

氏名(本籍)	福岡修一(長崎県)
学位の種類	博士(農学)
学位記番号	博甲第2,029号
学位授与年月日	平成11年3月25日
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当
学位論文題目	栽培イネにおける生殖的隔離機構とその関連遺伝子の地理的分布の解明
主査	筑波大学教授 農学博士 生井兵治
副査	筑波大学教授 農学博士 上田堯夫
副査	筑波大学教授 農学博士 高柳謙治
副査	筑波大学教授 農学博士 臼井健二

論文の内容の要旨

本論文は、アジア地域の栽培イネにおける生殖的隔離機構のうち、2個の遺伝子座 $hwd1$ と $hwd2$ が関与して、遺伝子型が $Hwd1/hwd1$ $hwd2/hwd2$, $hwd1/hwd1$ $Hwd2/hwd2$ あるいは $hwd1/hwd1$ $hwd2/hwd2$ のときに弱勢個体となる雑種崩壊現象について、雑種崩壊遺伝子の地理的分布や種内分化の実態を明らかにすることによって、この生殖的隔離機構が種内文化に如何なる役割を担っているかを解明しようとしたものである。また、交雑育種における選抜を効率的に行うため、染色体上における雑種崩壊遺伝子の位置を明らかにし、DNAマーカーを利用した雑種崩壊遺伝子の遺伝子型推定法について検討した。さらに、栽培イネの染色体上における雑種崩壊遺伝子座近傍の遺伝的変異を調査することによって、インド型イネ品種群ならびに日本型イネ品種群という栽培イネの品種群分化における雑種崩壊遺伝子座 $hwd1$ と $hwd2$ 近傍の染色体領域の役割についても検討した。

本研究で得られた主要な成果は、以下の3点である。

1. アジア各地の栽培イネ品種における雑種崩壊遺伝子の遺伝子型決定については、在来品種239品種に対して、3種類のテスター(弱勢二重劣性ホモ系統, ササニシキおよび, Co1. No.15)検定交雑し、197品種の遺伝子型を明らかにすることができた。すなわち、 $Hwd1/Hwd1$ $Hwd2/Hwd2$, $Hwd1/Hwd1$ $hwd2/hwd2$ および $hwd1/hwd1$ $Hwd2/Hwd2$ の各遺伝子型の頻度は、それぞれ64%, 35%および1%であった。ここで、 $hwd2$ 座が優性ホモ型の品種の出現頻度は、南アジアからインドシナ半島にかけて高く、フィリピンや日本では低いという地理的変異が見られることが分かった。また、イネの多様性中心であるバングラデシュからベトナムにかけての地域では $hwd2$ 座の遺伝子型頻度に品種群間差異は認められなかったが、それ以外の地域ではインド型イネ品種には優性ホモ型が高頻度で見られ、日本型イネ品種には劣性ホモ型が高頻度で見られることが明らかとなった。
2. RFLPマーカーを用いた雑種崩壊遺伝子の連鎖解析については、雑種崩壊遺伝子 $hwd1$ は第10染色体連鎖地図末端部のRFLPマーカーR2309から0.6cMの位置にあり、また同 $hwd2$ は第7染色体連鎖地図中央部のRFLPマーカーC796B, R1382, C145, C492から0cMの位置にあることが分かった。また、連鎖解析に用いた雑種集団の弱勢個体の分けつ数は、 $hwd1$ 座、 $hwd2$ 座ともにヘテロ型個体が劣性ホモ型個体よりも多くなるという劣性遺伝子の数量効果が見られることも分かった。
3. RFLPマーカーを用いた多型解析については、アジア栽培イネ品種における第10染色体の $hwd1$ 座近傍の領域に見られる遺伝的変異は、インド型イネ・日本型イネ品種群とはまったく対応していないことから、この染色体領域は品種群分化とは無関係であることが分かった。一方、 $hwd2$ 座に座乗する第7染色体では、大半の領域の遺伝的変異がインド型イネ・日本型イネの品種群と高い対応を示しており、とくに $hwd2$ 座近傍でその傾向が強

かった。したがって、*hwd2*座近傍には品種群分化に関連する複数の遺伝子が存在している可能性が高いものと予想される。なお、*hwd2*座と密に連鎖するRFLPマーカーG338を用いることによって、88%の確立で*hwd2*座の遺伝子型を推定できた。

以上の研究結果から、*hwd1/hwd1 Hwd2/Hwd2*の遺伝子型をもつ品種が極めて少ないことが分かったので、2遺伝子座*hwd1*と*hwd2*の関与する雑種崩壊現象が人為的な品種間交雑によって発現する確立は極めて低いことが明らかとなった。*hwd2*座を含む第7染色体領域はインド型品種・日本型品種という栽培イネの品種群分化に大きく関係しており、*hwd2*座に強く連鎖したDNAマーカーが品種群分類の指標として利用できることを明らかにした。したがって、これらのことを利用して、この染色体領域に含まれる遺伝子の機能を解析すれば、栽培イネにおける品種群分化の機構の解明が期待できる。さらに、本研究によって明らかにされた*hwd2*座に連鎖したDNAマーカーを指標として、種々の生殖的隔離機構関連遺伝子の遺伝子型を推定し、近傍の農業形質遺伝子との組換え型を効率的に選抜することが可能であり、本研究の成果がイネ交雑育種の飛躍的効率化に大きく寄与するものと期待できる。

審査の結果の要旨

本論文では、栽培イネの生殖的隔離機構のうち、2個の遺伝子座*hwd1*と*hwd2*が関与して、遺伝子型が*Hwd1 / hwd1 hwd2/hwd2*, *hwd1/hwd1 Hwd2/hwd2*あるいは*hwd1/hwd1 hwd2/hwd2*のときに弱勢個体となる雑種崩壊について、雑種崩壊遺伝子の地理的分布や雑内分化の実態を明らかにして種内分化に果たす役割を解明するとともに、交雑育種における選抜を効率的に行うために染色体上における雑種崩壊遺伝子の位置を明らかにしDNAマーカーを利用した雑種崩壊遺伝子の遺伝子型推定法ならびに、栽培イネの染色体上における雑種崩壊遺伝子座近傍の遺伝的変異を調査し品種群分化における雑種崩壊遺伝子座*hwd1*と*hwd2*近傍の染色体領域の役割について検討した。本研究の結果、*hwd1/hwd1 Hwd2/Hwd2*の遺伝子型の品種が極めて少ないことから、2遺伝子座*hwd1*と*hwd2*の関与する雑種崩壊が人為的な品種間交雑で発現する確率は極めて低いことが分かった。*hwd2*座を含む第7染色体領域はインド型品種・日本型品種という栽培イネの品種群分化に大きく関係しており、*hwd2*座に強く連鎖したDNAマーカーが品種群分類の指標として利用できることを明らかにした。以上のことを利用して、この染色体領域に含まれる遺伝子の機能を解析すれば、イネにおける品種群分化の機構の解明が期待できる。さらに、*hwd2*座に連鎖したDNAマーカーを指標として種々の生殖的隔離機構関連遺伝子の遺伝子型を推定し、近傍の農業形質遺伝子との組換え型を効率的に選抜することが可能であり、本研究の成果がイネ交雑育種の飛躍的効率化に大きく寄与することが期待できる。

よって、著者は博士（農学）の学位を受けるに十分な資格を有することを認める。