

氏名(本籍)	さわむら ゆたか 澤村豊(香川県)
学位の種類	博士(農学)
学位記番号	博乙第2452号
学位授与年月日	平成21年9月30日
学位授与の要件	学位規則第4条第2項該当
審査研究科	生命環境科学研究科
学位論文題目	Pedigree Evaluations Combined with Molecular Marker Analysis in Japanese Pear (ニホンナシの分子マーカー解析による来歴の調査)
主査	筑波大学教授(連係大学院) 博士(農学) 山本俊哉
副査	筑波大学教授(連係大学院) 博士(農学) 森口卓哉
副査	筑波大学准教授(連係大学院) 理学博士 池谷祐幸
副査	筑波大学教授 農学博士 弦間洋

論文の内容の要旨

ニホンナシ (*Pyrus pyrifolia* Nakai) は、国内で年間約 30 万トン生産される最も重要な果樹の一つである。日本でのニホンナシの育種事業は 1935 年から開始され、早生の「幸水」(1959 年命名)、中生の「豊水」(1972 年命名) が育成された。現在、ニホンナシの栽培面積の割合は、「幸水」37.6%、「豊水」24.5%、「二十世紀」9.9%、「新高」8.5%となっている。国際的に競争力のあるニホンナシ生産のためには、栽培性や生産性に優れた品種を育成することが重要であり、各種 DNA マーカーの開発、有用形質に連鎖する DNA マーカーによる早期選抜が有効である。また生産性に大きく影響すると考えられる近交弱勢の程度を評価するためには、品種の正確な来歴情報が必要であるが、主要品種の「豊水」を始め、いくつかの品種でその来歴に疑問が報告されている。本研究では、自家不和合性の新規対立遺伝子の決定、SSR (simple sequence repeat) 等の DNA マーカーによる解析により「豊水」、「新高」等の主要品種の交雑親の推定と来歴情報の確認を行った。なお、SSR マーカーは 1- 数塩基の繰り返し配列を含むように設計された DNA マーカーであり、品種識別、親子鑑定、連鎖地図の作成等の各種の遺伝解析に有効な高精度な分子マーカーである。現在までに、ナシでは 100 種類以上の SSR マーカーが開発されている。

ニホンナシの主要品種の中で、自家不和合性の遺伝子型が不明であった「新興」および「新星」から、新規自家不和合性対立遺伝子の配列を単離・同定した。得られた塩基配列は、S-RNase 活性に必須の構造を有していること、および「新星」と 282-12 との F₁ 集団での分離を確認し、自家不和合性座の対立遺伝子 S9 と命名した。この S9 遺伝子を簡易に検出可能な DNA マーカーを開発したことにより、ニホンナシ主要 10 品種のうち、「新高」の自家不和合性の遺伝子型が S3S9 であること、「新興」が S4S9、「南水」が S4S9、「愛宕」が S2S9 であることを明らかにした。

これまでに、ニホンナシ育種の際の交雑親として多用されてきたが、来歴(両親の組み合わせ)が不明であった「豊水」について、自家不和合性の遺伝子型、SSR マーカーおよび形態形質の特徴から、親品種の同定を試みた。「豊水」は、1954 年に、リー 14 と「八雲」の交雑によって育成とされていたが、自家不和合

性型や果肉色の矛盾から、両親不詳とされていた。1954年前後（1953 - 1955年）に交雑された84組合せについて、果皮色の調査、自家不和合性遺伝子型および61種類のSSRマーカーによる解析の結果、「幸水」×イ-33が両親であることがわかった。

さらに交雑育種による育成が報告されているニホンナシ47品種、枝変わり由来と報告される6品種、自然交雑と報告される2品種について、自家不和合性型および18種のSSRマーカーにより来歴を調査した。その結果、交雑由来の47品種のうち、37品種では報告されている両親で矛盾しないことが確認され、10品種では親の矛盾が明らかとなった。また、枝変わり由来のうち2品種は、枝変わりではなく交雑品種であった。特に、前述の「豊水」を含めてニホンナシ主要10品種のうち4品種、「豊水」、「新高」（本研究で明らかになった両親組み合わせは「長十郎」と「天の川」）、「新興」（「二十世紀」と「天の川」）、「愛宕」（「長十郎」と「天の川」）の来歴が明らかとなった。ニホンナシ主要品種の来歴を明らかにしたことにより、育成品種に関して正確な近交係数の算出が可能となった。特に果樹研究所育成の「筑水」、「秋麗」の近交係数はそれぞれ0.188、0.281であり、近親交配が進んでいることが明らかとなった。

今後本研究の成果を、有用形質のDNAマーカー選抜に応用し、結実安定性や病虫害抵抗性品種の育成に活かす必要がある。果樹類では、長い幼若期間のためにDNAマーカー選抜は特に有益であると考えられる。本研究により、近年のニホンナシ育成品種では、過度な近親交雑が見られることがわかった。果樹の近親交雑は近交弱勢を引き起こし、生産性に関わる樹勢に影響することが報告されている。また交雑で育成されたニホンナシ品種が在来品種と比べて生産性が劣ることが知られている。正確な来歴情報により、主要品種の「新高」や「愛宕」が「長十郎」の後代であり、「長十郎」も優良な育種母本となる可能性が示されたことから、近親交雑を避け生産性を高める新しい育種プログラムに繋がると期待される。

審 査 の 結 果 の 要 旨

本論文は、ニホンナシにおける分子マーカーの開発とマーカー解析による来歴の評価に関するもので、1) ニホンナシの新規自家不和合性遺伝子S9を単離・同定したこと、2) 来歴が不明であった「豊水」について分子マーカーおよび形態形質の特徴から、「幸水」×イ-33が両親であることを明らかにしたこと、3) ニホンナシ主要10品種のうち4品種、「豊水」、「新高」、「新興」、「愛宕」の来歴を明らかにしたことであり、いずれも初めての成果・知見である。特筆すべきは、これまで困難であった品種の来歴の確認および本当の両親の同定を、自家不和合性遺伝子マーカーやSSRマーカーなどの分子マーカーを駆使して行ったことである。これらは、園芸学、育種学、遺伝学、分子生物学、植物生理学を効果的に融合した学際的成果である。本研究の成果は、ニホンナシなどの果樹類において、画期的新品種の育成のための極めて有効な基盤的手法を提案したという意味でも高く評価できる。

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ものと認める。