

(続紙 1)

京都大学	博士 (農 学)	氏名	Alhosein Hamada Abd-El-Azeem Hassan
論文題目	Utilization of molecular biotechnology for improving drought stress tolerance in wheat -Genetic analysis of root growth angle and leaf pubescence- (分子生物学的手法を用いたコムギ乾燥ストレス耐性の改良 -根の伸長角度と葉絨毛に関する遺伝解析-)		
(論文内容の要旨)			
<p>近年の世界的な人口増加と社会の産業化に伴って、食糧生産に必要な水資源確保はますます困難になりつつある。このため乾燥条件下での作物栽培を可能にする耐乾性育種は深刻な水不足条件下でも生産性を確保する手段として大きく期待されている。とりわけ、最近干ばつによって生産量が大きく減少したコムギ栽培地帯では耐乾性品種の開発は緊急の課題となっている。</p> <p>本研究では、コムギへの耐乾性付与に貢献すると期待される2つの形態形質に着目して、それらを支配する遺伝的要因の解明を試みた。1つは、養水分の効率的吸収に重要な役割を担っている根系構造に関与する根の伸長角度であり、他の1つはコムギ葉表面の絨毛の量である。葉の絨毛は光遮断による葉温上昇抑制効果ならびに葉表面の微気象の保持効果により、葉からの水分蒸散を抑え乾燥耐性賦与に貢献している。</p> <p>第1章では、研究の背景と課題について概要を述べている。</p> <p>第2章では、アジアコムギ系統194系統を用いて根の伸長角度に関する遺伝的多様性を調査した。土壌中の根の伸長角度はバスケット法により調査し、播種後7日目の種子根の伸長角度 (GA)、深根割合 (水平からの角度が50°以上となる根の割合: DRR) ならびに種子根数 (RN) を求めた。GAおよびDRRには、過去の報告と同様に大きな遺伝的変異が認められた。また、日本を含む極東アジアには根のGAが小さい (浅根性) 品種が分布すること、秋まきコムギ品種のほうが春まきコムギ品種よりもGAが大きくなる傾向を認めた。極東アジア品種の浅根性はモンスーン気候の影響で土壌水分が過多になる場合が多いことに対する適応であると考えられた。</p> <p>第3章では、GAに関する遺伝子が座乗する染色体部位を特定するために、中国品種「U24」 (深根性品種) と日本品種「あやひかり」 (浅根性品種) との交雑に由来する半数体倍加系統 (Doubled Haploid Lines: DHL) 103系統を用いて分子遺伝学的地図を構築した。「U24」および「あやひかり」は、第2章の結果より、アジアコムギ194系統のなかで、とりわけGAが大きい品種および小さい品種であることが判明している。</p> <p>103系統のDHLについて281個のSSR (Simple Sequence Repeat) マーカーに関する遺伝子型を調査することにより作製できた遺伝子地図は、276個のSSRマーカーからなり、コムギゲノムの約70%をカバーしていると推定された。DHLのGA、DRRならびにRNは連続分布をするとともに、そのレンジは、第2章のアジアコムギ全体のレンジと同等に大きく、根の伸長角度が複数個の遺伝子座によって支配されていると考えられた。これらの座乗染色体を特定するため、CIM (Composite Interval Mapping) 法によるQTL (Quantitative Trait Loci) 解析を実施した結果、DRRに関する遺伝子座は染色体1Bと5Dに、RNに関する遺伝子座は染色体5Aに座乗することを認めた。また、GAに関して</p>			

は明瞭な効果を示す染色体部位を特定できなかった。DRRはコムギ根の重力屈性の程度を示すことから、DRRに関与する遺伝因子は根の重力屈性に関与すると考えられた。また、イネの深根性に関与する*Dro1*遺伝子が座乗するイネ第9染色体はコムギの第5同祖群染色体と同祖関係にあることから、コムギ5D染色体に座乗する因子は*Dro1*と機能的に類似している可能性を認めた。

第4章では、根の伸長角度に大きな影響を及ぼす重力屈性以外の内的要因である根の水屈性に関与する遺伝要因を第3章と同じDHLを用いて解析した。水屈性(HR)の程度は幼苗の根を1%寒天と K_2CO_3 飽和溶液との間に生じる湿度勾配中に静置して、根が寒天側に曲がる角度の大きさを評価した。DHLの両親品種「U24」は水屈性強品種、「あやひかり」は水屈性弱品種であった。DHLのHRと幼根の伸長速度(ER)とを観察した結果、両形質とも両親の間で連続分布をしており、複数個の遺伝因子が関与していると推察された。CIM法によるQTL解析の結果、HRに関する遺伝子座は染色体1Aと2B上に、ERに関する遺伝子座は染色体5Dおよび7D上に座乗することを明らかにした。この結果より、コムギでは重力屈性と水屈性が独立の遺伝因子によって制御されていることを明白にした。

