



Title	Genetic basis of ionic variations in rice and its implication for the sulfate transporter gene contributing to the sulfur accumulation [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	張, 城銘
Citation	北海道大学. 博士(農学) 甲第14805号
Issue Date	2022-03-24
Doc URL	http://hdl.handle.net/2115/85393
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/
Type	theses (doctoral - abstract and summary of review)
Additional Information	There are other files related to this item in HUSCAP. Check the above URL.
File Information	Zhang_Chengming_review.pdf (審査の要旨)



[Instructions for use](#)

学位論文審査の要旨

博士の専攻分野の名称	博士（農学）	氏名	Zhang Chengming
審査担当者	主査	准教授	渡部敏裕
	副査	教授	信濃卓郎
	副査	教授	貴島祐治
	副査	助教	丸山隼人
	副査	助教	マリアステファニア・ウイヤンティ

学位論文題名

Genetic basis of ionomic variations in rice and its implication for the sulfate transporter gene contributing to the sulfur accumulation
(イネにおけるイオノーム変動の遺伝的基盤とそれが示唆した硫黄蓄積に寄与する硫酸トランスポーター遺伝子)

本論文は英文 96 頁，図 13，表 3，4 章からなり，参考論文 1 編が付されている。

植物イオノームは植物に含まれる必須元素と非必須元素の集合体であり，遺伝的・環境的要因によって制御された多次元な動的ネットワークである。世界三大穀物の一つであるイネ (*Oryza sativa* L.) には長い栽培と育種の歴史があり，様々な遺伝子型が存在する。これまでの育種では気候条件に適応した，収量が多く，食味の良いイネ品種が選抜されてきたが，近年，ミネラル栄養を強化すること（生物学的栄養強化）や有害な元素の蓄積を低減することを目的とした作物育種も行われている。本研究は，農業・食品産業技術総合研究機構（農研機構）のジーンバンクが所有する，少ない品種数で遺伝的変異を幅広くカバーする世界と日本のイネコアコレクションを用いて，イネ品種間におけるイオノームの変動を明らかにし，その結果をもとにゲノムワイド関連解析を行い，さらにその解析結果から一つの硫酸イオントランスポーターに着目した実験を行った一連の結果をまとめたものである。

1) イネ遺伝子型のイオノームプロファイリングとその品種間，亜種間の比較

イネコアコレクションの 120 品種の種子から得られた苗を，必須元素および非必須元素を含む培養液を用いて同一条件で水耕栽培し，植物体の地上部および根部に含まれる 23 種の元素の一斉分析を行った。その結果，多くの元素種において japonica, indica, および aus の 3 つのイネ亜種グループ間で差が見られた。これらの差は地理的分布，来歴によって規定される傾向を見出し，その要因の一つとして，根から地上部への輸送機構の亜種グループ間の違いが関わることを示唆した。japonica 亜種の地上部では複数元素の含有率が共通して高い品種が，indica 亜種お

よび aus 亜種では共通して低い品種が多く見られることを明らかにした。このことは japonica 亜種が鉄などのミネラル栄養を強化するための生物学的栄養強化への活用が期待できることを示す一方で、有害元素で汚染された環境でのイネ栽培には、カドミウム、ヒ素やセシウムなどの含有率が高い傾向のある japonica 亜種より indica 亜種や aus 亜種の方が適すると考察した。

2) イネのイオノームのゲノムワイド関連解析とそれが示唆した硫黄蓄積に寄与する *OsSULTRI;1*

上記の研究で得られたイオノームデータと農研機構が整備した遺伝子多型のデータを組み合わせてゲノムワイド関連解析を行った。その結果、様々な元素において、その集積に関連する遺伝子の存在が予想されるゲノム領域を検出した。特にその中で、根部、地上部ともに3番染色体の同じ位置に認められた硫黄含有率に関わる有意な一塩基多型 (SNP) のピークに着目した。この領域内に座乗する高親和性硫酸トランスポーターをコードする *OsSULTRI;1* について詳しく調べると、地上部、根部ともにこの遺伝子の第1エクソン内の特徴的な3塩基の欠失があるハプロタイプは欠失のないハプロタイプよりも有意に硫黄含有率が高いことを明らかにした。さらに、硫黄栄養条件がこの遺伝子の発現に与える影響を調べるため、それぞれのハプロタイプから選んだ4品種を異なる硫黄栄養条件で水耕栽培した。その結果、*OsSULTRI;1* は根でのみ発現しており、硫黄欠乏により発現量は増加することを明らかにしたが、発現量は塩基欠失がある品種でむしろ低い傾向が見られた。このことから、根における遺伝子の発現量ではなく、硫酸イオンの輸送活性が塩基欠失の影響を受けていると考察した。

以上のように、本研究はイネの無機元素集積における品種間の変動を包括的に明らかにし、イネの無機元素集積研究の基盤となる情報を提示した。また、ミネラル成分に関して栄養価の高いあるいは安全なイネを栽培、育種するための情報を示した。さらに、イオノーム解析とゲノム情報を組み合わせることでイネのイオノームの動態を分子レベルで研究することを可能にした。以上の成果は、学術的な意義が大きいだけでなく、ミネラル集積の制御を目的としたイネ育種研究に大きく寄与するものである。

よって審査員一同は、Zhang Chengming が博士 (農学) の学位を受けるのに十分な資格を有するものと認めた。