

氏名	堀 清 純
授与した学位	博 士
専攻分野の名称	農 学
学位授与番号	博甲第2733号
学位授与の日付	平成16年 3月25日
学位授与の要件	自然科学研究科資源管理科学専攻 (学位規則第4条第1項該当)
学位論文の題目	Genetic analysis of quantitative traits using high-density linkage map in barley (オオムギにおける高密度連鎖地図を用いた量的形質の遺伝解析)
論文審査委員	教授 武田 和義 教授 村田 稔 教授 佐藤 和広

学 位 論 文 内 容 の 要 旨

量的形質には、収量や病害抵抗性などの農業的に重要な形質が多く含まれているため、様々な作物で量的形質遺伝子座 (quantitative trait loci; QTLs) の解析が行われている。連鎖地図の構築は、量的形質の連鎖解析を行なう上で重要である。本研究では、オオムギの組換え自殖 (RI) 集団を用いて、1,172座位からなる全長1,595.7cMの高密度連鎖地図を短期間 (6ヶ月) で構築した。マーカー密度の異なる連鎖地図を再構築し、QTLの検出効率を比較したところ、マーカー密度の高い連鎖地図を用いたQTL解析では、より多くのQTLを検出することができ、よりQTLと密接に連鎖したマーカーを得ることができた。

2つのRI集団で連鎖地図を構築し、赤かび病抵抗性のQTLの比較解析を行なった。その結果、2H染色体に2つ、5H染色体に1つの合計3つのQTLを検出した。また、条性或閉花性が抵抗性に影響を与えていることを明らかにした。2H染色体の1つのQTLは両RI集団で共通に検出され、赤かび病に高度の抵抗性を示す2つの品種が共通のQTLを所持していることが明らかになった。

近縁野生種は栽培化によって失われた有用遺伝子を多く所持していると考えられる。そこで、栽培種と野生種の交配から育成した倍加半数体集団と戻し交雑集団において、9つの量的形質についてQTL解析を行なった。解析の結果、野生種由来の遺伝子を効率的に検出できた。世代の異なる2つの集団の解析結果を比較することにより、QTLの座乗位置を再確認すると同時に、各遺伝子座の遺伝効果をさらに正確に推定することができた。

本研究で用いた量的形質遺伝子座 (QTL) の解析手法やQTL近傍に見出された分子マーカーは、オオムギだけでなく他の作物における量的形質の遺伝解析や抵抗性品種の選抜育成に応用可能である。

論文審査結果の要旨

本論文はオオムギの量的形質の効率的な育種のために高密度連鎖地図を用いた量的形質遺伝子座 (QTL) 解析を行ったものである。供試材料は特性の大きく異なる栽培オオムギ同志の交雑後代から育成した組換え自殖系統 (RI) およびビールオオムギと野生オオムギの交雑後代から育成した倍加半数体系統 (DH) である。

最初にロシア6とHES4のRI95系統を用いて1,172座からなる全長1,595.7 cMの連鎖地図を構築した。これは現在世界のオオムギで最も高密度の連鎖地図である。

次いでこの連鎖地図を用いてオオムギの最重要病害である赤かび病抵抗性のQTL解析を行い、2H染色体上に2個、5H染色体上に1個の抵抗性に関与する遺伝子座を見出した。更にこの結果の普遍性を調べるためにハルビン二条とトルコ6の交雑後代から育成した94系統のRIを用いて同様にQTL解析を行ったところ、2H染色体上にロシア6×HES4の組合せと同座の抵抗性遺伝子座を見出した。これらはオオムギのみならずムギ類全体の赤かび病抵抗性育種にとって貴重な情報である。

最後にビール大麦はるな二条と野生オオムギの交雑後代から育成したDH系統群と、はるな二条を戻交雑したBC (戻交雑) 系統群を用いてQTL解析を行い、野生種由来の有用遺伝子をオオムギの育種に利用できる可能性を検討した。戻交雑によって導入された個々の染色体断片に座乗したQTLはDHにおけると同様に機能しているケースが多く、近縁野生種は栽培種の品種改良に有効な遺伝資源であることが実証された。このように本論文は博士 (農学) の学位にふさわしいと判断される。