

主論文の要旨

Genetic analysis of the traits related to translocation and biomass production in rice

論文題目 (イネにおける転流およびバイオマス生産に関する形質の遺伝解析)

氏名 Phung Danh Huan

論文内容の要旨

イネ科作物では、出穂後の光合成産物の茎葉部から穂への転流と、その基盤となるバイオマス (biomass、BM) 生産が収量に大きな影響を与える。収穫部位には、出穂前に茎葉部に蓄積された光合成産物と出穂後の光合成産物が転流される。一般的に、インディカ品種は出穂前に蓄積された光合成産物の量に依存する割合がジャポニカ品種よりも大きい。過去の研究においては、茎葉部における光合成産物の蓄積の指標として非構造的炭水化物 (non-structural carbon、NSC) の濃度または総量が用いられてきた。しかしながら、出穂期の NSC 濃度は必ずしも実際に出穂後に穂に転流される茎葉部のバイオマス (shoot weight transfer ratio、SWTR) の割合とは一致しない。本研究では、SWTR を出穂直後から収穫期までに減少する茎葉部重量の割合として定義し、NSC 濃度と合わせて遺伝解析を行った。また、高い収量を得るためには十分な BM が必要である。そこで、NSC、SWTR および BM に関連する形質の遺伝解析を行い、イネの収量向上のために必要な因子に関して考察を行った。

まず、2 品種のイネを用い、SWTR、NSC、BM、収量等の形質の比較を行った。材料には、ジャポニカ品種 'T65' とインディカ (*aus*) 品種である 'DV85' を用いた。出穂後 5 日 (5 days after heading、5 DAH) から 5 日ごとに植物体のサンプリングを行い、穂重 (panicle weight、PW)、茎葉重 (shoot weight、SW) および NSC 濃度を調査した。その結果、2016 年の標準肥料区において、両系統間で大きな差が認められた。DV85 は T65 と比較して出穂期において茎葉重が大きく、NSC 濃度が高く、出穂後にその量は速やかに減少し、穂重はより速く増加した。低肥料区では、両系統の差は顕著ではなかった。

2016 年の標準肥料区において両親の差が最も顕著であったため、同条件で栽培した 92 系統からなる RILs の形質調査を行った。サンプリングは 5、20、35 DAH に行った。RILs における形質間相関を解析した結果、出穂後 35 日 (35 DAH) の穂重 (PW35)

を収量として代用した場合、PW35 と 5 DAH におけるバイオマス (BM5、以下同様)、BM20、BM35 に正の相関が見られた。また、5 DAH から 35 DAH にかけてのバイオマスの増加量 (BM35-5) および BM35-20 も PW35 と正の相関を示し、登熟期のバイオマス生産が収量に正の影響を与えることが示された。NSC においては、NSC の減少量 (NSC35-5、NSC35-20) が収量 (PW35) と正の相関を示し、より多くの NSC を転流できれば収量を改善できることが示された。SWTR は転流による茎葉重の減少割合として定義し、例えば 5 DAH から 35 DAH にかけての減少割合を $(SWTR5-35) = (SW5-SW35) / SW5$ として求めた。SWTR35-5 は BM35-5、BM35-30 および BM20-5 と負の相関を示し、出穂後の転流と新規バイオマス生産は拮抗する関係にあると考えられた。また、多くの形質は出穂期と相関があった。

次に、RILs の遺伝子型を次世代 DNA シーケンサーにより決定し、量的形質遺伝子座 (quantitative trait loci, QTL) 解析を行った。収量に関する有意な QTL は検出されなかった。出穂期に関与する QTL が染色体 5 と 10 に検出され、その他の多くの形質も影響を受けた。染色体 5 の出穂期 QTL と同じ位置に BM5 に関与する QTL ($qBM5$) が検出され、新規の QTL であると考えられた。茎葉重の減少に関与する SWTR20-35 および SWTR5-35 では染色体 11 に新規 QTL ($qSWTR11$) が検出された。この QTL は出穂後の BM 生産 (BM35-5) の QTL とも一致しており、登熟期間中の光合成能の維持と転流のバランスを制御する因子であると考えられた。染色体 1 には出穂直後の NSC (NSC5) を制御する新規 QTL ($qNSC1$) が検出され、収穫指数の QTL と一致した。出穂期の NSC 量が高い場合は収量も高くなることが報告されており、この QTL は有用である。また、NSC の経時変化に関しては、染色体 2 に NSC5-35 に関与する QTL ($qNSC2$) を検出した。

$qBM5$ および $qSWTR11$ に関して、より均一な遺伝的背景を持つ材料による解析を進めた。 $qSWTR11$ に関しては、T65 と DV85 に由来する材料の代わりに、T65 と DV85 と近縁の *aus* 品種である 'Shoni' または 'Kalo Dhan' の交雑に由来し、単粒系統法により得た F₅、F₆ および F₇ 世代を利用した。この材料は residual heterozygous line (RHL) と呼ばれ、F₅ においてほとんどの染色体領域が両親いずれかのホモに固定し、ターゲットである $qSWTR11$ 領域がヘテロとなっているような遺伝解析材料を指す。F₅ 世代に由来する F₆ および F₇ において自殖と選抜を行い、 $qSWTR11$ の遺伝子型が異なる複数の姉妹固定系統を得て形質の比較を行った。その結果、Kalo Dhan 由来の材料では QTL 解析を支持する結果が得られなかったが、これは用いた F₅ において多くの領域がヘテロで残存していたためであると考えられた。一方、Shoni 由来の材料では、F₇ 系統群において、 $qSWTR11$ の Shoni アレルをもつ系統が T65 アレルの系統よりも大きな SWTR を示し、QTL 解析の結果を支持し、 $qSWTR11$ をメンデル因子として認識できることが明らかとなった。 $qBM5$ に関しては、Shoni 由来の RHL および T65 を背景とし、DV85 由来のイントログレッションをもつ染色体部分置換系統に由来する遺伝的背景が均一な分離集団により、*aus* アレルがバイオマスを増加させる $qBM5$ の効果を確認した。

以上のように、収量と相関をもつ NSC、SWTR および BM が別々の QTL ($qNSC1$ 、 $qNSC2$ 、 $qSWTR11$ 、 $qBM5$) で制御されていたことから、これらを環境にあった形で最適に組み合わせることができれば、収量増加に貢献できることが明らかとなった。一方で、本研究で見出された QTL が収量増加に真に有用かどうかを判断するためにはさらなる解析が必要である。たとえば、速い転流は茎部の老化による倒伏の原因となる、出穂期の NSC 蓄積は悪環境下では収量安定に有用である、等が想定され、地域により環境・栽培要因を考慮し、最適な遺伝子型を利用すべきである。QTL の精密な解析には、安定した環境・解析の反復が必要であるが、本研究で育成した RHL は QTL のキャラクタライゼーションやマッピングによる遺伝子クローニングに有用である。