



Advanced backcross QTL analysis for several agronomic characters using a cross between cultivated rice, *Oryza sativa* and wild rice, *O. rufipogon*

BAUTISTA, NONNATUS SAMANIEGO

(Degree)

博士 (学術)

(Date of Degree)

2001-03-31

(Resource Type)

doctoral thesis

(Report Number)

甲2269

(URL)

<https://hdl.handle.net/20.500.14094/D1002269>

※ 当コンテンツは神戸大学の学術成果です。無断複製・不正使用等を禁じます。著作権法で認められている範囲内で、適切にご利用ください。



【210】

氏 名 NONNATUS SAMANIEGO BAUTISUTA

(本 籍) (フィリピン)

博士の専攻分野の名称 博 士 (学 術)

学 位 記 番 号 博い第352号

学位授与の 要 件 学位規則第4条第1項該当

学位授与の 日 付 平成13年3月31日

【学位論文題目】

**Advanced Backcross QTL analysis for several agronomic characters
using a cross between cultivated rice ,
Oryza sativa and wild rice , *O. rufipogon*.**

イネ栽培種*Oryza sativa* および野生種*O. rufipogon*による
戻し交雑集団を用いた諸形質に関するQTL解析

審 査 委 員

主査 教授 上島 脩志

教授 安田 武司 教授 中村 千春

今日の農業の基礎となっている作物の栽培品種は、もともと野生種から改良されたものであることはよく知られている。つまり、人類は野生種を基にそれぞれの地域に適した形質の選抜を行い多くの栽培品種を作出してきたのである。しかし、このような淘汰・選抜による栽培化は、遺伝的多様性を短期間に縮小してきたとも言える。それゆえ、有用形質を支配する遺伝子が全て在来品種に存在しているとは考えにくく、むしろ、野生種には栽培化の過程で無意識のうちに落としてしまった有用遺伝子は数多いと思われる。そこで本研究ではイネを材料として、まず栽培種と野生種の系統関係を分子マーカーにより明らかにし、次にその近縁野生種 1 系統を栽培品種で戻し交雑し、栽培種に存在しない野生種由来の有用量的形質遺伝子の同定を行った。

第 1 章では、この研究の着想に至った経緯等の背景ならびに研究の目的、また本論文の構成を記述した。

第 2 章では、イネ A ゲノム種における栽培種と野生種の系統関係を明らかにするために、4 種類の分子マーカーによる解析を行った。材料としては、栽培種 13 系統（*Oryza sativa* Japonica 4 系統、Javanica 3 系統、Indica 5 系統、および *O. glaberrima* 1 系統）、野生種 17 系統（*O. perennis* アジア型 12 系統、アメリカ型 2 系統、アフリカ型 1 系統、オセアニア型 1 系統、および *O. breviligulata* 1 系統）を用いた。これらの材料から DNA を抽出して、RAPD、RFLP、核マイクロサテライト、葉緑体マイクロサテライトの 4 種類の分子マーカーにより種内・種間変異を調べた。なお、これら 4 種類のマーカーは異なった分子レベルでの突然変異に基づく多型を検出するため、その変異検出程度は核マイクロサテライトマーカーで一番大きくみられ、次いで RFLP、RAPD、葉緑体マイクロサテライトマーカーの順であった。イネ A ゲノム種においては、野生種には栽培種と比べて多くの変異が存在していることがわかった。また、栽培イネ *O. sativa* は野生種の *O. perennis* アジア型と近縁であることが明ら

かになった。そこで両者の関係を詳しく調べるために、栽培イネの、*O. sativa* を Japonica/Javanica タイプと Indica タイプに、*O. perennis* アジア型を中国由来のものと熱帯アジア由来ものに分けてさらに比較した。その結果、*O. sativa* の Japonica/Javanica タイプは中国由来の *O. perennis* アジア型と、*O. sativa* の Indica タイプは熱帯アジア由来の *O. perennis* アジア型とそれぞれ密接な類縁関係があり、栽培イネ *O. sativa* は野生イネ *O. perennis* アジア型より 2 元的に栽培化されたことが示唆された。

