

Genetic studies on grain chalkiness induced by high temperature during grain filling in rice (*Oryza sativa* L.)

宮原, 克典

<https://hdl.handle.net/2324/7157387>

出版情報 : Kyushu University, 2023, 博士 (農学), 課程博士

バージョン :

権利関係 : Public access to the fulltext file is restricted for unavoidable reason (2)

氏名	宮原 克典			
論文名	Genetic studies on grain chalkiness induced by high temperature during grain filling in rice (<i>Oryza sativa</i> L.) (イネの登熟期の高温により誘導される白未熟粒に関する遺伝学的研究)			
論文調査委員	主査	九州大学	教授	石橋 勇志
	副査	九州大学	教授	熊丸 敏博
	副査	九州大学	教授	穴井 豊昭

論文審査の結果の要旨

地球環境変動に伴う環境ストレスは、高品質で安定した作物生産を困難にしている。とりわけ、我が国における水稲栽培において、登熟期の高温ストレスによる白未熟粒の発生が品質低下の大きな要因となっている。本論文は、イネ (*Oryza sativa* L.) の高温登熟耐性に強く影響する白未熟粒発生の遺伝的要因を明らかにしたものである。

まず、イネの高温登熟耐性に関与する量的形質遺伝子座 (QTL) を探索するために、高温登熟耐性系統である「ちくし 52 号 (C52)」と高温登熟感受性品種である「つくしろまん」の組換え自殖系統群を供試して、様々な高温処理を行った。その結果、全ての処理区において、玄米の背側が白濁する背白粒の発生に関する QTL が第 8 染色体上に検出され、この QTL を *qWB8* (White-backed grain 8) と名付けた。「つくしろまん」を連続戻し交配することで得られた「つくしろまん」を遺伝的背景とする *qWB8-C52* の準同質遺伝子系統では、背白粒や玄米の基部が白濁する基白粒の発生が「つくしろまん」に比べて有意に減少した。また、玄米全体が白濁する乳白粒に関わる QTL が全ゲノム中に 4 ヶ所検出され、そのうち第 4 染色体上に検出された QTL を *qMW4.1* (Milky-White grain 4.1) と名付けた。同様に「つくしろまん」を連続戻し交配することによって得られた「つくしろまん」を遺伝的背景とする *qMW4.1-C52* の準同質遺伝子系統において、乳白粒の減少が確認された。

次に、福岡県で作付けされている高温耐性品種「元気つくし (GT)」と「つくしろまん」の組換え自殖系統群を用いて、実用品種における高温登熟耐性に関与する QTL を探索した結果、背白粒に関する QTL が C52 と同様の第 8 染色体に加えて第 6 染色体に検出された。このうち、主要な QTL である *qWB8* について、「つくしろまん」を遺伝的背景とした *qWB8-GT* の準同質遺伝子系統を作出し、背白粒の発生率を調査した結果、「つくしろまん」に比べて明らかに背白粒の発生が減少した。このことから、*qWB8* における「元気つくし」対立遺伝子が背白粒発生を顕著に抑制していると考えられた。

最後に、この QTL 領域における高温登熟耐性に関連する遺伝子のうち、白未熟粒の発生に関与することが報告されている *AGPS2b*、*Amy3D*、*Amy3E* について、登熟期間中の子実を用いて、常温登熟 (25°C) および高温登熟 (30°C) 条件で発現解析を行なった。その結果、処理区による発現量の差は認められたものの、品種間の差は認められなかった。そこで、「元気つくし」、「つくしろまん」および「つくしろまん」を遺伝的背景とする *qWB8-GT* の準同質遺伝子系統を用いて、高温登熟中の子実において RNA-seq 解析を行った。その結果、「元気つくし」と 2 系統の *qWB8-GT* の準同質遺伝子系統において、「つくしろまん」に比べて 2 倍以上の発現上昇が認められた遺伝子が QTL 領

域に5つ確認された。さらに、これら5つの遺伝子について、常温登熟および高温登熟の子実を用いて発現解析を行った結果、全ての処理条件において「つくしろまん」の発現量が明らかに低下した。以上の結果は、発現変動が認められた5つの遺伝子が、高温登熟下における白未熟粒の抑制に強く関与していることを示唆した。

以上要するに、本論文はイネの高温登熟下における白未熟粒発生に関わる QTL を検出し、QTL 領域内に5つの候補遺伝子を特定したものであり、作物学および育種学の発展に寄与する優れた業績である。よって本研究者は博士（農学）の学位を得る資格を有するものと認める。