

イネにおける小穂の形態形成に関する変異体およびゼブラ分矮変異体の遺伝解析

生物資源科学専攻 植物育種学講座 植物育種学 川島 拓也

1. 緒言

突然変異体を解析することで初めてその正常型の対立遺伝子の存在が見出され、遺伝子の機能を知ることができる。そのため、変異体の遺伝解析は有用な農業形質の基礎を明らかにする上で有益である。本研究ではイネの形態形成に関する遺伝的制御機構の一端を解明することを目的とし、1穂内に正常型の他、種々の奇形小穂が混在する変異 *msp* を持つ突然変異体(S-00-21)の遺伝解析を行った。またゼブラ分矮変異体(535)に注目し、幼苗期に葉脈に対し横縞状に白色を発現するゼブラクロシスの原因遺伝子 *z5* および本変異体が併せ持つ分げつ矮性(*td*)および受精競争に関与する配偶体遺伝子(*ga10*)について解析した。

2. 方法

1) 小穂の形態形成に関する変異体の遺伝解析 S-00-21 としおかりの交雑後代 02-31(*msp*)とインディカイネであるカサラスとの交雑 F_2 集団を供試し、*msp* 変異の原因遺伝子を特定するため分子マーカーを用いてマッピングを行った。

2) ゼブラ分矮変異体の遺伝解析 535 としおかりの交雑後代 13-72 と第4染色体の標識遺伝子 *lg*(無葉舌)を持つ系統 WS-5 の F_3 系統を用い、*lg*, *z5*, *td*, *ga10* 間の連鎖分析を行った。また、535 とカサラスとの F_2 集団を用い、*z5* のマッピングを行った。

3. 結果と考察

1) 小穂の形態形成に関する変異体の遺伝解析 02-31 とカサラスの交雑 F_2 では、*msp* 型が分離した。この *msp* 変異個体を用いてマッピングを行ったところ、第1染色体短腕のマーカーE20660 と RM600 の間、およそ 2.19Mbp の範囲に *msp* の原因遺伝子が存在することが推定された。

2) ゼブラ分矮変異体の遺伝解析 F_3 検定により Kinoshita and Takamure(1984)が推定した、第4染色体上の *lg-z5-ga10* の位置関係が再確認された。また、新たに *td* を加えた *lg-td-z5-ga10* の連鎖関係が明らかとなった。さらに、ファインマッピングの結果、*z5* 遺伝子の位置は第4染色体長腕のマーカー127551 と 149370 の間、約 21.8kb に絞り込まれた。そこには5種の遺伝子が存在するが、低温等のストレス応答に関連する AP2 ドメインタンパク質をコードする遺伝子 LOC_0s04g57340 が *z5* の候補遺伝子として有力だと考えられた。 F_3 検定の結果とマッピングの結果を合わせると、*td* と *ga10* についても第4染色体長腕のマーカーS20518 と RM2799 の間、232.8 kb に存在することが推定された。

4. 今後の課題

1) 小穂の形態形成に関する変異体の遺伝解析 採取した02-31とカサラスの F_2 を F_3 に展開し *msp* 変異個体を増やすと共に、新たにDNAマーカーE20660とRM600の間にマーカーを設計し、より精密なファインマッピングを行うことで原因遺伝子を特定することが望まれる。

2) ゼブラ分矮変異体の遺伝解析 今後は535と原系統間でLOC_0s04g57340をコードする塩基配列の多型を明らかにし、*z5*の原因遺伝子を特定する必要がある。*z5*の原因遺伝子を特定できれば、存在する領域が推定された *td* と *ga10* についても解析が進み、新たな遺伝子機能の解明にも近づくことが期待される。