

氏名	邱 琬貽		
授与した学位	博士		
専攻分野の名称	農 学		
学位授与番号	博甲第	5987	号
学位授与の日付	平成31年 3月25日		
学位授与の要件	環境生命科学研究科 農生命科学 専攻 (学位規則第4条第1項該当)		
学位論文の題目	Genetic analysis of grain size using DNA transposon-tagged lines in rice (イネの DNA トランスポゾンタグ系統を用いての粒大に関する遺伝解析)		
論文審査委員	教授 前川 雅彦	教授 佐藤 和広	教授 坂本 亘 (資)
学位論文内容の要旨			
<p>Grain size is a key character for grain weight, one of the yield components in rice. To increase the grain yield of rice, it is important to elucidate the detailed regulatory mechanism for grain size though many genes have been reported. <i>Large grain (Lgg)</i> mutant found in the <i>nDart1</i>-tagged lines of Koshihikari, showed a long grain phenotype (109.3%) with long panicle (106.9%) and heavy 100-grain weight (109.2%) compared to WT. The heavier 100-grain weight was considered to be mainly due to the longer grains of <i>Lgg</i>. F2 segregation of <i>Lgg</i> and the F3 progeny test demonstrated that <i>Lgg</i> was inherited in an incompletely dominant manner. The causal gene for <i>Lgg</i> was revealed to encode a putative RNA-binding protein (RBP) with two RNA recognition motifs (RRMs) which was located on chromosome 11 through the transposon display analysis. Further, <i>Lgg</i> was suggested to be caused by truncated <i>nDart1-3</i> and 355 bp deletion at 5' UTR region of a putative RBP gene (<i>LGG</i>). Meanwhile, CRISPR/Cas9-mediated knockout and overexpressed plants for the RBP showed longer and shorter grains, respectively, than WT, proving that <i>LGG</i> regulated spikelet hull length. Expression of <i>LGG</i> was found to show the highest level at 0.6 mm long young panicle and was gradually decreased depending on the length of young panicle, though <i>LGG</i> expressed at root and leaf. These results showed that <i>LGG</i> strongly functioned at the very early stage of panicle development. Longitudinal cell numbers of spikelet hulls of <i>Lgg</i>, knockout and overexpressed plants were significantly different from those of WTs, suggesting that <i>LGG</i> might regulate cell division or cell proliferation of spikelet hull in the longitudinal direction. Through RNA-Seq analysis of 1-mm-long young panicles of knockout and overexpressed plants, expressions of many cell cycle-related genes were reduced in the knockout plants compared to those of overexpressed and WT plants, whereas some genes for cell proliferation expressed highly in knockout plants. Taken together, <i>LGG</i> was suggested to be a potential pivotal regulator for cell cycle and cell division.</p> <p>As a result, this study shows that <i>LGG</i> encodes a putative RBP for regulating cell cycle-related genes in spikelet hull primordium of rice and suggests that <i>LGG</i> might be useful for improving rice yield by combining with some gene for phytohormonal regulation for cell elongation in the spikelet hull of rice.</p>			

論文審査結果の要旨

邱 琬貽氏より提出された博士論文を学位審査委員会及び論文発表会での発表により審査した。提出された博士論文「Genetic analysis of grain size using DNA transposon-tagged lines in rice (イネのDNAトランスポゾンタグシステムを用いたの粒大に関する遺伝解析)」では、イネの収量性改善に関わる大粒性についてDNAトランスポゾン、*nDart1*挿入システムで見出された大粒変異体 (*Lgg*) について1個の不完全優性遺伝子が関与していることを明らかにした。*nDart1*の挿入位置を調べたところ、第11染色体のRNA結合タンパク質の5'UTRに挿入していることが明らかとなった。そこで遺伝子破壊システム (GE) と過剰発現システム (OE) を作成して、その粒大を調べた結果、GEでは変異体と同じように大粒となり、一方、OEでは小粒となった。これらの結果は、当該遺伝子が大粒変異体の原因遺伝子であることを示していた。凍結マイクロトームによる縦断切片から、大粒変異体の穎花では細胞の数が増加していた。GEの幼穂のRNA-Seqの結果から、大粒遺伝子は細胞周期関連遺伝子と関連することが推定された。これらの研究内容は、イネにおける収量性改善に関わる大粒性遺伝子を同定し、それがRNA結合タンパク質をコードする遺伝子であることを発見し、機能を推定したものである。

これらの研究内容は、イネにおける生産性を高めるために必要な粒大に関する新規な遺伝子をトランスポゾンタグラインから見出すことに成功しており、それらを的確に学位論文としてまとめている。講座での中間発表も行い、国内、国外における学会発表もこなしており、成果の一部は国際学術誌に既に英語論文として発表している。論文発表会での発表も、論文の内容を的確にまとめていた。

以上の結果から、邱 琬貽氏より提出された論文は博士の学位を付与することに相応しいと判断された。