



## Development of sorghum (*sorghum bicolor* (L.) moench) core collection and its application to association mapping of quantitative traits

著者	Shehzad Tariq
内容記述	Thesis (Ph. D. in Agricultural Science)--University of Tsukuba, (A), no. 5160, 2009.6.30 Includes bibliographical references (leaves 113-136)
発行年	2009
URL	<a href="http://hdl.handle.net/2241/106196">http://hdl.handle.net/2241/106196</a>

氏名(本籍)	タリク シェザド (パキスタン)		
学位の種類	博士(農学)		
学位記番号	博甲第5160号		
学位授与年月日	平成21年6月30日		
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当		
審査研究科	生命環境科学研究科		
学位論文題目	<b>Development of Sorghum (<i>Sorghum bicolor</i> (L.) Moench) Core Collection and Its Application to Association Mapping of Quantitative Traits</b> (ソルガムのコアコレクションの作成と量的形質のアソシエーション解析への利用)		
主査	筑波大学教授	農学博士	奥野員敏
副査	筑波大学准教授	農学博士	大澤良
副査	筑波大学教授	博士(農学)	丸山幸夫
副査	筑波大学教授	Ph.D.	渡邊和男

### 論文の内容の要旨

ソルガムはアフリカ大陸のエチオピアで起源し、その後、世界各地に伝播したイネ科作物である。ソルガムは主要な穀物の中で優れた乾燥耐性をもつことから、アフリカやアジアの乾燥地や半乾燥地に適応する重要な食用作物であるとともに、家畜飼料やバイオマス資源としての需要がある。しかしながら、イネ、トウモロコシ、コムギなど他の主要穀物に比べて、今後の育種基盤を支えるためのゲノム解析研究が立ち遅れている。そこで、本研究では、ソルガムのゲノム育種基盤の構築を目標として、世界各地のソルガム遺伝資源に内在する遺伝的多様性に関する一連の研究を行い、以下の成績を得た。

#### 1. SSR マーカーを用いたソルガム遺伝資源の遺伝的多様性解析とコアコレクションの作成

ソルガムでは、主に形態・生理形質の多様性情報を基に3種類のコアコレクションが作成されている。既に公表されているコアコレクションは、ゲノム全域の遺伝的多様性の評価に基づいていないこと、解析材料が地理的に偏っていることなど、ソルガムの遺伝的多様性を代表するようなコアコレクションとしては欠陥があった。そこで、(独)農業生物資源研究所ジーンバンクが保有するソルガム遺伝資源3,500品種の中から、起源地であるアフリカと伝播経路にある南アジア、東南アジア、東アジアで収集され、パスポートデータが整っている在来種320品種を選定した。既報のソルガム連鎖地図上のSSR (Simple Sequence Repeats) マーカー144個の中から多型を示す38個のSSRマーカーを選定し、320品種のDNA多型解析を行った結果、38個のSSRマーカー座で146の対立遺伝子を検出した。得られたDNA多型情報を主成分分析とUPGMA法により解析した結果、320品種はアフリカ品種群、アフリカ・南アジア品種群、南アジア・東アジア品種群に分かれることを明らかにした。このことは、アフリカに起源したソルガムが東へと伝播する過程で遺伝子交換をしながら地理的に分化してきたことを意味する。また、SSRマーカー座の対立遺伝子頻度を保持しつつ、最小の品種数(107品種)からなるソルガムのコアコレクションを作成した。作成したコアコレクションの構成はアフリカ在来52品種およびアジア在来55品種である。

## 2. コアコレクションの生理・形態形質の解析

コアコレクションの実用形質における遺伝的偏りを解明するため、2007年および2008年にコアコレクション構成品種を栽培し、26の重要形質について評価した。その結果、コアコレクションはすべての形質で幅広い変異を保有していることが明らかになった。形質データに基づく主成分分析からは、コアコレクション構成品種を地理的分化を反映する品種群に分割できなかった。これは、①研究材料に在来品種を用いたため、育種操作による特定の変異に対する選抜が加わっていないこと、②各地域の在来品種には生理・形態形質の遺伝変異に地理的な偏りが無いことを示唆する。

## 3. コアコレクションを用いたアソシエーション解析による量的形質のマッピング

SSR マーカーを 98 個に増やし、コアコレクション構成品種の SSR マーカー座の遺伝子型を解析した。その結果、10本の染色体に散在する 98 個の SSR マーカー座で 470 の対立遺伝子を検出した。DNA 多型情報と重要形質の表現型値および 3 種類のプログラムを用いてアソシエーション解析（連鎖不平衡解析）を行った。SSR マーカー座間には全ゲノム領域にわたって強いアソシエーションが認められたため、本研究で作成したコアコレクションは、ゲノム中に散在する量的形質を支配する遺伝子座（QTL）の検出に有用であることがわかった。そこで、量的形質について解析した結果、A 連鎖群に初期生育量、葉面のロウ質および穂長に関与する QTL、B 連鎖群に穂数に関与する QTL、C 連鎖群に中肋色に関与する QTL、F 連鎖群に芒の有無に関与する QTL、J 連鎖群に開花期と出穂期に関与する QTL が存在することを明らかにした。以上の結果から、ソルガムの遺伝変異に関与する遺伝子座の同定に、コアコレクションは有力な研究ツールであることを実証した。

## 審査の結果の要旨

イネ科穀物の 1 種であるソルガムは、食料、家畜飼料、バイオエタノール原料など多様な用途がある。2004 年 11 月に全塩基配列が解読されたイネをはじめ、トウモロコシやコムギなど主要な穀物ではポストゲノム研究が活発に行われている。そのなかで、DNA マーカーとその連鎖地図は、全ゲノム領域の遺伝子型情報を収集・解析することを可能にし、遺伝資源の分子多様性評価に基づくコアコレクションの作成とマッピングへの利用、量的形質を支配する遺伝子座（QTL）の同定とポジショナルクローニング、形質と連鎖する DNA マーカーによる選抜など、作物の遺伝育種研究において数多くの成果を上げている。一方、ソルガムでは他のイネ科穀物に比べてポストゲノム研究が大幅に立ち遅れていたが、ソルガムゲノムの全塩基配列が解読されたことから、ポストゲノム研究の進展が期待されている。本研究では、SSR マーカー座の遺伝子型情報に基づき 107 品種のコアコレクションを作成し、またコアコレクションを利用して全染色体に散在する重要形質の QTL を検出することに成功した。これらの成果は、ソルガムにおけるゲノム育種基盤の構築に貢献するものであり、作物の遺伝育種学分野の優れた業績として高く評価できる。

よって、著者は博士（農学）の学位を受けるに十分な資格を有するものとして認める。