns	*	*	*
I × C	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns

値は3反復の平均値で, \*\*\*は有意水準0.1%で, \*\*は有意水準1%で, \*は有意水準5%で有意差あり。  
異なる英小文字間はTukeyの多重比較 (有意水準5%) で有意差あり。

表2 *B. diazoefficiens* USDA 110<sup>T</sup>の接種およびRj遺伝子型の違いがダイズの生産性に及ぼす影響

USDA 110 <sup>T</sup>	品種	主茎長	主茎節数	分枝数	莢数	子実数	100粒重	収量
		(cm plant <sup>-1</sup> )	(No. plant <sup>-1</sup> )	(No. plant <sup>-1</sup> )	(No. plant <sup>-1</sup> )	(g plant <sup>-1</sup> )	(g)	(g m <sup>-2</sup> )
無接種区	Bragg	56.0	13.0	12.7	119.1	209.3	21.0	365.6
	CNS	52.4	13.7	14.9	172.7	208.1	14.4	250.4
	D-51	39.9	11.4	11.8	117.9	183.2	18.7	286.5
	フクユタカ	50.4	12.3	11.3	93.1	137.8	32.7	361.2
	B×F-M	40.1	11.0	11.1	122.5	163.8	22.0	298.1
接種区	Bragg	57.6	12.3	11.6	123.0	224.0	20.4	396.6
	CNS	55.9	15.0	15.5	160.2	197.6	16.0	277.6
	D-51	41.4	11.5	11.0	114.6	190.2	20.0	321.8
	フクユタカ	56.2	14.7	13.1	124.3	184.6	31.2	494.2
	B×F-M	46.5	12.5	11.2	119.1	166.9	22.1	324.9
無接種区		47.7	12.3	12.4	125.1	180.5	21.8	312.3
接種区		51.5	13.2	12.5	128.2	192.7	22.0	363.0
分散分析	Bragg	56.8 b	12.6 ab	12.1 a	121.1 a	216.7 b	20.7 bc	381.1 bc
	CNS	54.2 b	14.3 c	15.2 b	166.5 b	202.8 ab	15.2 a	264.0 a
	D-51	40.6 a	11.4 a	11.4 a	116.3 a	186.7 ab	19.4 b	304.1 ab
	フクユタカ	53.3 b	13.5 bc	12.2 a	108.7 a	161.2 a	32.0 d	427.7 c
	B×F-M	43.3 a	11.8 ab	11.2 a	120.8 a	165.3 a	22.1 c	311.5 ab
	接種 (I)	**	*	ns	ns	ns	ns	**
分散分析	品種 (C)	***	***	***	***	*	***	***
	I × C	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns

値は3反復の平均値で, \*\*\*は有意水準0.1%で, \*\*は有意水準1%で, \*は有意水準5%で有意差あり.  
異なる英小文字間はTukeyの多重比較 (有意水準5%) で有意差あり.

表3 *B. diazoefficiens* USDA 110<sup>T</sup>の接種およびRj遺伝子型の違いが感染ダイズ根粒菌の占有率に及ぼす影響

USDA 110 <sup>T</sup>	品種	占有率 (%)		
		hup <sup>+</sup> 株	hup <sup>-</sup> 株	その他
無接種区	Bragg	67.4	0.0	32.6
	CNS	57.6	5.5	36.9
	D-51	70.1	11.9	18.0
	フクユタカ	45.8	30.6	23.6
	B×F-M	74.2	15.0	10.8
接種区	Bragg	75.0	2.8	22.2
	CNS	75.8	3.2	21.0
	D-51	89.3	3.7	7.0
	フクユタカ	54.2	9.7	36.1
	B×F-M	72.1	15.0	12.9
無接種区		63.0	12.6	24.4
接種区		73.3	6.9	19.8
分散分析	Bragg	71.2 ab	1.4 a	27.4
	CNS	66.7 ab	4.4 ab	28.9
	D-51	79.7 b	7.8 ab	12.5
	フクユタカ	50.0 a	20.1 b	29.9
	B×F-M	73.1 ab	15.0 ab	11.9
	接種 (I)	ns	ns	ns
分散分析	品種 (C)	*	*	*
	I × C	ns	ns	ns

値は3反復の平均値で, \*は有意水準5%で有意差あり.  
異なる英小文字間はTukeyの多重比較 (有意水準5%) で有意差あり.

