

博士論文の要旨及び審査結果の要旨

氏名 MOZAMMEL HOQUE
 学位 博士 (学術)
 学位記番号 新大院博 (学) 第 213 号
 学位授与の日 平成 29 年 9 月 20 日
 学位授与の要 学位規則第 4 条第 1 項該当
 博士論文名 Genetic analysis for tuberous stem formation of kohlrabi (*Brassica oleracea* var. *gongylodes* L.)
 (コールラビ (*Brassica oleracea* var. *gongylodes* L.) の茎肥大に関する遺伝解析)
 論文審査委員 主査 教授・岡崎 桂一
 副査 教授・西村 実
 副査 教授・中野 優
 副査 准教授・佐野 義孝
 副査 助教・深井 英吾

博士論文の要旨

農作物の収量を左右する、茎、根、果実など植物の栄養器官の肥大性に関する遺伝的解析は、子実形成機構の解析に比べがあまり進んでいない。*Brassica oleracea* は、キャベツ、カリフラワー、ブロッコリー、コールラビなどの多くの野菜を含む重要な種であり、栄養器官が肥大する品種としない品種が同一種内にある。このため、栄養器官の肥大性機構を研究する上で優れた材料である。これまでの本種における研究では、開花関連の遺伝子の影響を排除していないほか(開花した個体は養分を花茎に取られ肥大しない)、肥大の形質は劣性であると考えられるのに(ブロッコリー×コールラビの F₁ の茎は肥大しない)、適切な遺伝解析のための分離集団を用いていないことにより、肥大性の遺伝機構の実体については明らかになっていなかった。

そこで、本研究は、肥大性が劣性遺伝することを考慮して、劣性遺伝子が 1/2 の割合でホモ化する BC₁ 集団を用いること、開花抑制遺伝子 *BoFLC2* を持つコールラビを反復親、ブロッコリーを一回親として BC₁F 集団を作成して、茎肥大制御 QTL 解析を実施した。

実験 1 では、ブロッコリー(GCP04)および市販コールラビ品種(セーヌ)を交雑親にした BC₁ 世代の 92 個体を用いた。この集団での茎部肥大の表現型については、直径を測定するとともに、定性的に 4 つのグレードに分けて調査した。茎肥大の分離は、ブロッコリー親のように茎の肥大のないものから、コールラビ親に類似した茎が肥大する個体までが見られ、ほぼ正規分布に適合した。連鎖地図の全長は 913.5cM で、9 つの連鎖群 (LG) からなり、平均マーカー距離は 7.55cM であった。QTL (quantitative trait locus) 解析ではコールラビの茎の肥大を制御する 4 つの QTL が C2, C3, C5, および C9 連鎖群に検出され、*REnBo1*, *REnBo2*, *REnBo3*, および *REnBo4* と命名した。この 4 つの QTL で表現型変異の 55%(グレード)および 59%(直径)が説明できた。実験 2 では、QTL の表現型への効果を再確認するため、4 つの QTL のどれかをヘテロで持ち、残り 3 つをコールラビ由来のホモ接合で持つ個体を BC₁ 集団から選抜し、その個体を自家受粉することによって、BC₁S₁ 集団を育成し QTL 解析を行った。*REnBo1* については、BC₁68-S₁ の 128 個体、*REnBo2* については BC₁43-S₁ の 94 個体、*REnBo3* および *REnBo4* については、BC₁57-S₁ の 152 植物を用いたが、各 BC₁S₁ 集団で検出された QTL は BC₁ 集団で

検出されたものと同じ位置で検出された。2つの世代において茎肥大の QTL が確認でき、同定した QTL の信頼性が高まった。

実験 1, 2 では、遺伝的バックグラウンドがヘテロ接合である市販コールラビ品種を用いていたため、ファインマッピングを実施しマップベースクローニングを行う上で問題があったので、実験 3 では、花粉由来の倍加半数体系統である GCP04(ブロッコリー)および Kr13-511(コールラビ)を用いて実験 1 同様 BC₁ 個体を作成して、QTL 解析を実施した。両親および F₁ の茎直径は、コールラビ-Kr13-511 が 80.9 mm, ブロッコリー-GCP04 が 27.3 mm, F₁ 個体が 35.6 mm であった。BC₁ 集団での茎肥大(直径)の分離は、連続分布を示したが平均値を含め集団全体としてコールラビ型に偏っていた。154 種の多型マーカーの遺伝子型データを用いて連鎖地図を構築した。連鎖地図の全長は 976.8 cM となり、平均マーカー密度は 6.34 cM であった。QTL 解析の結果、C 2, C3, および C7 において 3 つの肥大を制御する QTL が検出され、C 2, C3 上の QTL は、実験 1 の市販品種を用いて同定した *REnBo1*, *REnBo2* と染色体上の位置が同じであり、同一の QTL と考えられた。一方、DH ラインを用いた集団では *REnBo3*, *REnBo4* は検出されなかった。C7 上の新しい QTL を *REnBo5* と命名した。DH ライン後代の集団で同定した 3 つの QTL 表現型分散の 45% をカバーした。

この研究で得られた QTL は、マーカー利用選抜、およびコールラビおよび他のアブラナ種における茎の肥大および貯蔵器官形成の遺伝的機構を理解するのに有用である。また、候補遺伝子の同定のため、QTL 近傍領域のファインマッピングや QTL 領域に存在する遺伝子のトランスクリプトーム解析を実施するにも有効な情報となりうる。本研究を基にして、茎肥大、貯蔵器官形成の遺伝的機構を理解するため、さらなる研究の発展が期待できる。

審査結果の要旨

農作物の収量を左右する栄養器官の肥大性に関する遺伝的解析があまり進んでいない中、本研究では、市販コールラビとブロッコリーを用いた BC₁ 集団とその後代である BC₁S₁ 集団を用い、コールラビ(*B. oleracea*)の茎肥大性を制御する *REnBo1* - *REnBo4* を明らかにした。さらに、もう一集団を用い、肥大を制御する QTL として *REnBo5* を明らかにした。5 つのうち 4 つの QTL は、BC₁ 集団とその後代である BC₁S₁ 集団の 2 つの世代で確認されているので、信頼性の高い QTL と考えられた。本研究で同定した茎肥大の QTL は *B. oleracea* では初めて同定されたものであり、今後、候補遺伝子の同定のため、QTL 近傍領域のファインマッピングや QTL 領域に存在する遺伝子のトランスクリプトーム解析を実施するうえで、有効な情報となりうる。

以上、本研究はコールラビの茎肥大に関わる遺伝機構について新知見を与えるものであった。また、本論文の結果の一部は、Molecular Breeding に受理され、掲載予定である。

よって、本論文は博士(学術)の博士論文として十分であると認定した。また、農業上重要な形質の遺伝解析であるほか、植物の形態形成に関わる基礎遺伝学研究を含んだ博士論文であるから博士(学術)が相応しいと判断した。