

学位論文審査結果の要旨	
学位申請者 氏名	Gaihre Yuba Raj
審査委員	主査 佐賀大学 教授 鄭 紹輝
	副査 佐賀大学 教授 穴井 豊昭
	副査 琉球大学 教授 川満 芳信
	副査 鹿児島大学 教授 坂上 潤一
	副査 佐賀大学 教授 鈴木 章弘
審査協力者	印
題目	Study on sheath blight resistance and yielding capacity by phenotype and QTL analysis in rice line 32R (イネ系統32Rにおける表現型とQTL解析による紋枯病抵抗性と多収性改善に関する研究)
<p>イネの重要な病害の一つである紋枯病は、<i>Rhizoctonia solani</i> Kuhnによって引き起こされ、その抵抗性は主導遺伝子によるものではなく、ポリジーン由来と考えられている。また、本病害の罹病地域は地球温暖化に伴い拡大し、温帯域稻作の大きな課題となりつつある。本研究では、紋枯病抵抗性系統である32R系統の多収性について検討を加え、32R育成系統間の遺伝的類似性を明らかにしながら抵抗性に関するQTLを同定し、多収性の紋枯病抵抗性ジャボニカ品種育成の可能性を検討したものである。</p> <p>本研究では、まず、収量性の劣る32Rを日本晴と交配したF1集団は、12.5t/haと高い収量を示し、その要因は、稈長、穂長、分げつ数、分げつ角度、葉中ルビスコ含量、非構造炭水化物、乾物蓄積、葉面積および穂あたりの子実数等の改善によることを明らかにしている。特に、F1集団の収量に対し穂あたりの子実数との相関係数が0.83と高く、シンク能の改善が重要な要因となっていることを明らかにしている。</p>	

次に、有意な紋枯病抵抗性を示す 32R 系統と育成親との遺伝的類似性について検討し、交配親であるインディカ系統 Tetep との類似性が 45% と高く、感受性系統 29S では交配親の日本晴との類似性が 90% と著しく高く、32R 系統の遺伝質の約半分が Tetep 由来であることを明らかにしている。

さらに、単純反復配列 (SSR) マーカーを用いた紋枯病抵抗性の量的形質遺伝子座 (QTL) 解析を日本晴 (イネ紋枯病感受性) と 32R の交配由来 F2 集団において実施し、紋枯病抵抗性に関与する 7 つの QTL (*QShB1*, *QShB3*, *QShB4*, *QShB5*, *QShB7*, *QShB8*, *QShB9*) を、染色体 1, 3, 4, 5, 7, 8 および 9 上に同定し、それらの抵抗性対立遺伝子が抵抗性親 32R に由来するものであることを明らかにしている。同時に、草丈と出葉角度に関与する QTL も同定され、これらの QTL は、紋枯病抵抗性改善に有効な草型の改良に活用できることについても明らかにしている。また、紋枯病抵抗性と稈長との間に有意な負の相関が認められ、長稈性が紋枯病と収量改善に有利に働くことも明らかになった。特に、*QShB1*, *QShB7* および *QShB9* は、マーカー利用選抜法 (MAS) を活用した紋枯病抵抗性イネ品種育成に有効な QTL となることも明らかにしている。

以上のように、本研究は、紋枯病抵抗性に関する QTL を有し、日本晴との交雑により多収性の実現を可能にするイネ系統 32R は、今後地球温暖化に伴い紋枯病の拡大が懸念される温帯域における紋枯病抵抗性と多収を実現する有望なドナーとなり得ることを明らかにしている。以上のことから、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価値を有するものと判断した。