

氏 名	佐 山 貴 司
学位(専攻分野)	博 士 (農 学)
学 位 記 番 号	農 博 第 1708 号
学位授与の日付	平 成 20 年 3 月 24 日
学位授与の要件	学 位 規 則 第 4 条 第 1 項 該 当
研 究 科 ・ 専 攻	農 学 研 究 科 農 学 専 攻
学 位 論 文 題 目	Inheritance of seed flooding tolerance in soybean (<i>Glycine max</i> (L.) Merrill) (ダイズ種子冠水抵抗性の遺伝)
論文調査委員	(主 査) 教 授 谷 坂 隆 俊 教 授 山 田 利 昭 教 授 白 岩 立 彦

論 文 内 容 の 要 旨

ダイズはコムギ、トウモロコシ、イネに次ぐ主要穀物であり、さらなる増産が望まれている。しかし、わが国を含めて主要生産国の多くは雨が少なく、湿害に弱いダイズはしばしば大きな被害をこうむっている。とくに、発芽時の冠水は、種子の発芽を阻害し、著しい減収をもたらすため、雨の多い地方においては発芽時冠水抵抗性極強品種の育成が希求されている。これまでの研究によると、冠水処理後の発芽率を指標とする冠水抵抗性には大きな品種間変異があり、一般に色豆（黒豆・茶豆）品種は黄大豆品種より強い抵抗性を示すことが知られている。したがって、需要の多い黄大豆品種への冠水抵抗性の付与はきわめて重要な育種課題であり、これに資する関与遺伝子の検出・同定は喫緊の課題である。しかし、冠水抵抗性には複数の生理的特性および種皮や子葉組織の物理的特性などが関与しており、その遺伝分析は容易ではない。本研究では、まず、ダイズ種子冠水抵抗性の品種間差異を調査し、遺伝解析をする上で調査すべき形質を明らかにするとともに、種子の色および重さが冠水抵抗性に及ぼす効果について解析した。ついで、冠水抵抗性を大きく異にする2品種間の交雑に由来する組換え近交系（RIL）集団を用いて、SSR マーカー連鎖地図を作製するとともに、量的形質遺伝子座（QTL）解析を行い、関与遺伝子座の数および染色体上の位置等を特定した。さらに、黄大豆品種の中でとくに強い冠水抵抗性を示す品種について遺伝解析を行い、この品種がもつ関与遺伝子の座と上記QTL座との異同を調査した。以下に成果の概要を示す。

1. 種皮色および種子重に関して変異が大きくなるよう選んだ40品種を用いて冠水処理を行ったところ、発芽率のみならず、幼苗の生育にも障害が生じ、大きな品種間差異のあることが明らかになった。幼苗の正常生育率（NS）は発芽率（GR）ときわめて高い正の相関を示したが、GRの高い品種間にはNSに関して大きな変異がみられ、冠水抵抗性の評価は発芽後の生育についても調査する必要があることが明らかになった。また、色豆は黄大豆より冠水抵抗性が強いこと、種子重の小さな種子ほど冠水抵抗性が強くなる傾向のあることが認められた。

2. 供試した40品種中もっとも強い冠水抵抗性を示した黒豆の小粒品種‘Peking’と、きわめて弱い冠水抵抗性を示した黄大豆の中粒品種‘タマホマレ’とを交雑親とするRIL集団（PT-RILs; F₈）を育成した。両親間で多型を示した344のSSRマーカー座と3つの可視形質座の計347座に関する各PT-RILの遺伝子型を調査し、MAPMAKER/EXP 3.0bを用いて連鎖地図を作製した。この連鎖地図はダイズの基本染色体数と同じ20の連鎖群からなり、全長はダイズゲノムのほぼ全域をカバーする2652.5cMであった。マーカー間の平均距離は7.6cM、各連鎖群上の平均マーカー数は17.4であり、QTL解析に十分なマーカー密度であると考えられた。

3. 京都および長野で収穫したPT-RILsの種子に24hおよび48hの冠水処理を施し、3日後のGRと発芽後3日のNSを調査した。24h処理については京都と長野間で発芽率、正常生育率ともに差異が認められた。また、色豆系統が黄大豆系統に比べて強い抵抗性を示すこと、種子重とGRおよびNS間には負の相関があること、さらに、GRおよびNSに関してPT-RILsが‘Peking’と‘タマホマレ’間に連続分布していることが認められた。そこで、これら形質についてQTL解析を行ったところ、24のQTL候補領域が検出された（Windows QTL Cartographer v2.5 MIM 解析 LOD>2.0）。48h処理ではほとんど

のRILに強い幼苗障害がみられたため、NSに関するQTL解析は行わなかった。検出された候補QTL領域は、栽培環境によってかなり異なったため、両環境に共通して検出された候補QTL領域をQTLとみなし、それぞれ*Sft1*, *Sft2*, *Sft3*および*Sft4*と命名した。*Sft1*は24h処理後のGRでもっとも効果が大きく、種皮色および種子重とは無関係であった。*Sft2*は総合的にもっとも効果が大きかったものの、I座（I：黄色種皮，i：茶色・黒色種皮）近傍に検出され、また種子重とも関係があったことから、黄大豆品種の育種には利用不能と考えられた。*Sft3*および*Sft4*の効果は小さかったが、種皮色・種子重とは関係がなく、*Sft1*とともに黄大豆の冠水抵抗性品種育成に利用可能なQTLであることが明らかになった。

