

MAPPING QUANTITATIVE TRAIT LOCI FOR ROOT DEVELOPMENT UNDER HYPOXIA CONDITIONS IN SOYBEAN (Glycine max)

グエン, ヴァン, ロック

<https://hdl.handle.net/2324/1866354>

出版情報：九州大学, 2017, 博士（農学）, 課程博士
バージョン：
権利関係：やむを得ない事由により本文ファイル非公開（4）



氏 名 : グエン ヴァン ロック

論文題名 : MAPPING QUANTITATIVE TRAIT LOCI FOR ROOT DEVELOPMENT
UNDER HYPOXIA CONDITIONS IN SOYBEAN (*Glycine max*)
(嫌気条件下におけるダイズ根形成の量的形質遺伝子座 (QTL) マッピング)

区 分 : 甲

論 文 内 容 の 要 旨

湿害はダイズ生産の大きな阻害要因となっており、特にダイズ栽培の大部分が水田転換畑で行われ、また播種期が梅雨と重なる我が国においては、出芽期の湿害の影響が最も大きいとされている。本研究では、耐湿性ダイズ品種を育成するため、湿害の主要因とされる根圏の嫌気条件がダイズ根形成に及ぼす影響について明らかにすると共に、嫌気耐性に関与する根形質の量的形質遺伝子座 (QTL) マッピングを行った。

まず、遺伝的背景の異なるダイズ 162 系統を供試し、水耕栽培下における嫌気および好気条件が幼苗の根形成に及ぼす影響について調査した。その結果、好気区に比べて嫌気区では、根長、根表面積、根体積は減少し、根直径は増加したが、好気区に対する嫌気区の相対値 (嫌気耐性) には有意な系統間差異のあることが明らかとなった。

次に、嫌気耐性系統“伊豫大豆”と感受性系統“タチナガハ”の交雑に由来する組換え近交系 (RILs) 94 系統 (F_{8:9}) を供試し、嫌気条件下における根形質の QTL マッピングを行った。その結果、嫌気条件下における根長、根表面積および根直径に関与する 11 の QTLs が染色体 11, 12, 13 および 14 上に、嫌気耐性に関与する 5 つの QTLs が染色体 12 および 14 上に検出された。染色体 12 上のマーカー Satt052 と Satt302 の間に検出された根長および根表面積に関与する QTL は、何れも伊豫大豆型の対立遺伝子が嫌気耐性を高める効果を示した。この QTL の効果を検証するため、タチナガハの遺伝子型を背景に、候補領域を伊豫大豆型ホモで持つ準同質遺伝子系統 (NILs) を作出 (NIL9-4-5:BC₆F₃) し、水耕栽培嫌気条件ならびに土耕栽培湛水条件下における根形質を評価したところ、いずれの栽培条件においても NIL9-4-5 の根形質は伊豫大豆型を示した。

さらに、遺伝子単離に向けて、嫌気条件下における根長増加量に関与する QTL (*Qrld-12*) の候補領域を絞り込むと共に、親系統と NIL9-4-5 を供試して RNA-seq 解析を行った。その結果、*Qrld-12* は染色体 12 上のマーカー BARCSOYSSR_12_0700 と BARCSOYSSR_12_0738 の 0.95Mb 間に座乗することが示された。RNA-seq 解析によって、嫌気条件下で根の転写産物量が増加した遺伝子のなかから伊豫大豆と NIL-9-4-5 に共通して転写産物量が増加した 44 の、低下した 39 の遺伝子を検出した。特に染色体 12 上のマーカー Satt052 と BARCSOYSSR_12_0738 の間にあり、伊豫大豆および NIL-9-4-5 で共に転写産物量が低下した Glyma12g16380 (Thiazole biosynthetic enzyme) は、根の嫌気耐性遺伝子候補として有力と考えられた。