

学 位 論 文 要 旨

Triticum 属および *Aegilops* 属における突然変異形質に関する遺伝育種学的研究 Genetic studies on the mutant phenotypes in the genera *Triticum* and *Aegilops*

生物生産科学専攻 植物生産科学大講座
雨谷 弓弥子

コムギ (*Triticum* spp.) は世界で最も重要な食用作物のひとつである。地球の人口が急激に増加し、一方で耕作適地は限られるので、単位面積当たり収量の向上が求められる。本研究では、コムギ品種改良に貢献することを目的とし、コムギおよび祖先野生種タルホコムギ (*Aegilops tauschii*, $2n=2x=14$, DD) における小穂および穂を構成する器官数の増減、葉の構成要素の欠損などの遺伝的要因に関して育種学的観点から分析した。主として系統育成と DNA マーカーを用いた連鎖分析を行った。

(1) 1 穂軸節から 2 つ以上の小穂を形成する形質を真性分枝穂という。一粒系コムギ ($2n=2x=14$, $A^m A^m$) の真性分枝穂遺伝子 bh^m は $2A^m$ 染色体短腕に座乗し、四倍性および六倍性コムギの真性分枝穂遺伝子座とオーソログであった。六倍性コムギの *multirow* 準同質遺伝子系統を用いて収量性を検定したところ、分枝穂による小花数の増加が反映し、対照系統と同等の収量が得られ、年次によっては上回った。有効分げつ数が多い年次は特に収量性は向上した。

(2) 一方、分枝しないが小穂軸が伸長する擬似分枝穂は、正常な穂より多くの小花を形成し、小花の生長空間を確保できる可能性がある。四倍性コムギ *T. jakubzineri* ($2n=4x=28$, BBAA) の小穂には過剰な護穎が 2 枚生じ、この形質を決定する *exg* 遺伝子と擬似分枝穂を決定する *shr1* 遺伝子は $5A$ 染色体長腕上にあり、完全連鎖した。また *T. turgidum* PI 67339 ($2n=4x=28$, BBAA) の擬似分枝穂は *shr2* 遺伝子により決定され、 $2A$ 染色体長腕に座乗した。

(3) 穂軸にねじれを生じる *Screwed spike rachis* は、小穂を限られた長さの穂

内に効率的に配置させ、粒の生長にゆとりを与えるので、生産性を高める可能性がある。六倍性コムギ (*T. aestivum*, $2n=6x=42$, BBAADD)において、この形質を決定する *Scr1* 優性遺伝子は 5B 染色体長腕に座乗した。

(4) 日本在来の“軍配”と称される品種の穂は密穂である。この密穂形質は *T. compactum* のもつ 2D 染色体の *C* 遺伝子とは異なり、2B 染色体長腕に存在する優性遺伝子 *Cg* が決定していた。野生エンマーコムギにおいて見出された 2A 染色体長腕上に存在する密穂性 QTL と同祖の位置関係にあった。

(5) 六倍性コムギにおいて、幼苗期から成熟期まで反復的に葉身を萎縮させ、その結果、草丈、穂長および穂あたりの小穂数に顕著な減少を生じる特性は単一の劣性遺伝子 *rlb* に起因し、6D 染色体長腕に座乗した。

(6) 四倍性コムギ (*T. durum*, BBAA)においては、*Lg₁* および *Lg₃* 遺伝子のいずれかが存在すると葉耳が形成される。*T. durum* LD222 を遺伝的背景にもつ準同質遺伝子系統 ANW 12E(*lg₁lg₁Lg₃Lg₃*)および ANW 12F(*Lg₁Lg₁lg₃lg₃*)を用い 2 遺伝子をマッピングした。*Lg₃* および *Lg₁* 遺伝子はそれぞれ 2A 染色体長腕および 2B 染色体長腕に座乗した。また、ANW 12A(*lg₁lg₁lg₃lg₃*)と葉耳のあるタルホコムギの交配から育成した合成コムギは葉耳を形成したので、六倍性コムギにおいては *Lg₁*、*Lg₂* および *Lg₃* 遺伝子いずれかの存在によって葉耳が形成されることが示唆された。合成コムギと六倍性コムギの無葉耳準同質遺伝子系統 ANK-33(*lg₁lg₁lg₂lg₂lg₃lg₃*)を用いマッピングしたところ、*Lg₂* 遺伝子は 2D 染色体長腕に座乗した。これらの遺伝子座はいずれもイネ、オオムギ、ソルガムなどの二倍性イネ科作物の無葉耳遺伝子座と同祖領域にあった。一方、タルホコムギの *Liguleless Mutant* の無葉耳は優性形質であり、この形質を制御する *Lg^l* 遺伝子は 2D 染色体長腕末端部のマーカーと連鎖した。オオムギ無葉耳遺伝子 *HvLG* と相同性の高い領域の塩基配列の解析によって、*Liguleless Mutant* に 19 塩基の配列欠損が認められた。この欠損を含むマーカーを作製し連鎖関係を調べたところ、*Lg₂* 遺伝子近傍に存在した。また、この配列の欠損は *Liguleless Mutant* の野生型にも存在し、*Lg^l* は *Lg₂* 遺伝子とは異なる遺伝子座にあることを確認した。

(7) タルホコムギにおいて、小穂に過剰な護穎を 1 枚生じる *trg* 変異遺伝子は、穂軸の折れやすさを決定する *Br^l* 遺伝子と約 21.6 cM の距離で連鎖し、3D 染色体長腕に座乗した。また、一粒系コムギ *T. sinskajae* において護穎と外穎の間に生じる *false glume* を決定する *fg* 遺伝子は、2A^m 染色体短腕上で柔らかい穎および半密穂形質を決定する *sog* 遺伝子と 1.0~1.6cM の距離で連鎖した。

以上、本研究では *Triticum* 属および *Aegilops* 属における遺伝資源の育種的利用の可能性を探るため、マイクロサテライトマーカーを用いた連鎖解析によって、変異遺伝子の座乗位置を明らかにした。また、真正分枝穂については、収量性検定によって、その実用性を検討した。本研究の結果は、穂当たりの種子数の増加を中心としたコムギ品種育成のため、新たな遺伝子の位置情報を提供する。