

アジア稲における 2 つの主要な非脱粒性遺伝子周辺の連鎖不平衡

植物育種科学講座 植物育種学分野
田中 匠

穀物の収穫において脱粒性の減少は、収穫効率を飛躍的に高める。したがって、栽培化の初期過程で意識的または無意識的に強い選択を受けたと考えられ、栽培化過程における重要な形質変化の一つと考えられてきた。そのため、脱粒性の遺伝的支配を明らかにすることは、イネの栽培化過程の理解に貢献するものと期待される。近年のゲノム全域での QTL 解析から、脱粒性の QTL は第 10 染色体以外のすべての染色体で見つかり、イネにおいて栽培化による非脱粒化は単純ではなく複数の遺伝子が関与する複雑な遺伝的変化を伴うものと推察される。その中でも第 1、3、4 染色体には最も頻繁に QTL が報告されている領域であり、栽培化へ重要な役割を果たしてきた可能性が考えられた。最近、第 1、第 4 染色体の脱粒性遺伝子、*qSH1* と *qSH4* が単離され、イネ栽培化の機構を分子レベルで解析することが可能となった。これまでの研究から *qSH1* と *qSH4* の 2 つが非脱粒性に特に重要な働きをしていることが分かってきた。そこで本研究では、*qSH1*、*qSH4* 周辺の多様度についてシーケンスのデータに基づき連鎖不平衡の解析を行った。連鎖不平衡とは、遺伝子間におけるハーディ・ワインベルグの法則からの歪みであり、個々の遺伝子の進化的動態を知る上でも重要であると考えられる。

系統解析には栽培系統として *Oryza sativa* の、*japonica*、*javanica* 合わせて 19 系統、*indica* 17 系統を用い、野生系統として *O. rufipogon* の annual 9 系統、perennial 16 系統、中間型の *intermediate* を 5 系統、アウトグループとして *O. glaberrima* の W025 を用いた。バラ穂遺伝子(*Spr3*)のマッピングには、栽培イネ A58(*O. sativa* ssp. *japonica*)と野生イネ W107(*O. rufipogon* Annual)との交雑に由来する組換え自殖系統群(RILs)を供与親に、A58 を反復親として戻し交雑を行い、作成した BC₄F₃ 世代を供試した。

qSH1・*qSH4* 周辺領域の多様度について、塩基配列に基づき解析を行った。その結果、*qSH1* 周辺領域では野生系統に対する栽培系統の変異の割合 (C/W) が減少せず、高い値が維持されていた。一方 *qSH4* 領域では C/W が 0 になっており、栽培系統には変異が全く無く、この遺伝子が栽培化に大きく寄与したものと考えられた。また、*Spr3* 遺伝子のマッピングを行った結果、*qSH4* 遺伝子の約 210-420kb 上流と、比較的近い位置に座乗することが明らかとなった。そのため、*qSH4* と *Spr3* には何らかの関係があるのではないかと示唆された。

また、塩基配列データからインフォーマティブサイトを用いて、*qSH1*・*qSH4* の周辺領域の連鎖不平衡を調べた。その結果、栽培系統では同じ染色体内だけではなく、異なる染色体間でも強い関連性のあることが確認できた。

以上のように、異なる染色体の脱粒性遺伝子では、異なる変異パターンが検出された。このことは、個々の遺伝子における進化的動態の違いを反映していると考えられ、異なる非脱粒性遺伝子の起源や栽培化過程における意義を比較する上で重要な知見を与えるものと期待される。