



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	アズキ落葉病抵抗性遺伝子と連鎖したDNAマーカーの開発とその有効性に関する研究 [論文内容及び審査の要旨]
Author(s)	鈴木, 孝子
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(農学)
Dissertation Number	甲第11386号
Issue Date	2014-03-25
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/55786
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.1/jp/
Type	doctoral thesis
File Information	Takako_Suzuki_review.pdf, 審査の要旨



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 鈴 木 孝 子

審査担当者 主 査 教 授
副 査 教 授
副 査 講 師

近 藤 則 夫
増 田 清
秋 野 聖 之

学 位 論 文 題 名

アズキ落葉病抵抗性遺伝子と連鎖した DNA マーカーの開発と
その有効性に関する研究

本論文は図 16, 表 30 を含み, 6 章からなる総頁数 100 の論文であり, 別に参考論文 1 編が添えられている。

アズキ落葉病は土壌伝染性のため薬剤防除が難しく, 抵抗性品種の作付けによる被害回避がもっとも効果的である。多数の交配系統から早期に抵抗性品種を選抜し育成するためには, 簡便で高精度な抵抗性判定法が求められる。本研究は, アズキ落葉病菌レース 1 および 2 に対する抵抗性遺伝子解析を基礎として, これらと連鎖した DNA マーカーの開発およびこれらを適用したアズキの品種改良における有効性を検証したものである。その内容は, 次のようにまとめられる。

1. アズキ落葉病抵抗性遺伝子と連鎖した DNA マーカーの開発

(1) レース 1 抵抗性遺伝子 (*Pga1*) と連鎖した DNA マーカーの開発

アズキ落葉病菌レース 1 抵抗性の「しゅまり」と同感受性の「斑小粒系-1」の交配後代から、AFLP 解析によって抵抗性および感受性バルク間で多型を示した 5 種の AFLP マーカーを選抜した。得られた増幅断片およびその周辺領域の塩基配列情報から、育種において適用範囲が広いと推察された Pg118 をホモ接合型、ヘテロ接合型の区別が可能な共優性マーカーに改良した。「しゅまり」×「斑小粒系-1」の F₂ 大規模集団 4278 個体を用いた試験においても Pg118 の遺伝子型とレース 1 抵抗性検定結果は一致しており、Pg118 は高精度な DNA マーカーであることが示された。育成品種・系統の中で Pg118 による遺伝子型が「しゅまり」(抵抗性) 型のものは、「赤豆」, 「Acc259」および「Acc2515」もしくはその後代を除いてアズキ落葉病菌レース 1 抵抗性であることが明らかにされた。

(2) レース 2 抵抗性遺伝子 (*Pga2*) と連鎖した DNA マーカーの開発

アズキ落葉病レース 1 かつレース 2 抵抗性である「Acc259」は, *Pga1* 以外の抵抗性遺伝子を持つ可能性が高い。「Acc259」と感受性の「斑小粒系-1」の交配後代からバルク法を利用した AFLP 解析によって, 抵抗性バルクと感受性バルク間で多型を示した 4 種の AFLP マーカーが選抜された。レース 1 抵抗性判別マーカー Pg118 を利用した系統検定の結果より, *Pga1* と *Pga2* は強連鎖あるいは対立遺伝子である可能性が高いことから, 「Acc259」の Pg118 対立座領域を利用して「Acc259」を判別できる優性マーカー Pg118(R2)とともに, その配列情報からプライマーを設計が容易と判断された Pg204 が共優性マーカーが開発された。2 種の DNA マーカーは *Pga2* と 1cM 以下で連鎖しており, 育種における抵抗性選抜においては十分な精度で利用できることが示された。

(3) *Pga1* と *Pga2* の遺伝子座

「しゅまり」×「斑小粒系－１」の F_2 世代による連鎖解析の結果、*Pga1*と強連鎖しているDNAマーカーPg118と*Pga2*と強連鎖しているDNAマーカーPg204は第3連鎖群の末端の同じ位置に存在することが示された。また、*Pga1*保持系統と*Pga2*保持系統の交配後代からは、二つの抵抗性遺伝子を保持した系統は得られず、両遺伝子是对立遺伝子であることが示された。

2. アズキ落葉病抵抗性遺伝子とアズキ萎凋病抵抗性遺伝子の関係

「しゅまり」×「斑小粒系－１」の F_2 世代の解析結果、萎凋病抵抗性は優性の１遺伝子に支配されており、Pg118の遺伝子型がヘテロ型あるいは「しゅまり」（落葉病レース１および萎凋病抵抗性）型の個体は１個体を除いて萎凋病抵抗性となり、「斑小粒系－１」（落葉病レース１および萎凋病感受性）型はすべて感受性となったことより、*Pga1*と「しゅまり」由来のアズキ萎凋病抵抗性遺伝子*Rfoa1*は同一あるいは強連鎖していると結論された。一方で

「Acc259」×「斑小粒系－１」の F_2 世代の解析結果から、「Acc259」由来の萎凋病抵抗性は優性の１遺伝子に支配され、「Acc259」由来の萎凋病抵抗性遺伝子*Rfoa2*は*Pga2*とは独立して遺伝することが示唆された。*Pga1*と*Pga2*が対立遺伝子であること、第3連鎖群末端は報告されているマーカーが少なく組み換え頻度が低い可能性があることから、*Pga1*と*Rfoa1*は同一遺伝子ではなく連鎖している可能性が高いことが示された。

以上より、抵抗性遺伝子の詳細な解析を基礎としたDNAマーカーの開発は、病害抵抗性アズキ育成に貢献する成果であり、学術上および応用上高く評価できる。よって審査員一同は、鈴木孝子が博士（農学）の学位を受けるに十分な資格を有するものと認めた。