第5章では、コムギ葉表面の繊毛の量に関与する遺伝因子を明らかにするため、アジアコムギ系統235系統(MW品種)から葉表面の繊毛の長さ(HL)および密度(HD)が異なる遺伝子型を選び、2組合せMW25(長毛・密)/MW247(短毛・粗)およびMW25/MW278(短毛・密)の交雑後代を用いた。前者の後代F2ではHLに関しては超越分離が、HDに関して両親間の連続分布がそれぞれ認められた。さらに、葉裏面の起毛(HS)に関して明瞭な分離が認められた。後者の後代F2ではHLに関する超越分離とHSに関する分離が認められた。繊毛保有の有無に関して報告された染色体4Bおよび7BとHL、HDおよびHSとの関係をSSRマーカーによる連鎖解析により調査した結果、HLの分離には染色体4Bおよび7B上の因子が関与すること、染色体7B上にはHL、HDおよびHSに多面的に作用する因子が存在していることを認めた。これらの結果から、染色体7Bには葉の繊毛に関して効果が異なる複対立遺伝子座が存在する可能性を認めた。

第6章では、全体の要約および本研究で新たに明らかになった遺伝因子を用いた耐乾性コムギ品種の開発に関する総合討論を行なっている。

注) 論文内容の要旨と論文審査の結果の要旨は1頁を38字×36行で作成し、合わせて、3,000字を標準とすること。

論文内容の要旨を英語で記入する場合は、400～1,100 wordsで作成し
審査結果の要旨は日本語500～2,000字程度で作成すること。

(続紙 2)

(論文審査の結果の要旨)

近年の分子遺伝学の進展によって、作物の重要形質に関与する遺伝子や分子マーカーの同定が急速に進んでいる。本論文は、コムギの耐乾性育種に重要な意義をもつ根系ならびに葉の形態を支配する遺伝因子を分子マーカー利用により明らかにし、効率的な耐乾性品種育成への利用を可能にしたものである。評価される主な点は以下の通りである。

1. コムギにおける根の重力屈性に関わる主働遺伝子座の存在とその染色体領域を初めて明らかにした。重力屈性が植物の根の伸長方向に大きく影響することは、すでにシロイヌナズナなどでも明らかにされているが、主要穀物ではイネの*Dro1*以外の報告はなかった。この結果により、根の重力屈性が強く土壌深部に根系を形成するコムギ品種の育成が容易になった。

2. 根の伸長角度を決定し根系構造の形成に大きな影響をもつ重要な内的要因である重力屈性と水屈性に関する遺伝子座の分子マーカーを特定し、両者が異なる遺伝因子に支配されていることを明らかにした。とりわけ、水屈性に関わる主働遺伝子の存在を穀物において初めて明らかにしたことは貴重な成果である。これにより、分子マーカーを用いて様々な土壌条件に適応した根系構造の選抜が可能となった。

3. コムギの葉繊毛量に関与する遺伝子座が染色体4Bと7Bとに存在することを明らかにした。両染色体には従来から繊毛保有の有無を決定する遺伝子座の存在が報告されていた。本研究結果は、同じ位置の遺伝子座が繊毛長および密度などの繊毛の量的変異にも関与していることを初めて明らかにした。また、染色体7B上の遺伝子座は繊毛長、繊毛密度、さらに裏面の起毛に関しても多面的に働く遺伝子座であること、さらにこれらの形質に及ぼす効果が異なる複対立遺伝子が存在する可能性を示した。これにより、繊毛量と耐乾性との関係の詳細な解析が可能となった。

以上のように、本論文はコムギの耐乾性向上に寄与する根系構造ならびに葉表面の繊毛量に関与する遺伝因子について、座乗染色体領域を明らかにしてコムギ耐乾性育種への効率的利用を可能にしたものであり、育種学、作物学、遺伝学ならびに植物生理学に寄与するところが大きい。

よって、本論文は博士(農学)の学位論文として価値あるものと認める。

なお、平成23年9月15日、論文並びにそれに関連した分野にわたり試問した結果、博士(農学)の学位を授与される学力が十分あるものと認めた

注) Webでの即日公開を希望しない場合は、以下に公開可能とする日付を記入すること。
要旨公開可能日： 年 月 日以降