

氏 名	NUMANUL HAQUE GULAM KIBRIA MD		
授与した学位	博 士		
専攻分野の名称	農 学		
学位授与番号	博乙第	4 5 3 2	号
学位授与の日付	2 0 2 1 年 3 月 2 5 日		
学位授与の要件	博士の論文提出者 (学位規則第4条第2項該当)		
学位論文の題目	<i>PHYTOCLOCK 1</i> confer extreme early flowering in wheat (コムギの極早生性の原因遺伝子は <i>PHYTOCLOCK 1</i> である)		
論文審査委員	教授 豊田 和弘	准教授 西田 英隆	准教授 門田 有希
学位論文内容の要旨			
<p>Wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) is one of the most important cereal crops and its heading time is one of the vital agricultural traits. Heading time in wheat is a complex character which is controlled by vernalization requirement, photoperiodic response, and earliness <i>per se</i>. Among these, earliness <i>per se</i> is controlled by many genes with smaller effect and is effective for fine tuning of heading time. However, little is known about the genes for earliness <i>per se</i>. A Japanese breeding line ‘Chogokuwase’ headed earlier by 2-4 weeks compared to ‘Norin 61’, and its earliness was related with earliness <i>per se</i>. Therefore, in this study, I tried to identify the causal gene(s) for extreme earliness.</p> <p>Genetic analysis using recombinant inbred lines (RILs) developed by ‘Chogokuwase’ x ‘Kinuiroha’ indicated the involvement of two major genes/QTLs. The initial bulk segregant analysis using SSR markers successfully located them on distal part of chromosomes 3BL and 3DL. To narrow down chromosome regions including causal gene by map-based study, we focused on <i>QTL-3B</i>. In mapping populations derived from a cross of ‘Chogokuwase’ x ‘CKRIL54’, segregation of extremely early and middle early plants fitted to a ratio of 1:3, clearly confirming the segregation of a single gene, and <i>QTL-3B</i> was mapped to a 10.8cM region in the distal part of 3BL. Subsequently, it was narrowed down to a 445kb region through the screening of recombinants and their progeny tests. By RNA-seq analysis, it was confirmed that <i>PCLI-B1</i> (3B homolog of wheat <i>PHYTOCLOCK1</i> (<i>PCLI</i>)) was the only gene which transcribed intact mRNA. In addition, we detected sequence polymorphism in <i>PCLI-B1</i> between ‘Chogokuwase’ and ‘Kinuiroha’. Thus, we finally concluded that <i>QTL-3B</i> is <i>PCLI-B1</i>.</p> <p>RILs mentioned above and doubled haploid (DH) lines developed from the cross of same parental lines were classified into four groups by <i>PCLI-B1</i> and <i>PCLI-D1</i> genotype and heading time was compared among genotypic groups. Compared to ‘Kinuiroha’ type RILs, carrying early allele of <i>PCLI-A1</i>, and late alleles of <i>PCLI-B1</i> and <i>PCLI-D1</i> (designated as ELL type), ELE and EEE types headed earlier by 6.2 and 16.3 days, respectively. The same result was obtained in DH population. Therefore, non-functional early allele of <i>PCLI-D1</i> accelerated heading. In contrast, that of <i>PCLI-B1</i> did not in the presence of functional allele of <i>PCLI-D1</i>, though non-functional allele of <i>PCLI-B1</i> was essential for extreme earliness.</p> <p>Diversity analysis of three <i>PCLI</i> homologs using 274 local landraces and 105 improved cultivars indicates the origin of early allele of <i>PCLI-A1</i> in Japan. In contrast, early allele of <i>PCLI-B1</i> distributed frequently and widely, and it was difficult to conclude the origin of its early allele. The early allele of <i>PCLI-D1</i> originated by SNP mutation in the field of ‘Blackhull’ in USA. In addition, <i>PCLI-A1</i> gene region was deleted in ‘Extra Early Blackhull’. Therefore, it is rational to conclude that ‘Extra Early Blackhull’ (EEE type) have null early allele of <i>PCLI-A1</i> which caused earlier heading compared with ‘Early Blackhull’.</p>			

論文審査結果の要旨

本論文では、コムギにおける出穂期決定の遺伝学的理解および出穂期遺伝子の育種利用を促進するという観点から、わが国の育種系統‘超極早生’が保有する早生遺伝子の遺伝学的解析が行われており、最終的に原因遺伝子が*LUX ARRHYTHMO/PHYTOCLOCK 1* (*PCL1*)であることを明らかにしている。

第2章では、‘超極早生’×‘きぬいろは’の分離集団(1000個体以上)を用いて、出穂期とDNAマーカーとの連鎖解析により、早生遺伝子が3B, 3D染色体の長腕末端に座乗することを明らかにしている。3B染色体に集中した詳細マッピングにより早生遺伝子の座乗位置の絞り込み、最終的に、*PCL1*が早生遺伝子であることを突き止めている。そして、概日時計を構成する*PCL1*の機能欠損により早生化すること、*PCL1*の同祖遺伝子である*PCL1A1*, *PCL1-B1*, *PCL1-D1*の三重変異体が極端に早生化して超極早生になることを明らかにしている。

第3章では、‘超極早生’×‘きぬいろは’のRILsおよびDH集団の出穂期を解析し、*PCL1-B1*, *PCL1-D1*の早生対立遺伝子による早生化効果を解析している。その結果、*PCL1-D1*により約6日早生化することを示し、コムギ育種において出穂期の遺伝的調節に利用可能なことを明らかにしている。一方、*PCL1-B1*は単独では早生化効果を示さないが、超極早生化には不可欠なことを示した。

第4章では、世界各地の在来品種および改良品種を用いた解析により、*PCL1-B1*の早生対立遺伝子が6倍体コムギの成立以前に存在したことを示唆する結果を得ている。一方、*PCL1A1*, *PCL1-D1*の早生対立遺伝子については、それぞれ日本、アメリカで起源したことを明らかにしている。

以上のように、コムギ系統‘超極早生’が保有する早生遺伝子の特定に世界で初めて成功し、その早生化効果や早生対立遺伝子の起源を解明していることから、本論文は学術的にもまた実用的にも価値が高いことが明らかであり、博士(農学)の学位を授与するに相応しいと判断した。