

[別紙2]

論文審査の結果の要旨

申請者氏名 神戸 崇

論文題目 イネにおける染色体断片置換系統群 (CSSL) および戻し交配後代を用いた有用表現形質に関する量的形質遺伝子座 (QTL) 解析

作物学的に重要な生理形質の多くは量的形質遺伝子座 (QTL) によって支配されている。染色体断片置換系統群 (CSSL) を用いたQTL解析は、エピスタシスなど遺伝子間の交互作用を軽減させ、遺伝構成によっては不良形質との連鎖を除いた条件で、CSSLと反復親との間の表現型および遺伝子型の差異に基づいて簡明にQTL領域を特定することが可能であり、新たな生理形質に関するQTLの特定が期待される。本研究は、このような従来の解析集団と比較して一般に高いと報告されている検出力を持ち遺伝的交互作用を低減化しているCSSLを用い、種々の生理、生態学的形質についてQTL解析を行ったものである。

1. CSSL及び後代集団を用いた生育および草型に関するQTL解析

39コシヒカリ/Kasalath交配由来CSSLを用い、生育や草型に関する形質についてQTL解析を行った。成長期間の積算温度 (GDD) を基礎にした3年間の圃場における草丈および茎数の増加の推移に基づき、それらの増加パターンに関するQTLを特定した。コシヒカリとの統計的な差異が置換されたKasalath染色体断片の影響に帰することができ、かつ、少ない系統数(39)からなるCSSLを用いることで、このような作物学的形質についての遺伝的解析が容易になったと考えられた。また、染色体別に比較群とし分散分析を行ったところ、稈長、草丈、穂数、クロロフィル含量、比葉重に関する8つのQTLを特定した。穂数 ($qPN-2$)、クロロフィル含量 ($qCHL-4$) および比葉重に関するQTL ($qSLW-7$) を保持していたCSSLにコシヒカリを戻し交配して作出した後代 F_2 において詳細な位置特定がされた。このうち、穂数と比葉重は新たに見出されたQTLである。冷夏でも発現した $qPN-2$ は安定的な穂数の確保に寄与し、クロロフィル含量に関する $qCHL-4$ は光合成速度と関係し、 $qSLW-7$ は出穂期のソース器官である止葉葉身に関するものであることから、これらのQTLはイネの収量性向上に資することが示唆された。

2. 作物生理学的有用表現形質に関するQTLの探索

シンク、ソース機能およびそれらの関係性は、バイオマスおよび収量に影響を及ぼす重要な生理学的要素である。39コシヒカリ/Kasalath交配由来CSSLおよび戻し交配 F_2 後代を供試し、重要なソース機能である出穂期の止葉葉身におけるRuBisCOおよび第3葉鞘における非構造炭水化物 (NSC) に関するQTLについて調査した。第10染色体RM8201~RM5708間において出穂期のRuBisCO含量に関するQTL ($qRCH-10$) およびNSC濃度に関するQTL ($qNSCLSH-10-1$ および q

NSCLSH-10-2) が新たに検出された。これら QTL の効果は共に相加的で、周辺形質ともほとんど相関も認められなかったことから育種への応用可能性が示唆された。また、多収性インド型品種ハバタキを供与親、ササニシキを反復親として育成された 39 ササニシキ/ハバタキ CSSL および戻し交配 F_2 後代を供試し、全国 3 箇所での連絡試験を行った。その結果、第 5 染色体 RM3476~RM7452 間において、出穂期の RuBisCO 含量に関する QTL (*qRCH-5*) および NSC 含量に関する QTL (*qNSCCH-5-1* および *qNSCCH-5-2*) を特定した。これらの領域には、既に収量等に関する多くの QTL が報告されており、作物学的にも重要な領域であることが強く示唆された。*qRCH-5* 上のハバタキ対立遺伝子効果は相加的で、育種上有望であると考えられた。また、同じ染色体上の RM1386~RM5642 間では、NSC 含量に関する QTL が出穂期および出穂 14 日後の 2 時期に認められた。形質間および出穂期、出穂 14 日間の相関係数の絶対値は総じて低く、これらの形質に関する独立した関係性は特定された QTL を育種に結びつける上で好適であると考えられた。

3. 遺伝資源として CSSL を用いた QTL の応用可能性

遺伝資源として CSSL を用い、近年注目されている食味およびバイオマスに関する QTL について調査した。コシヒカリはわが国の代表的良食味品種であり、染色体断片置換の影響を様々な角度から評価することには意義がある。39 コシヒカリ/Kasalath CSSL において、自動食味計による食味計値に関する 13 の広範な QTL 領域を特定した。そのうち第 1、第 2、第 3、第 6、第 9、第 11 および第 12 染色体上の 9 箇所は Kasalath 染色体断片置換の影響により食味計値の低下を招いていたが、第 4、第 5、第 7 および第 8 染色体上の 4 箇所においては Kasalath 染色体断片の移入がコシヒカリの食味を増加させる可能性を示していた。また、穂重、ワラ重およびバイオマスに関する年次間で安定的な QTL を第 2 染色体 C499~C747 間および C747~C1470 間、第 8 染色体 R1943~C390 において計 3 箇所特定し、バイオマス増加に資する情報を得た。

以上より、CSSL を用いた QTL 解析においては、単純な検定によって草丈や茎数増加パターンといった新たな生育モデル QTL 特定が可能になること、また、形質によっては従来の QTL 解析集団と異なる遺伝構成によって、あるいは従来言われている検出力の高さから新たな QTL の特定に繋がること、戻し交配 F_2 後代において十分な再現性があることが特徴として示された。これらによって、出穂期頃に重要視されている RuBisCO 含量、NSC 蓄積量といった複雑な作物学的形質の QTL を安定的に特定し、それらの遺伝的理解を深めるとともにソース-シンク機能の向上を通じた収量向上へのターゲットとして捉えることが可能になった。CSSL の戻し交配後代を用いた QTL 解析では、QTL 上の対立遺伝子の相加効果を推定し、さらに微細な染色体断片を置換した QTL-NIL を得られることから、今後はこれまで難しかった作物生理・生態学的形質の向上を意図した品種育成への途を拓き得ると考えられた。

以上本論文は、CSSL を端緒とした遺伝解析により簡明に新たな有用 QTL を特定したものであり、出穂期における RuBisCO 含量や葉鞘における NSC の蓄積といった作物生理・生態学的形質の遺伝的理解の深化とそれらの向上を意図した育種に資するものと期待されることから、学術上、応用上貢献することが少なくない。よって審査委員一同は、本論文が博士（農学）の学位論文として価値あるものと認めた。