論 文 審 査 の 結 果 の 要 旨 お よ び 担 当 者

報告番号	※　　第　　号

氏　　名　Phung Danh Huan

論　文　題　目

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

（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）

論 文 審 査 担 当 者

主査　名古屋大学准教授　土井　一行

委員　名古屋大学教授　芦苅　基行

委員　名古屋大学教授　犬飼　義明

委員　名古屋大学准教授　槇原　大悟

委員　名古屋大学助教　西内　俊策

委員　名古屋大学助教　杉浦　大輔

別紙１－２

論 文 審 査 の 結 果 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性炭水化物（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。また、高い収量を得るためには十分なBMが必要である。本論文では、SWTR、NSCおよびBMを中心とした遺伝解析を行い、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ものである。

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。収穫期の穂重（PW35）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 F_5、F_6 および F_7 世代を利用した。この材料は residual heterozygous line と呼ばれ、F_5 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。Shoni 由来の材料では、F_7 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、本論文は、収量と相関をもつ NSC、SWTR および BM が別々の QTL（*qNSC1*、*qNSC2*、*qSWTR11*、*qBM5*）で制御されており、それぞれ個別に収量増加に貢献できることを明らかにした。また、これらの QTL は環境と相互作用するため、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と提案した。さらに、本研究で作出した植物材料は 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。

本研究で扱った形質はイネの出穂期に影響を受けるため、遺伝解析が困難であるとされていたが、シンプルながら非常に手間のかかる手法により解析を可能にし、新規 QTL を見出した本博士論文は、Breeding Science 誌の編集委員にも新規性・独自性で高く評価されており、イネの登熟およびバイオマス生産に関する研究に大きく貢献するものであると学位審査委員会により判断された。