

学位論文審査結果の要旨	
学位申請者 氏名	豊元 大希
審査委員	主査 鹿児島 大学 教授 一谷 勝之
	副査 鹿児島 大学 准教授 清水 圭一
	副査 佐賀 大学 准教授 藤田 大輔
	副査 琉球 大学 教授 福田 善通
	副査 鹿児島 大学 教授 田浦 悟
審査協力者	
題目	Genetic analysis of segregation distortion caused by abortion during seed development in the interspecific crosses among AA genome <i>Oryza</i> species (AAゲノム <i>Oryza</i> 種間交雑で見出された種子発育不全がもたらす分離歪み現象の遺伝解析)
<p>イネ (<i>Oryza sativa</i>) と同じ AA ゲノムを持つ近縁野生種は一次遺伝子プールを構成する。その中で <i>Oryza meridionalis</i> の育種利用のための基礎情報を確保することを目的として <i>O. meridionalis</i> 系統 W1297 および Jpn2 を 1 回親、栽培イネ品種 台中 65 号 (T65) を反復親とした連続戻し交雑によって <i>O. meridionalis</i> 系統の染色体断片を導入した染色体断片置換系統を作成し、形質評価と遺伝子分析に使用した。</p> <p>W1297 および Jpn2 の晩生遺伝子の連鎖分析を行ったところ、第 6 染色体の出穂期遺伝子 <i>HDI</i> が晩生の原因と考えられたが、<i>O. meridionalis</i> のホモ接合体が出現しなかったことにより <i>HDI</i> 座周辺の DNA マーカーの分離が 1 遺伝子分離の期待比 1:2:1 から大きく歪んだ。また、ヘテロ接合体の種子稔性は T65 ホモ接合体よりも低かった。その後、W1297 を 1 回親とする材料に絞って研究を進め、分離歪みの原因は、<i>O. meridionalis</i> が致死劣性(潜性)遺伝子をもち、それが <i>HDI</i> 遺伝子座近傍に座乗していること、ヘテロ接合体では自殖後代で <i>O. meridionalis</i> ホモ接合体型が受精後の種子発育段階で致死になるため種子稔性が下がることを明らかにし、この遺伝子を <i>SEED DEVELOPMENT 1</i></p>	

(遺伝子記号: *SDV1*) と命名した。 *O. sativa* は機能的優性(顕性)対立遺伝子 *Sdv1-s* (*s* は *sativa* の意)をもち、 *O. meridionalis* は致死劣性対立遺伝子 *sdv1-m* (*m* は *meridionalis* の意)をもつ。しかし、 *sdv1-m* 対立遺伝子を持つ *O. meridionalis* は自殖可能である。そこで *O. meridionalis* と他の AA ゲノム *Oryza* 種との分岐の前に *SDV1* 遺伝子が重複した可能性があり、 *O. meridionalis* は *SDV1* 遺伝子の機能を失い、別の遺伝子座に機能を維持しているのではないかと推定した。

次に *SDV1* の高密度連鎖解析を行い、候補座乗領域を 333kb に絞り込んだ。 *SDV1* 遺伝子座周辺のハプロタイプ解析から、供試したすべての *O. meridionalis* 系統が DNA 多型を共有していることが示され、 *SDV1* 遺伝子座に *sdv1-m* をもつことが示唆された。

*sdv1-m* をホモ接合でもち、種子稔性の分離が観察される実験材料を T65 と W1297 の交雑後代から育成し、分析したところ、種子稔性を支配する遺伝子は第 4 染色体に座乗すること、遺伝子分離の歪みを生じ、密接に連鎖する DNA マーカーの W1297 ホモ接合:ヘテロ接合:T65 ホモ接合の分離比は 1:2:0 になること、ヘテロ接合型の種子稔性は W1297 ホモ接合型よりも低いことを明らかにした。推定した遺伝子の存在が第 4 染色体に座乗することが明らかになり、これを *SEED DEVELOPMENT 2* (遺伝子記号: *SDV2*) と命名した。

第 6 染色体の *SDV1* 遺伝子の候補座乗領域には *O. sativa* で 30 の遺伝子が存在すると予測された。これらのうち 5 つは、第 4 染色体の *SDV2* 遺伝子の座乗領域に類似した DNA 配列を持つこと、 *O. meridionalis* は第 6 染色体にこれらの遺伝子をもたず、第 4 染色体にのみ持つことが明らかになった。全ての AA ゲノム *Oryza* 種のこれら 5 遺伝子の座乗染色体を調査したところ、 *O. rufipogon* および *O. nivara* は *O. sativa* と同様に第 4、第 6 染色体にこれら 5 遺伝子が保存されていること、 *O. glaberrima*、 *O. barthii*、 *O. glumaepatula* は *O. meridionalis* と同様に第 4 染色体のみにこれらの遺伝子をもつこと、 *O. longistaminata* では第 11 染色体のみにもつことが明らかになった。以上の結果は、これらの 5 遺伝子が *SDV1* の候補遺伝子であることを示すとともに T65 と W1297 に見られた分離歪みおよび種子発育不全は、この交配組合せのみに見られる特殊な現象ではなく、AA ゲノム *Oryza* 種の進化を反映した現象であることを示している。

AA ゲノム *Oryza* 種の系統分化の理解、 *O. sativa* に他の AA ゲノム *Oryza* 種の有用遺伝子を導入する品種改良に本知見は有用である。それゆえ、審査員一同は、本論文を博士(農学)の学位論文として十分な成果を有するものと判断した。