第 3 章では、第 2 章の結果により栽培種に近縁であることが明らかとなった *O. perennis* アジア型（別名 *O. rufipogon*）から 1 系統を選び、栽培品種で戻し交雑を行い、その集団を用いた諸形質に関する QTL（量的形質遺伝子座）解析を行った。まず、野生種の材料として選んだミャンマー由来の *O. perennis* アジア型（*O. rufipogon*）W630 を栽培品種 *O. sativa* Indica IR36 で 2 回戻し交雑し、204 個体からなる BC2 集団を育成した。これらを圃場に展開して、出穂期、最大光合成能、稈長、穂長、有効分げつ数、収量、種子 100 粒重、籾長、籾幅、玄米長、玄米幅の計 11 形質を調査した。その結果、これらの形質はいずれも BC2 集団において連続分布をしており、多くの遺伝子が関与している量的形質であることがわかった。そこで、それぞれの BC2 個体由来の DNA を抽出し、ほぼゲノム全体をカバーする 86 個のマイクロサテライトマーカーにより QTL 解析を行った。検出された量的形質遺伝子座は、11 形質についてのべ 58 カ所であった。それらのうち、野生種の遺伝子が形質の測定値を増大させる働きを持つものは 33 カ所（56.9%）であった。特に、収量については、検出された 7 カ所の量的形質遺伝子座のうち 4 遺伝子座で野生種の遺伝子が収量を向上させる効果を持っていた。これらの領域にはまだ長稈性など野生種のもつ不良形質を支配する遺伝子が含まれている場合がみられたが、さらに戻し交雑を重ねることにより優良形質と不良形質を支配する遺

伝子を分離できるものと思われた。今後は、分子マーカーを用いた選抜により、まず野生種の対立遺伝子が形質を向上させる働きを持つと推定された遺伝子座についての準同質遺伝子系統を作成し、改めて野生種のもつ遺伝子の効果について調べ、次いでそれら準同質遺伝子系統間の相互交配を行うことにより、野生種由来の有用量的遺伝子が蓄積された新たな優良品種を作出する道が開けることを考察した。

第4章では、以上の結果を要約するとともに、野生種のもつ有用遺伝子の育種的利用など本研究の意義について記述した。

論文審査の結果の要旨

氏名	Nonnatus S. Bautista		
論文題目	Advanced backcross QTL analysis for several agronomic characters using a cross between cultivated rice, <i>Oryza sativa</i> and wild rice, <i>O. rufipogon</i> イネ栽培種 <i>Oryza sativa</i> および野生種 <i>O. rufipogon</i> による 戻し交雑集団を用いた諸形質に関する QTL 解析		
審査委員	区 分	職 名	氏 名
	主 査	教授	上 島 脩 志
	副 査	教授	安 田 武 司
	副 査	教授	中 村 千 春
	副 査		
要 旨			
今日の農業の基礎となっている作物の栽培品種は、もともと野生種から改良されたものであることはよく知られている。つまり、人類は野生種を基にそれぞれの地域に適した形質の選抜を行い多くの栽培品種を作出してきたのである。しかし、このような淘汰・選抜による栽培化は、遺伝的多様性を短期間に縮小してきたとも言える。それゆえ、有用形質を支配する遺伝子が全て在来品種に存在しているとは考えにくく、むしろ、野生種には栽培化の過程で無意識のうちに落としてしまった有用遺伝子が数多く存在すると思われる。そこで本研究ではイネを材料として、			

まず栽培種と野生種の系統関係を分子マーカーにより明らかにし、次にその近縁野生種 1 系統を栽培品種で戻し交雑し、栽培種に存在しない野生種由来の有用量的形質遺伝子の同定を行った。

