

氏名(本籍)	こ ばやし あさ こ (福井県)		
学位の種類	博 士 (農 学)		
学位記番号	博 乙 第 2465 号		
学位授与年月日	平成 21 年 11 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	DNA マーカーを用いた水稻の食味と高温登熟耐性に関する遺伝育種学的研究		
主 査	筑波大学教授	農学博士	奥 野 員 敏
副 査	筑波大学准教授	農学博士	大 澤 良
副 査	筑波大学教授	博士(農学)	丸 山 幸 夫
副 査	筑波大学教授(連携大学院)	農学博士	矢 野 昌 裕
副 査	筑波大学教授(連係大学院)	農学博之	乙 部 千雅子

論 文 の 内 容 の 要 旨

コシヒカリは 1956 年に福井県農業試験場が育成した水稻品種であり、2008 年には全国の水田作付面積の約 37%、約 63 万 ha で作付けされた。コシヒカリの良食味性は広く日本の市場に受け入れられている一方、コシヒカリは稈が長く倒伏しやすいことやいもち病に弱いという好ましくない農業形質も持っている。また、近年、登熟期間の高温による玄米外観品質の劣化が全国的に問題となっている。その中でも特に背白米および基白米の発生は、登熟期間の高温によって発生が助長されること、品種間差が明確でコシヒカリの高温登熟耐性は“中”から“やや弱”であることが明らかとなってきた。福井県農業試験場が育成したハナエチゼンは高温登熟耐性の高い早生品種である。そこで、コシヒカリの良食味性とハナエチゼンの高温登熟耐性とを兼ね備えた品種をめざした育種が始まった。しかし、良食味性と高温登熟耐性との両立には大きな困難が伴った。その理由として、どちらの形質も多量の試料が得られる後期世代からしか選抜が行えないことや、環境条件によって影響を受けやすい量的形質であることが挙げられる。これらの問題を解決するためには、食味および高温登熟耐性に関する遺伝学的知見を得て、DNA マーカーを用いた間接選抜 (Marker-assisted selection) による効率的な育種技術を開発することが重要な育種課題である。本研究は、食味および高温登熟耐性に関する DNA マーカー選抜技術の開発を目的に、コシヒカリの良食味性およびハナエチゼンの高温登熟耐性に関する遺伝解析を行ったものである。

1. 食味に関する量的形質遺伝子座 (QTL) の検出

コシヒカリとアキヒカリの交雑 F_1 の葍培養に由来する半数体倍加系統群を用いて、食味に関する QTL の検出を試みた。その結果、第 2 および第 6 染色体にコシヒカリの対立遺伝子が官能試験における炊飯米の粘りを増加させる QTL を検出した。また、第 2 染色体にはコシヒカリの対立遺伝子が白米のアミロース含有率を低下させる QTL を検出し、粘りに関する QTL との関連が示唆された。以上の結果から、コシヒカリの良食味性には、第 2 染色体に検出したこれらの QTL が大きく影響していると推察された。

2. 炊飯米の粘りとアミロース含有率に関する QTL の検証

第2染色体に検出した粘りおよびアミロース含有率に関する QTL について、アキヒカリの遺伝的背景に第2染色体の QTL 領域をコシヒカリから導入して6系統の NIL を養成し、QTL の作用力を検証した。NIL の食味関連形質の評価結果から、導入されたコシヒカリ断片がアミロース含有率を有意に低下させ、官能試験における炊飯米の粘りを有意に増加させることが明らかとなった。導入された断片長を比較した結果、候補ゲノム領域が第2染色体の2つの小断片 (515kbp および 773kbp) のどちらか一方あるいは両方にあることを明らかにした。

3. 組換え自殖固定系統群 (RIL) を用いた食味に関する QTL の検出

異なる材料を用いて QTL 解析を行い、未検出の食味に関する QTL を探索した。晩生の「さきひかり」と日本晴の交雑に由来する RIL を3年間栽培し、官能試験による炊飯米の粘り、白米のアミロース含有率およびデンプンの糊化特性に関する QTL 解析を行った。QTL 解析の結果、粘りに関する6つの QTL を第1, 3 (2カ所)、6, 7 および 8 染色体に検出した。その中で、第3染色体短腕上の qST3-1 は、3年間で共通して検出され、粘りに関する遺伝子を含む有望な領域であると考えられた。アミロース含有率に関する2つの QTL を第1 および 2 染色体に、糊化特性に関する19の QTL を第1, 3, 4, 6, 7, 8, 10 および 12 染色体に検出した。qST3-1 の近傍には糊化特性に関する QTL が検出されるとともに、RIL の粘りと糊化特性には有意な相関関係がみられた。

4. 高温登熟耐性に関する QTL の検出

高温登熟耐性が高いハナエチゼンと高温登熟耐性が低い「新潟早生」の交雑後代である F₂ および F₃ 集団を用いて QTL 解析を行った。その結果、背白米発生率に関する QTL を第3, 4 および 6 染色体に検出し、基白米発生率に関する QTL を第6染色体に検出した。また、温室栽培による登熟期間の高温処理では背基白米発生率に関する QTL が第6染色体に検出された。第6染色体に検出された背白および基白米に関する QTL は、複数世代で検出されたこと、高い LOD 値が得られたことから、高温登熟耐性に対して非常に大きな作用力を持つと考えられた。

以上のことから、本研究により、食味および高温登熟耐性に関与する QTL の数や染色体上の座乗位置、それらの形質変動への寄与率など、MAS 技術の確立へ向けて重要で不可欠な遺伝育種学的知見が得られた。

審 査 の 結 果 の 要 旨

本研究では、我が国の水稻育種において最重要課題である食味と高温登熟耐性に関する DNA マーカー選抜育種技術の開発をめざし、食味と高温登熟耐性の量的形質遺伝子座 (QTL) 解析を行った。その結果、それぞれの形質について複数の QTL を検出し、また準同質遺伝子系統などの後代系統を用いた解析から、コシヒカリ由来の食味 (炊飯米の粘り) とハナエチゼン由来の高温登熟耐性に関与する QTL がゲノム上に確実に存在することを検証した。QTL 解析により得られた遺伝学的基礎を活用して、水稻の食味と高温登熟耐性を兼ね備えた新品種育成の可能性について論議した。本研究では、育種の重要課題でありながら、遺伝解析が最も難しい部類の形質である食味と高温登熟耐性について、イネゲノム情報とゲノムツールを利用して遺伝解析を進め、今後の水稻育種の効率化に大きく貢献する優れた成果が得られている。

よって、本学位論文の著者は博士 (農学) の学位を受けるに十分な資格を有する者と認める。