

イネの生殖的隔離に寄与する雑種不稔性の遺伝学的解析

植物育種科学講座 植物育種学分野
荻野篤史

【背景と目的】

雑種不稔は、雑種個体において栄養成長期における生育は正常であるにも関わらず、花粉や胚嚢の発育に異常を起こし、不稔が誘導される現象である。雑種不稔遺伝子 S_1 はアジア栽培イネ *Oryza. sativa* とアフリカ栽培イネ *O. glaberrima* 間の雑種不稔現象から見出された。*O. glaberrima* は S_1 を、*O. sativa* は異なる対立遺伝子 S_1^a を保持しており、これらのヘテロ接合体 (S_1/S_1^a) の配偶子形成において、見かけ上 S_1 が S_1^a を持つ配偶子を退化させるという現象が起こる。これまでに、 S_1 は花粉キラーの機能を有する主動因子と、花粉キラーを配偶子キラーへと変更させる修飾因子からなる遺伝子複合体であることが示唆されており (Sano 1990)、 S_1 座乗領域の分離集団を用いた精密マッピングから、 S_1 花粉キラー因子が 9 つの候補遺伝子を含む約 40 kb の領域に同定されている (Koide *et al.*, 2008)。本研究では、 S_1 遺伝子による雑種不稔機構の遺伝的基礎の解明を目的として 3 つの実験を行い、 S_1 候補遺伝子のさらなる絞り込みを試みた。

【方法】

O. sativa の T65 系統に *O. glaberrima* の W025 系統由来の S_1 断片を導入した準同質遺伝子系統である T65 S_1 (S_1/S_1) と *O. sativa* の T65wx (S_1^a/S_1^a) を用い、9 つの S_1 候補遺伝子の発現解析および多型解析を行った。また、 S_1 座における遺伝子型が明らかとなっている野生および栽培イネ 4 種 27 系統 (Koide *et al.*, 2008) にアフリカイネ 3 系統を加えた 4 種 30 系統のイネを用い、9 つの S_1 候補遺伝子に関してアソシエーション解析を行った。

【結果と考察】

発現解析の結果、T65 S_1 および T65wx の葯において、9 つの S_1 候補遺伝子のうち 6 つの遺伝子の発現が確認された。また、多型解析においては、 S_1 、 S_1^a の遺伝子型間において非同義変異が存在する遺伝子が 7 つ見出された。さらに、アソシエーション解析では、 S_1 遺伝子型に特異的なアミノ酸変異を持つ遺伝子が 6 つ存在することが明らかとなった。

S_1 は花粉キラーとしての機能を持つため、その原因遺伝子は葯において発現することが予想される。さらに、 S_1 、 S_1^a 間においては、 S_1 遺伝子型に特異的なアミノ酸変異の存在が推定される。これらの条件を共に満たす遺伝子として 3 つの遺伝子を同定した。これらは S_1 遺伝子の有力な候補と考えられる。今回の結果は、 S_1 座に起因する雑種不稔が、非常に少数の遺伝子により支配されうることを示している。これは、アジア-アフリカイネ間における強度の生殖的隔離が、少数因子による不稔障壁の累積からなる可能性を暗示するものであり、種成立における遺伝的複雑性の構造的理解を導く知見であると見なすことができる。