

氏名 (本籍)	谷口 郁也	(愛知県)
学位の種類	博 士 (農学)	
学位記番号	博 甲 第 7167 号	
学位授与年月日	平成 26 年 11 月 30 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	Development of Genomic Resources and Core Collections of Germplasm for Tea Breeding (チャ育種のためのゲノムリソースと遺伝資源コアコレクションの整備)	
主査	筑波大学准教授 (連係大学院)	博士 (農学) 田中 淳一
副査	筑波大学教授 (連係大学院)	博士 (農学) 高橋 良二
副査	筑波大学教授 (連係大学院)	農学博士 乙部 千雅子
副査	筑波大学教授	農学博士 大澤 良

論 文 の 要 旨

作物の育種を進める上で、多数の有用遺伝子を効率よく集積していくことが重要である。しかし、我が国のチャ育種では、木本性であるが故の 1 世代に要する期間の長さなどの制約もあり、そのような視点に立った取組みは、ごく限定的であった。これまでに利用されてきた母本も少数の優良品種に偏っており、育種集団の遺伝的多様性も小さく、集積されてきた有用遺伝子も少ない。また、木本作物で形質評価を行うまでに時間がかかることに加え、個体あたりの専有面積も大きく、一般に大規模なほ場面積が必要であることから、効率よく選抜を行うのは容易ではない。このように茶は、歴史も古く世界中で飲まれている飲料であるが、主要作物と比較すると育種が十分進んでいるとは言えない現状にある。

有用遺伝子を確実にかつ効率よく捕捉し、集積するためには、DNA マーカー選抜技術が有効である。選抜マーカーの開発には、多数の DNA マーカーと連鎖地図情報といったゲノム情報を整備しておくことが必要である。また、有用遺伝子をもつ育種素材を遺伝資源の中から効率よく見つけ出すには、少数で全体の多様性をカバーするセットであるコアコレクションが強力なツールとなる。

チャは、様々な品種で共通して利用できる DNA マーカーの数が少なく、また標準となる連鎖地図もなかった。そこで、本研究では、有用遺伝子の効率的な検出と選抜、および遺伝資源の多様性解析のためのゲノムリソースとして、①単純反復配列 (SSR) マーカーの大量開発を行い、これらを基に②チャの標準連鎖地図を作成した。さらに、開発した SSR マーカーを用いて、③世界最大規模のチャ遺伝資源コレクションである野菜茶業研究所のチャ遺伝資源について多様性解析を行い、コアコレクションを選定した。

- ① チャの 7 種類の器官から cDNA ライブラリーを作製して、塩基配列の解読を行い、Expressed Sequence Tags (EST) 解析を行った。この EST 配列の中から、SSR を含むものを選抜し、DNA マーカー化した。また、SSR 濃縮ゲノミックライブラリーを作製して、各クローンの塩基配列を解読した。これについても SSR が含む配列を用いて DNA マーカ

一化した。開発した SSR マーカーは、チャ 16 品種・系統で多型が得られることを確認した。さらに EST 由来の SSR マーカーについては、近縁種 14 種についても利用可能で多型が得られることを明らかにした。これらは、遺伝解析、多様性解析に十分利用可能であり、チャの SSR マーカーのリソースを大幅に増加させることができた。

- ② 開発した SSR と既存の DNA マーカーを利用して、緑茶品種「さやまかおり」と中国導入遺伝資源「金 Ck17」の正逆交雑集団を用いてチャの標準連鎖地図を作成した。この地図は、両親それぞれの地図、および両者に共通した共優性マーカーで構成されたコアマップからなり、連鎖群はチャの基本染色体数 15 に収束した。コアマップには、汎用性の高い SSR マーカーが 276 個座乗しており、チャの遺伝解析、多様性解析を行う上で極めて強力な情報基盤を構築できたと言える。
- ③ 野菜茶業研究所で保存するチャ遺伝資源約 7800 系統の中から来歴情報に基づいて 788 系統をピックアップし、SSR マーカー 23 座について遺伝子型を決定した。そのデータを用いて、集団構造解析、多様性解析を行ったところ、国内系統、海外の中国変種、海外のアッサム変種で集団構造がみられることを明らかにするとともに、各国の材料の多様性の違いも明らかになった。さらに SSR マーカーの遺伝子型データを用いて、コアコレクションを選定し、一番茶新芽の化学成分と花器形態によって表現型についても多様性をカバーすることを確認した。

本研究で得られた知見は、チャの遺伝資源から有用遺伝子を持つ育種素材を効率的に見出すとともに、育種集団の遺伝的多様性を拡大し、有用遺伝子の効率的な検出と選抜が可能となることで、チャ育種においても、多数の有用遺伝子を効率よく集積していく近代的な育種の実現に大きく貢献することが期待できる。

審 査 の 要 旨

チャは木本生、自家不和合性など育種的制約が多く、育種の近代化への取組みが不十分であった中、著者は本研究において、多数の SSR マーカーを開発するとともに、開発したマーカーを利用して世界に先駆けて高密度で高い汎用性を持つ標準連鎖地図を作成することで、チャの遺伝学の基盤を構築した。さらに開発した SSR マーカーを用いてチャの遺伝資源の多様性を解析し、多数の遺伝資源から有用形質を有する材料を効率よく検出するためのコアコレクションを選定した。これらによって、遺伝資源から効率よく有用遺伝子を抽出し、それらを効率よく集積することが可能になった。これらはチャのみならず他の木本性作物育種を効率化するための汎用的手法を提案したという意味でも高く評価できる。

平成 26 年 9 月 22 日、学位論文審査委員会において、審査委員全員出席のもとに論文の審査及び最終試験を行い、本論文について著者に説明を求め、関連事項について質疑応答を行った。その結果、審査委員全員によって合格と判定された。

よって、著者は博士（農学）の学位を受けるのに十分な資格を有するものとして認める。