



Title	Genetic analyses of the biofuel crop <i>Jatropha curcas</i> L. by molecular markers
Author(s)	李, 海燕
Citation	大阪大学, 2018, 博士論文
Version Type	VoR
URL	https://doi.org/10.18910/69538
rights	
Note	

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

The University of Osaka

Abstract of Thesis

Name (李 海燕 (HAIYAN LI))	
Title	Genetic analyses of the biofuel crop <i>Jatropha curcas</i> L. by molecular markers (バイオ燃料作物 <i>Jatropha curcas</i> L.の分子マーカーによる遺伝学的解析)

Chapter 1 General introduction

Jatropha curcas L. (Jatropha) is a perennial shrub species of the family Euphorbiaceae. Jatropha seeds are rich in oil and the oil can be converted to biodiesel, therefore it has been recognized as a promising biofuel plant to replace fossil fuels due to desire to reduce greenhouse gas emissions.

To realize a sufficient supply of Jatropha biofuel, many commercial cultivations of Jatropha were launched in Africa and Asia. However, those attempts have failed because of low productivity, and breeding high-yielding varieties is important while restricted by their narrow genetic basis. A sufficient and diverse collection of Jatropha is the key to succeed in the breeding project. Center of origin is believed to possess the most diverse genetic resources, while there is no consensus on this issue in Jatropha. Association study is a powerful tool to uncover responsible genetic regions for phenotypes of interest, thus elite individuals can be selected by using markers. Introduction of the allele with a positive effect in the seed yield is expected to lead to a huge improvement in its oil productivity. There is, however, no association study on Jatropha by using genome-wide markers to date.

Chapter 2 Worldwide genetic characterization reveals the center of origin for Jatropha

A worldwide genetic assessment was performed by using 246 accessions from Asia, Africa and Mesoamerica, based on 59 simple sequence repeat markers and eight retrotransposon markers. As a result, a low genetic variation in African and Asian Jatropha was found. Diversity in central Chiapas was the highest, which suggests that center of origin of Jatropha is the Chiapas Central Depression. Three genetic groups in Mesoamerica (A-C) were identified. Genetic background of African and Asian Jatropha was Group B in Mesoamerica. An accession from Chiapas and two accessions from the state of Veracruz were found to be genetically the closest to African and Asian Jatropha. It is likely that their ancestors were shipped from Port of Veracruz to the Old World, and later formed African and Asian Jatropha populations with a low genetic diversity. It was concluded that genetic resources of Group A would be the best to use for Jatropha breeding in Africa and Asia. Diverse progenies with hybrid vigor can be expected after hybridization.

Chapter 3 Association study of seed-yield related traits for *Jatropha curcas* L. in Mexico

To support the marker-assisted selection, association analysis of yield-related traits was performed by using Mexican accessions. Six markers were found to be significantly associated with yield-related traits. Among them, JCG0061 was identified to associate with two traits, fruit weight and seed yield per plant. This marker was found to be located in a previously-published QTL of the female flower number, suggesting that the genomic region linked to JCG0061 is critical for yield-related traits.

Chapter 4 General conclusion and future prospect

It was found that a significant high of genetic variation in central Chiapas, and that Chiapas Central Depression is likely to be the center of origin. The genetic background of African and Asian Jatropha in Mesoamerica was characterized to be Group B, and three accessions genetically closest to African and Asian Jatropha were identified. I propose new strategies based on the genetic analysis to increase the genetic basis of African and Asian Jatropha. It is the first trail to perform an association study in a genomic scale in Jatropha. Six markers were found to significantly correlate with yield-related traits, which can be used for the marker-assisted selection. These studies land a scientific support for successful breeding and commercial cultivation in Africa and Asia and finally help in the battle against climate change.

論文審査の結果の要旨及び担当者

氏 名 (李 海 燕)			
論文審査担当者		(職)	氏 名
	主 査	教 授	村中 俊哉
	副 査	教 授	藤山 和仁
	副 査	教 授	渡邊 肇
	副 査	教 授	福崎 英一郎
	副 査	教 授	紀ノ岡 正博
	副 査	教 授	大政 健史
	副 査	教 授	仁平 卓也
	副 査	教 授	永井 健治

論文審査の結果の要旨

ジャトロファ (*Jatropha curcas* L.) は、種子にバイオディーゼル原料となる油を豊富に含む灌木である。乾燥に強く乾燥あるいは半乾燥気候で栽培できるため、温室効果ガス削減の必要性に応える、食糧生産と拮抗しない有望なバイオ燃料植物と考えられている。しかし、多くの商業栽培がアフリカとアジアで試みられたものの、低い生産性のため成功しなかった。そのため高収量系統の育種が重要であるが、遺伝的多様性の欠如が障害となっている。育種の成功には十分な数の幅広いジャトロファ遺伝資源の収集が鍵となる。一般に起源地には最も大きい多様性を持つ遺伝資源があると考えられているがジャトロファの起源地についての定説はまだない。一方アソシエーション解析は表現型に関与する遺伝子領域を明らかにする有用な方法であり、マーカーにより優秀な個体を選抜することを可能にして、油の生産性の飛躍的改善に繋がるものである。しかしジャトロファではゲノム全体のアソシエーション解析は現在行なわれておらず、育種に有用な遺伝的情報はまだ限られている。

このような背景に基づき学位申請者は、メソアメリカ、アフリカ、アジアの246系統のジャトロファを59個のSSR (Simple Sequence Repeat) マーカーと8個のレトロトランスポゾンマーカーを用いて遺伝的解析を行なっている。その結果、ジャトロファの遺伝的多様性は、アフリカとアジアで低く、メキシコの最南端の州チアパスの中央部で最も高いことを明らかにしている。この結果はジャトロファの起源地がチアパス中央盆地であることを示唆する。またメソアメリカのジャトロファには3つの遺伝的グループ (A-C) があり、グループAはチアパス中央部、Bはチアパス周縁部とチアパスに隣接する地域、Cはチアパスから離れた地域、に主に分布していること、そしてアフリカとアジアのジャトロファは遺伝的にグループBに近いものであること、を見出している。特にチアパスの1系統とベラクルス州の2系統がアフリカとアジアのジャトロファに最も近いことを明らかにして、アフリカとアジアのジャトロファの祖先はベラクルス港から旧世界に運ばれた限られた遺伝型のものであったことを示唆している。旧世界に運ばれた際、収量以外の有用な形質に基づいて選ばれたため、アフリカとアジアのジャトロファが低収量となったのかもしれないと述べ、これらの結果より、グループAの遺伝資源がアフリカとアジアのジャトロファの育種に最適であると結論している。また、それらとの交配により雑種強勢を示す多様な子孫植物を得る可能性も指摘している。

学位申請者はまたマーカー選抜に資するため、メキシコ系統を用いて収量に関与する形質のアソシエーション解析を行ない、6個のマーカーが収量に関与する形質と有意にアソシエートすることを示している。それらの中で果実重量と植物当りの種子収量、の2つの形質とアソシエートするJCG061が以前報告された雌花数のQTLに位置していることが示され、JCG061と連鎖する遺伝子領域が収量に重要であることが示唆されている。これらの結果はアフリカとアジアにおけるジャトロファの育種と商業栽培をサポートする科学的知見であり、最終的に気候変動の防止に寄与するものとなると考えられる。

以上のように、本論文はジャトロファの起源地とそこからのアフリカ・アジアへの伝播を明らかにしたものであり、さらに種子の収量に関与する形質とアソシエートするマーカーの同定について述べている。よって本論文は博士論文として価値あるものと認める。