

学位論文審査の結果の要旨

氏名	若生 忠幸
審査委員	主査 伊藤 真一 (印)
	副査 執行 正義 (印)
	副査 児玉基一郎 (印)
	副査 辻本 壽 (印)
	副査 小林 伸雄 (印)
題目	Genetic studies of disease resistance and bolting time based on genomic analysis in Japanese bunching onion (<i>Allium fistulosum</i> L.) (ネギのゲノム解析に基づく病害抵抗性および抽苔性の遺伝学的研究)
審査結果の要旨 (2,000字以内)	
<p>ネギ (<i>Allium fistulosum</i> L.) は日本人の食によく親しまれ、健康増進に役立ち、わが国における生産額も多い不可欠な野菜である。しかし、品種育成を行う上で有益な病害抵抗性や晩抽性に関する遺伝学的知見の蓄積はなされておらず、これらの形質に着目した育種素材や選抜手法に関する研究開発に支障をきたしている。そこで、本論文では、以下の(1)~(4)の研究を行い、ネギ類の育種素材と技術の開発に取り組んだ。</p> <p>(1) <i>Allium cepa</i> のさび病抵抗性系統の検索と異種染色体添加による抵抗性のネギへの導入 ネギ ($2n = 16$, ゲノム構成 FF) から分離したさび病菌 <i>Puccinia allii</i> を用いた接種検定を実施したところ、タマネギ (<i>A. cepa</i> Common onion group) とシャロット (<i>A. cepa</i> Aggregatum group, AA) は強い抵抗性を示し、ネギのさび病抵抗性育種に有用な遺伝資源であることが示唆された。そこで、抵抗性に関与する <i>A. cepa</i> の染色体を明らかにするために、シャロットの8本の染色体を1本ずつ添加した8種類のネギ単一異種染色体添加系統 ($2n = 2x + 1 = 17$, FF+1A~FF+8A, 以下添加系統) にさび病菌を接種した。環境制御装置を用いた幼苗期の接種試験では、FF+1A が強度抵抗性を示し、シャロットの第1染色体に抵抗性に関与する遺伝子が存在する可能性が示唆された。一方で、単一染色体添加系統、複数染色体添加系統および低三倍体の成植物を用いた接種試験では、シャロットに匹敵する強い抵抗性は発揮されなかったが、FF+1A+5A において比較的強い抵抗性が再現良く認められた。</p>	

(2) ネギのさび病抵抗性の量的遺伝子座 (QTL) 解析

さび病抵抗性系統‘Sa03’と罹病性系統‘T03’との交雑 F_{2,3} 集団におけるさび病発病程度を調査し、同集団に由来するネギ連鎖地図を用いて量的遺伝子座の特定を行った。施設内における 2 回の接種検定において、さび病抵抗性に関する QTL が第 1, 3, 8 染色体にそれぞれ対応する連鎖群 Chr.1a, Chr.3a, Chr.8a に検出された。検定により異なる QTL が検出されたものの、それぞれの QTL に近傍のマーカーの遺伝子型により、それらの抵抗性に及ぼす効果が立証された。これらの QTL により説明される分散は比較的小さいことから、‘Sa03’には抵抗性に関与する他の遺伝子座も存在することが示唆された。

(3) ネギの抽苔性に関する QTL 解析

不時抽苔性を有する系統‘Ki’と晩抽性系統‘C’との交雑による F_{2,3} 集団 (KiC 集団) を用いて露地圃場で越冬栽培後の抽苔期を調査したところ、2 個の QTL が第 1 および第 2 染色体にそれぞれ対応する連鎖群 Chr.1a および Chr.2a に再現性よく検出された。春化を抑制させるために、同集団を最低気温 10℃以上の加温温室内で栽培したところ、連鎖群 Chr.1a 上の QTL は検出されなかった。一方で、早期抽苔性系統の‘Sa03’と晩抽性系統‘T03’の交雑による SaT03 集団について露地越冬栽培で調査したところ、連鎖群 Chr.2a 上に単一の主要 QTL が認められた。両集団の連鎖群 Chr.2a 上の QTL は同じマーカー座上に位置することから、両者は密接に関連していると考えられた。これらの QTL に連鎖した SSR マーカーは、両集団において抽苔性に関して有意な効果を示した。

(4) 倍加半数体 (DH) 技術を用いた *Allium cepa* 連鎖地図の構築

病害抵抗性の程度や抽苔期が異なるシャロットとタマネギの DH 系統を交雑した F₁ 植物から雌性発生分離集団を育成し、これらを用いて *A. cepa* の連鎖地図を作成した。10,604 個の未受粉小花を培養して再生した 100 個体の植物体を用い、12 連鎖群、108 マーカーからなる全長 799cM の連鎖地図が構築された。さらに添加系統を用いて 12 連鎖群を 8 本の染色体に振り分けた。鱗茎部の着色性に関する形態マーカーは、第 7 染色体連鎖地図の *DFR* 遺伝子と密接に連鎖していた。また、第 2 染色体連鎖地図上に座乗する細胞質雄性不稔性の稔性回復を支配する *Ms* 遺伝子座の近傍に 5 個の分子マーカーを集中マッピングした。

本研究より、ネギのさび病抵抗性および晩抽性に関して有望な育種素材が得られた。また、生産者や消費者のニーズに応じた品種育成を効率的に行うためのマーカー選抜育種技術を開発することもできた。さらに、ネギと共通の DNA マーカーをもつ *A. cepa* 連鎖地図が作成されたことにより、今後、両種の比較ゲノム研究を進展させ、ネギ属野菜における有用形質の遺伝系解明に向けた取り組みをより一層加速させる基盤を構築した。審査委員会は、本論文の内容を評価し、学位論文として十分価値を有するものと判断した。