

氏名(国籍)	おう 王	ない 寧(中国)
学位の種類	博士(生物資源工学)	
学位記番号	博甲第4691号	
学位授与年月日	平成20年3月25日	
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当	
審査研究科	生命環境科学研究科	
学位論文題目	Studies on Diversification and Identification of Quantitative Trait Loci of Root Plumpness in Radish (<i>Raphanus sativus</i> L.) (ダイコンの多様化と根の肥大性に関する遺伝子座の同定の研究)	
主査	筑波大学教授	理学博士 藤村 達人
副査	筑波大学教授	農学博士 宮崎 均
副査	筑波大学教授	博士(農学) 丸山 幸夫
副査	筑波大学准教授	農学博士 大澤 良

論文の内容の要旨

ダイコンは世界的にも重要な野菜であり、また、根の形態に関して大きな多様性が存在し、各々の嗜好によって選ばれ使われている。一方で遺伝的な解析は、それが他殖性であることから進んでいなかった。本研究において、ダイコンの遺伝解析に必要なDNAマーカー(SSR, AFLP)を創出してゲノム解析や類縁解析を可能にし、世界の多様な品種を収集して類縁関係を明確にして品種の由来を推定した、そして、根の肥大に関する形質のQTL解析を行いその遺伝子座を明らかにした。

これまでもダイコンの多様性や起源についての報告があったが、その詳細は不明であった。ダイコンを古くから利用している22カ国から66の系統をランダムに選び、一方221個のAFLPマーカーを選び出し、その類縁関係を調査した。得られたマーカー情報を利用してNJ解析を行ったところ明瞭な4つのクレイドに分割できた。各々のクレイドには、各々ヨーロッパ、中近東、南アジア、東アジア由来の品種が分れてメンバーとして含まれていた。クレイドの根元にヨーロッパ品種のグループが、ついで中近東、南アジア、と続き、東アジア品種のグループが根元から最も遠かった。樹状図の形状からヨーロッパ品種群が最も栽培化された初期の品種に近く、この順序で伝播・進化したと考えられる。また平均遺伝子多様度を計算するといずれのグループも同様な値であり、伝播の過程でのボトルネック効果は大きくなかったと想像される。東アジア品種群を除くグループ内では、更に各地域由来の品種がサブグループを形成し、伝播後に落ち着いた先では、周辺地域の品種との遺伝子の交流が少なかったと思われる。一方東アジアの品種群は日本、中国、韓国由来の品種が相互にグループを形成するようなことは無く混在していた。このことは遺伝子のレベルでの頻繁な交流がこの地域で起こっていたことを示している。さらに、日本の29品種について自分で開発したSSRマーカーを利用して分類を試みたが、同一名の品種が別グループに分類されるなど明瞭な分類が出来なかった。在来種であっても日本国内の品種は中立の遺伝子のレベルでは混合されていると考えられる。

特に日本の品種内のダイコンの根の形態の多様性の程度は大きい。この多様性、即ち、太った大きな根、を作り出す機構を明らかにすることを目指して、AFLP法を利用して全ゲノムをカバーする約500個の遺伝子マーカーを選抜し、ダイコンの根形を作り出す遺伝子のQTLs解析を行った。ダイコンは他殖性の植物で

あるが人工的に自殖した系統から F2 集団 (1500 種子) を作成し、これらを圃場に撒いて栽培し成熟した個体の根形の調査および遺伝子解析を行い QTLs 解析を行った。その結果、根の肥大性を作り出す遺伝子の数は多くなく数個の主要な遺伝子の組み合わせで作られていることが明らかになった。また、一般に大根と呼ばれている部分は、胚軸および根の上部が肥大したものであるが、各々の肥大性は別々の遺伝子で支配されていることを明らかにした。

審 査 の 結 果 の 要 旨

本研究において、ダイコンの遺伝解析に必要な DNA マーカー (SSR, AFLP) を作り出しゲノム解析類縁解析を可能にし、世界の多様な品種を収集して類縁関係を明確にし品種の由来を推定し、そして、根の肥大に関する形質の QTL 解析を行いその遺伝子座を明らかにした。この研究はいわばゲノム研究を独力で推進した物といえる。その学術的内容および農業利用の面で有用性が極めて高く、審査員が一致してその価値を認めた。

よって、著者は博士 (生物資源工学) の学位を受けるに十分な資格を有するものと認める。