4. 48h冠水処理後に高いGRとNSを示す黄大豆RT-RILが出現しなかったことから、上記QTL座の有効アレル以外にも抵抗性遺伝子の探索が必要であると考えられた。そこで、黄大豆の中で強い抵抗性を示した‘エンレイ’と‘タマホマレ’（‘タマホマレ’×‘エンレイ’）の交雑F₃を用いて冠水抵抗性関連形質を調査したところ、‘エンレイ’の冠水抵抗性は吸水特性以外の要因によるところが大きいことが明らかになった。また、観察されたGRおよびNSが種子重とほぼ無関係であったことから、‘エンレイ’は黄大豆育種に利用可能な冠水抵抗性遺伝子をもつことが示唆された。つづいて、*Sft1*, *Sft2*, *Sft3*および*Sft4*近傍のSSR座の遺伝子型から、エンレイ型アレルをもつ系統がタマホマレ型アレルをもつ系統より高いGRおよびNSを示すか否かを調査した。*Sft2*については多型マーカーが認められず、その周辺領域が‘タマホマレ’と‘エンレイ’間で酷似していると考えられた。*Sft1*, *Sft3*および*Sft4*については多型を示すマーカーが存在したものの、エンレイ型アレルとタマホマレ型アレル間に抵抗性に関する差異は認められなかった。これらのことから、‘エンレイ’は‘Peking’とは異なる抵抗性遺伝子をもつこと、また、‘エンレイ’と‘Peking’の冠水抵抗性遺伝子を集積することにより、‘エンレイ’より強い抵抗性をもった黄大豆品種の育成が可能であることが明らかになった。

論文審査の結果の要旨

ダイズ栽培において播種時の冠水は、種子の発芽を阻害し、著しい減収をもたらすことから、雨の多い地方では発芽時冠水抵抗性極強品種の育成が希求されている。発芽率でみた冠水抵抗性には大きな品種間変異があり、需要の多い黄大豆品種は色豆（黒豆・茶豆）品種に比べて一般に冠水抵抗性が弱いとされている。このため、黄大豆品種への冠水抵抗性の付与はきわめて重要な育種課題である。本研究は、ダイズ種子冠水抵抗性の評価に適した指標形質を明らかにしたのち、組換え近交系（RIL）集団を用いて冠水抵抗性に関する量的形質遺伝子座（QTL）解析を行い、関与遺伝子座の数、染色体上の位置および作用力を特定するとともに、冠水抵抗性強の黄大豆品種から異なる抵抗性遺伝子を検出しようとしたものである。本研究の評価すべき点は以下のとおりである。

1. 種皮色および種子重に関して変異が大きくなるように選んだ40品種に冠水処理を行い、冠水抵抗性の評価には発芽率（GR）のほか幼苗の正常生育率（NS）を用いる必要があることを示した。また、色豆が黄大豆より冠水抵抗性が強いことを確認するとともに、種子重の小さな種子ほど冠水抵抗性が強いことを明らかにした。

2. 冠水抵抗性極強の黒豆・小粒品種‘Peking’と、同弱の黄大豆・中粒品種‘タマホマレ’とを交雑親とするRIL（PT-RIL; F₈）集団を用いて、全長2652.5cM、マーカー間平均距離7.6cM、各連鎖群の平均マーカー数17.4のSSRマーカー連鎖地図を作製した。

3. PT-RILの種子と上記連鎖地図を用いて、GRおよびNSに関するQTL解析を行って、4つのQTLを検出し、これらを*Sft1*, *Sft2*, *Sft3*および*Sft4*と命名した。*Sft1*, *Sft3*および*Sft4*は種皮色および種子重と無関係であり、黄大豆の冠水抵抗性育種に資するQTLであること、しかし、効果の大きい*Sft2*は種皮色および種子重と関係があり、黄大豆の抵抗性育種には利用不能であることを示した。

4. ‘タマホマレ’×‘エンレイ’（黄大豆の中で強い冠水抵抗性を示す）の交雑後代F₃を用いて、GRおよびNSと種子の吸水特性および種子重との関係を調査し、‘エンレイ’は黄大豆育種に利用可能な冠水抵抗性遺伝子をもつことを明らかにした。*Sft1*, *Sft3*および*Sft4*について、‘タマホマレ’および‘エンレイ’のアレル間で抵抗性程度に差異がなく、‘エンレイ’は‘Peking’とは異なる抵抗性遺伝子をもつこと、したがって、上記QTLの有効アレルと‘エンレイ’の抵抗性遺伝子を集積すれば、‘エンレイ’より強い冠水抵抗性をもつ黄大豆品種の育成が可能になることを示した。

以上のように、本論文はダイズ種子の冠水抵抗性の評価に必要な形質を明らかにするとともに、これに基づいて行った遺

伝解析の成果をとりまとめたものであり、植物育種学、植物遺伝学、植物生理学およびそれらの応用分野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20年2月14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。