

京都大学	博士（農学）	氏名	Siviengkhek PHOMMALATH
論文題目	Genetic analysis of phenolic compounds in soybean seed (ダイズ種子に含まれるフェノール化合物の遺伝解析)		
(論文内容の要旨)			
ダイズの種皮は、抗酸化能などの生理機能活性をもつアントシアニンやプロアントシアニジンなどフェノール化合物を含有する。食の健康への寄与がますます注目を浴びており、生理機能性向上等の付加価値をもつ作物の育種は今後、盛んになると期待される。本論文は、ダイズ種皮に含まれるフェノール化合物含量の遺伝的多様性を調べるとともに、それに関わる染色体領域を明らかにして関与する遺伝子について検討を加えたものである。以下に、成果の概要を示す。 1. 黒ダイズ227品種から種皮を採取し、プロアントシアニジン含量、アントシアニン含量、総フラボノール含量、総フェノール含量およびラジカル消去能の計5形質をフェノール化合物含量（PCC）として測定した。どのPCCにおいても大きな品種間差異が確認された。PCCと開花期との間には中程度の相関が認められたが、粒重との相関は確認できなかった。PCC間に強い正の相関が確認されたことから、フェノール化合物は同調的に合成され、同じ遺伝因子によって制御されることが示唆された。また、2ヶ年の栽培試験により遺伝因子と環境との間の相互作用もPCCに影響を及ぼすことをみいだした。 2. 黒ダイズ品種ペキンと丹波黒との組換え自殖176系統(PTn-RILs)を供試して2世代（2009年F_{3:4}世代、2010年F_{4:5}世代）にわたりPCCのQTL解析を行った。ペキンは中国に起源する小粒品種でPCCが高いのに対し、丹波黒は日本在来の大粒品種でPCCが低い。PTn-RILsでは全てのPCCにおいて超越分離がみられたことから、両親品種ともPCCを高くする遺伝子をもつことが示唆された。両世代においてSSR (Single Sequence Repeat)マーカーを用いて連鎖地図を作成した。F_{3:4}世代では293個のSSRマーカーを用いて総長5650cM、F_{4:5}世代では216個のSSRマーカーを用いて総長7066cMの連鎖地図を作成した。QTL cartographerを利用してQTL解析を行ったところ、2世代5形質で17染色体に総計57個のQTLを検出した。3染色体（Gm06、Gm10およびGm20）において全てのPCCに関するQTLを検出した。特に、染色体Gm10のSSRマーカーBE801128とSatt243に挟まれた領域では、2世代にわたって全てのPCCに関するQTLを検出した。この領域がペキン型である場合にPCCが高くなった。この領域には、プロアントシアニジンやアントシアニンに関連する種皮色制御遺伝子など既知の遺伝子は座乗しておらず、従ってこのQTLは新規遺伝子であると考えられた。 3. BE801128－Satt243間で検出されたQTLをファインマッピングするために、PTn-RILからこの領域がヘテロである個体を選抜し、その後代1468個体を供試し			

た。また、マーカーの充実を図るため、50マーカーを新たに設計し、両親間で多型を示した、9マーカーの遺伝子型を調べ、この領域で組換えが生じた個体のPCCを定量化した。その結果、アントシアニン含量に関するQTLはSatt592-Sat_274間225.8 kbに、それ以外のPCCに関するQTLはSatt592-Satt331間467.8kbに座乗領域を狭めることが出来た。アントシアニン含量に関するQTLは他のPCCに関するQTLとは異なるが、非常に近接した領域に座乗することが明らかとなった。Phytozome(www.phytozome.net)で公開されているゲノム配列情報から、アントシアニン含量に関するQTLの候補遺伝子として21個、それ以外のPCCに関するQTLの候補遺伝子として40個に絞り込むことができた。

以上より、ダイズ種皮におけるフェノール化合物含量は、品種間で大きな遺伝的多様性が存在すること、ペキンと丹波黒の組換え自殖系統を使った研究で、染色体Gm10に安定したQTLが存在すること、およびがそのQTL領域には2個のQTLが近接しており、候補遺伝子をそれぞれ21個および40個に絞り込めることを明らかにした。これらQTLを導入することによりフェノール化合物含量の高いダイズ品種の育成が可能になり、生理機能活性をもつ高付加価値ダイズの育種に貢献することが期待された。

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。

(論文審査の結果の要旨)

ダイズ種子はタンパク質や脂質が高いのみならず、イソフラボンやサポニン等の機能性成分も数多く含んでいる。抗酸化能をもつプロアントシアニジンおよびアントシアニンなどのフェノール化合物はダイズ種皮に多く含まれ、ダイズの新たな機能性成分として注目を浴びている。しかしながら、ダイズでのフェノール化合物の蓄積や制御に関する遺伝的メカニズムについては未知の部分が多い。本研究は、黒ダイズに的を絞り、フェノール化合物含量の遺伝的多様性を調査するとともに、組換え近交系を用いてフェノール化合物の蓄積・制御に関わる遺伝子を同定した結果を取りまとめたものである。本研究の評価すべき主要な点は以下の通りである。

1. 黒ダイズ227品種を供試してフェノール化合物含量(PCC)を測定し、遺伝的多様性が従来報告より大きいことを指摘した。PCC間に強い正の相関を確認し、フェノール化合物は同じ遺伝因子によって制御されている可能性を指摘した。

2. 高PCC含有黒ダイズ品種ペキンと低PCC含有黒ダイズ品種丹波黒との組換え自殖176系統(PTn-RILs)を供試して、PCC5形質全てにおいて超越分離がみられることを確認し、PCCを高くする遺伝因子を両品種とももつことを指摘した。PCC5形質について総計57個のQTLを検出し、3染色体(Gm06、Gm10およびGm20)においては全てのPCCに関するQTLが存在することを明らかにした。特に、染色体Gm10のSSRマーカーBE801128とSatt243に挟まれた領域に、2世代にわたる全てのPCCに関してLOD値の高いQTLを検出したが、この領域には既知のフェノール化合物関連遺伝子は座乗しておらず、新規遺伝子の関与を指摘した。

3. PTn-RILs後代からBE801128-Satt243間がヘテロである1468個体を選抜し、QTLを詳細に領域決定したところ、この領域には二つのQTLが近接して存在することを明らかにした。アントシアニン含量に関するQTLの座乗領域をSatt592-Sat_274間225.8kbに、それ以外のPCCに関するQTLの座乗領域をSatt592-Satt331間467.8kbに狭めることに成功した。

以上のように、本論文は、ダイズ種皮のフェノール化合物含量の遺伝的多様性が従来報告より大きいことを明らかにするとともに、近接した二つの新規遺伝子がフェノール化合物含量の増減に関与することを示した。本論文は、育種学のみならず、作物学、品質評価学およびダイズ育種の発展に寄与するところが多い。

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 25 年 2 月 12 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