第 1 章では、この研究の着想に至った経緯等の背景ならびに研究の目的、また本論文の構成を記述している。

第 2 章では、イネ A ゲノム種における栽培種と野生種の系統関係を明らかにするために、4 種類の分子マーカーによる解析について記述している。材料としては、栽培種 13 系統 (*Oryza sativa* Japonica 4 系統、Javanica 3 系統、Indica 5 系統、および *O. glaberrima* 1 系統)、野生種 17 系統 (*O. perennis* アジア型 12 系統、アメリカ型 2 系統、アフリカ型 1 系統、オセアニア型 1 系統、および *O. breviligulata* 1 系統) を用いた。これらの材料から DNA を抽出して、RAPD、RFLP、核マイクロサテライト、葉緑体マイクロサテライトの 4 種類の分子マーカーにより種内・種間変異を調べたところ、野生種には栽培種と比べて多くの変異が存在していることがわかった。また、栽培イネ *O. sativa* は野生種の *O. perennis* アジア型と近縁であることが明らかになった。そこで両者の関係を詳しく調べるために、栽培イネの、*O. sativa* を Japonica/Javanica タイプと Indica タイプに、*O. perennis* アジア型を中国由来のものと熱帯アジア由来ものに分けてさらに比較した。その結果、*O. sativa* の Japonica/Javanica タイプは中国由来の *O. perennis* アジア型と、*O. sativa* の Indica タイプは熱帯アジア由来の *O. perennis* アジア型とそれぞれ密接な類縁関係があり、栽培イネ *O. sativa* は野生イネ *O. perennis* アジア型より 2 元的に栽培化されたことが示唆された。

第3章では、第2章の結果に基づき栽培種に近縁であることが明らかとなった *O. perennis* アジア型 (別名 *O. rufipogon*) より1系統を選び、栽培品種で戻し交雑を行い、その集団を用いた諸形質に関する QTL (量的形質遺伝子座) 解析について記述している。まず、野生種 material として選んだミャンマー由来の *O. perennis* アジア型 (*O. rufipogon*) W630 を栽培品種 *O. sativa* Indica IR36 で2回戻し交雑し、204 個体からなる BC₂ 集団を育成した。これらを圃場に展開して、出穂期、最大光合成能、稈長、穂長、有効分げつ数、収量、種子 100 粒重、籾長、籾幅、玄米長、玄米幅の計 11 形質を調査した。その結果、これらの形質は BC₂ 集団において連続分布をしており、多くの遺伝子が関与している量的形質であることを明らかにした。次いで、それぞれの BC₂ 個体由来の DNA を抽出し、ほぼゲノム全体をカバーする 86 個のマイクロサテライトマーカーにより QTL 解析を行った。検出された量的形質遺伝子座は、11 形質についてのべ 58 カ所であった。それらのうち、野生種の遺伝子が形質の測定値を増大させる働きを持つものは 33 カ所 (56.9%) であった。特に、収量については、検出された 7 カ所の量的形質遺伝子座のうち 4 遺伝子座で野生種の遺伝子が収量を向上させる効果を持っていた。これらの領域にはまだ長稈性など野生種のもつ不良形質を支配する遺伝子が含まれている場合がみられたが、さらに戻し交雑を重ねることにより優良形質と不良形質を支配する遺伝子を分離できる可能性があることを示唆している。そして、これらの結果に基づき、今後は、分子マーカーを用いた選抜により、まず野生種の対立遺伝子が形質を向上させる働きを持つと推定された遺伝子座についての

準同質遺伝子系統を作成し、改めて野生種のもつ遺伝子の効果について調べ、次いでそれら準同質遺伝子系統間の相互交配を行うことにより、野生種由来の有用量的遺伝子が蓄積された新たな優良品種を作出する道が開けることを考察している。

第4章では、以上の結果を要約するとともに、本研究の意義について記述している。

以上のように本研究はイネを材料として、まず栽培種と野生種間の系統関係を明らかにし、さらに近縁野生種と栽培品種の戻し交雑集団を用いて、野生種由来の有用量的形質遺伝子について詳細に解析したものであり、イネの遺伝・育種学的分野において重要な知見を得たものとして価値ある集積であると認める。

よって学位申請者 Nonnatus S. Bautista は、博士 (学術) の学位を得る資格があると認める。