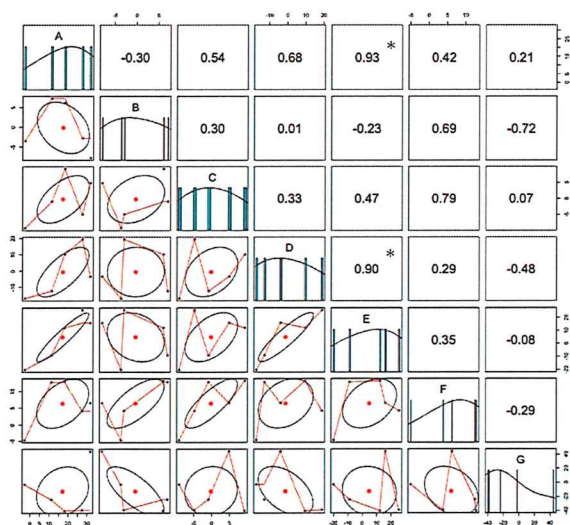


図1 hup+株の占有率と生育調査項目間の相関関係  
 値は表1および表3のデータを基に算出した増減率を用いた。  
 A: hup+株の占有率, B: 主茎長, C: 主茎節数, D: 莢数,  
 E: 莢新鮮重, F: 茎葉乾物重, G: 根粒数で, \*は有意水準  
 5%で有意差あり。

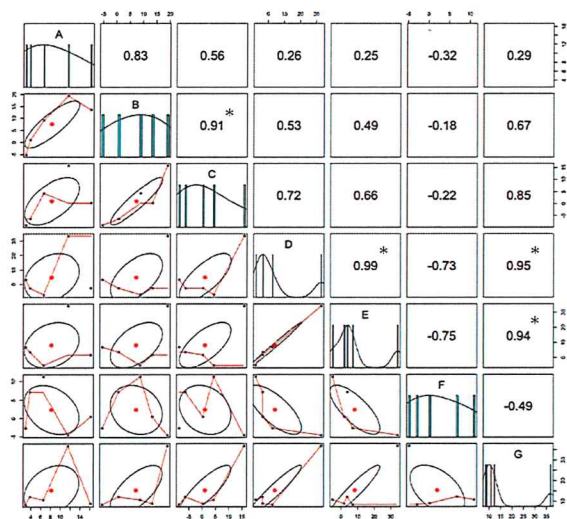


図2 収量調査項目間の相関関係  
 値は表2のデータを基に算出した増減率を用いた。A: 主茎長,  
 B: 主茎節数, C: 分枝数, D: 莢数, E: 子実数, F: 100粒重,  
 G: 収量で, \*は有意水準5%で有意差あり。

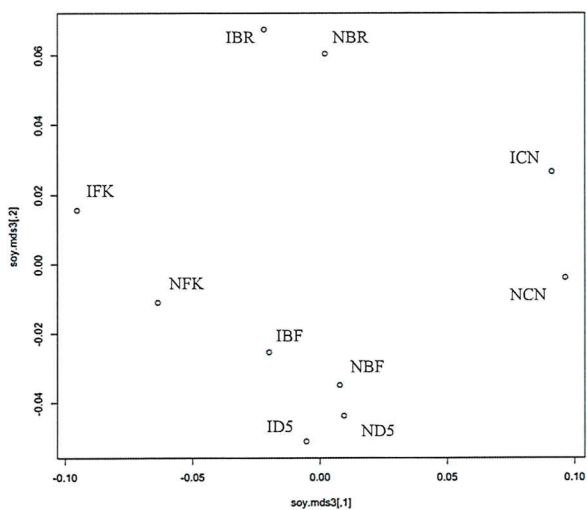


図3 生育および収量調査データを基にしたMDSプロット  
 図中の英文字は, Nは無接種区, Iは接種区を示し, BRはBragg,  
 CNはCNS, D5はD-51, FKはフクユカタ, BFはB×F-Mの品種・  
 系統名を示す。