HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	北海道水稲育種の高度化に関わる出穂性と澱粉特性の遺伝的基礎［論文内容及び審査の要旨］
Author(s)	池ヶ谷, 智仁
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(農学)
Dissertation Number	乙第7219号
Issue Date	2025-03-25
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/95014
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/
Type	doctoral thesis
File Information	IKEGAYA_Tomohito_abstract.pdf, 論文内容の要旨

Hokkaido University Collection of Scholarly and Academic Papers : HUSCAP

学 位 論 文 内 容 の 要 旨

博士の専攻分野の名称： 博　士（農学）　　氏名　池 ヶ 谷　智 仁

学 位 論 文 題 名

北海道水稲育種の高度化に関わる出穂性と澱粉特性の遺伝的基礎

北海道水稲育種集団は栽培北限である北海道で安定栽培するため育種によって極早生性の付与、耐冷性の向上や良食味と耐病性の集積などが短い期間で行われてきた。その結果として本州品種とは異なる北海道特異的な遺伝的集団構造を持つとされる。育種操作によって最適遺伝子型が選抜され続けていけば、遺伝背景が均一化し形質の改善が見られなくなると考えられるが、実際には様々な優良品種が開発され続けている。現行北海道水稲優良品種は品種ごとに異なる特性を持ち、これは表現型差異を生じる遺伝変異が存在することを示唆しており、その差異こそが優良品種を決定づける有用形質と言える。本研究では、北海道水稲優良品種間で表現型差異を生じる遺伝的要因を明らかにし、その導入選抜過程と集団内での分布を調査した。さらに、将来の北海道水稲品種育成の方向性や戦略を検討する際に活用するため、澱粉合成関連有用遺伝子型の組み合わせによる澱粉特性への影響を検証した。

北海道水稲品種における出穂性の違いに関する遺伝解析

北海道水稲品種「大地の星」と「ほしのゆめ」を用いて、「大地の星」のやや早生性を特徴づける第 3 染色体上の QTL である *qDTH3* の詳細マッピングを行った。その結果、*qDTH3* 座乗候補領域は IRGSP 1.0 イネ参照配列上 158kb の領域に絞り込まれた。イネアノテーションプロジェクトデータベース（RAP-DB; https://rapdb.dna.afrc.go.jp）ではこの領域内には 19 のタンパク質コード遺伝子が予測されており、そのうち 2 つの遺伝子（Os03g0122500、Os03g0122600）で出穂性に関係するとの報告があったため有力な原因候補遺伝子と考えられた。*qDTH3* 座乗候補領域内には両親間で塩基多型部位が 60 箇所見つかったものの、ほとんどがイントロンや遺伝子間領域に存在しており、遺伝子機能に違いを生じると予想される変異を見つけることは出来なかった。*qDTH3* の遺伝的成立過程を明らかにするため、*qDTH3* 候補領域を含む周辺 656kb の染色体領域の塩基配列を *O. rufpogon* (OR)の 32 品種、World Rice Core collection (WRC)、Japanese Rice Core collection (JRC)、20V（北海道水稲 20 品種）の 4 つの *Oryza* コレクション間で比較した。IRGSP 1.0 イネ参照配列に対して OR コレクションでは最も多くの塩基多型が検出された一方で、塩基置換、欠失、染色体組換えといった遺伝的事象によって分類される遺伝子型の数は最も少なかった。反対に、JRC と 20 V では塩基多型が少なかったが遺伝子型の数は多く、また OR や WRC コレクションには見られない独自の遺伝子型が成立していた。このことから品種育成に伴う選抜によって塩基多型程度が低下しても、組換えによって新たな遺伝子型が生み出されており、それが新たな表現型が生じる原動力となった可能性が示唆された。遺伝的組換えにより新たな有用遺伝子型が生じている可能性があるという結果は、育種選抜によって遺伝的多様性が収束していく中で、いかにして表現型多様性を拡大していくかという問いに対する新規の重要な知見を与える。

北海道水稲糯品種の澱粉特性の違いに関する遺伝解析

北海道で開発された搗いた後の餅硬化性が異なる 2 つの糯米品種、「きたゆきもち」と「しろくまもち」を解析材料として、交配後代集団を育成し米粉ペーストの糊化開始温度ならび餅硬化性に関する QTL の検出および詳細マッピングを行った。その結果、両形質の QTL の候補領域はどちらも第 2 染色体の 305kbp の領域に絞り込まれた。この領域内には澱粉枝作り酵素 IIb（*SbeIIb*；Os02g32660.1）がコードされており、*SbeIIb* はアミロペクチン伸長に関わること、また両親品種間

で非同義置換を生じる塩基変異が確認されたことから有力な原因候補遺伝子と考えられた。*SbeIIb* 上に検出された SNP をターゲットとした分布解析を行い、高い餅硬化性を示す「しろくまもち」型染色体領域の北海道水稲育種集団への導入過程を明らかにした。北海道水稲品種コアパネル（63 品種）、北海道現行優良品種 16 品種（うち 10 品種はコアパネルと重複）、および「しろくまもち」の系譜上の祖先品種を解析した結果、餅硬化性の高い「しろくまもち」型染色体領域は交配によってアメリカ品種「Cody」から「キタアケ」を通じて北海道水稲育種集団に導入され、「キタアケ」の子孫に分布していることが明らかになった。「しろくまもち」型染色体領域は「キタアケ」を系譜上の親に持つに北海道の 12 の粳米現行優良品種すべてに分布していた。一方で日本の本州で栽培面積の大きい、または過去に品種育成に広く活用された代表的なイネ 28 品種（糯 17 品種、粳 11 品種）からは「しろくまもち」型染色体領域は検出されず、この遺伝子型は北海道水稲育種集団に特有のものと考えられた。

澱粉特性に関わる 2 つの遺伝因子が水稲粳品種の食味特性に与える影響

水稲粳品種「きたげんき」と、同じく水稲粳育成系統「北海 332 号」を材料として、北海道の水稲品種から見出されたアミロース含有率を制御する QTL の *qAC9.3* および *SbeIIb* を含む 305kbp 領域の遺伝子型がそれぞれアミロース含有率、糊化開始温度、アミロペクチン鎖長分布パターンといった澱粉特性、および炊飯米の硬化性に与える影響を調査した。交配後代集団の解析では、「北海 PL9」に由来する低アミロース性の *qAC9.3* を持つ場合、アミロース含有率は 1.87 %低下し、糊化開始温度は変化せず、アミロペクチン鎖長分布パターンは長鎖である重合度 25-36 および 37-の側鎖の割合が有意に増加した。*SbeIIb* を含む 305kbp 領域を、糊化開始温度と餅硬化性が高くなる「しろくまもち」型で持つ場合、アミロース含有率は変化せず、糊化開始温度は 0.47 ℃高くなり、アミロペクチン鎖長分布パターンは短鎖である重合度 6-12 の側鎖の割合が有意に低く、一方で中鎖である重合度 13-24 の側鎖の割合は有意に増加した。炊飯米の硬化性について、「北海 PL9」に由来する低アミロース性の *qAC9.3* を持つ系統の炊飯米の硬さは、そうでない系統よりも有意に低かった。一方で、*SbeIIb* を含む 305kbp 領域の遺伝子型と炊飯米の硬さの間に関連は見られなかった。澱粉特性に関わる両遺伝子型が食味特性に与える影響が明らかになったことで、育種目標に合致した遺伝子型の選抜に役立つと考えられる。