

北海道大学 大学院農学院 修士論文発表会, 2019年2月7日  
**Oryza 属の遺伝距離を異にする交雑 F1 で得られた**

**トランスクリプトーム間の包括的遺伝解析**

生物資源科学専攻 植物育種科学講座 植物育種学 宇津 康太郎

## 1. はじめに

ヘテロシスを生じる交雫 F1 は農業で広く利用されている。しかし交雫 F1 でどのように両親の影響を受け、変化が起こっているのかは不明な部分が多い。本実験では両親の遺伝距離因子や由来の異なる細胞質が交雫 F1 における因子の発現量にどのように影響するのかに注目してマイクロアレイによる発現解析を行った。

## 2. 方法

日本晴(*O. sativa japonica*)を常に片親として、T65(*O. sativa japonica*), IR36(*O. sativa indica*), W107(*O. rufipogon*), WK21(*O. glaberrima*)をそれぞれ片親にした F1 とそれぞれの親の穂ばらみ期における止葉および薬組織を材料に RNA を抽出し、遺伝子に対して 37,955 個、反復配列に対して 23,013 個のプローブを用いてマイクロアレイによる発現解析を行った。

## 3. 結果と考察

供試されたプローブは日本晴のゲノム情報をもとに作成された。日本晴で発現していた因子のうちもう片親と比較して、日本晴が高い発現量を示した因子数は遺伝距離の増大に伴って多く抽出された。このことは日本晴との配列の多型が測定値に影響していることを示している。日本晴と交雫 F1 における発現量の相関係数は日本晴と日本晴およびもう片親の中間値における相関係数よりも低いことから、交雫 F1 において両親の中間値をとるだけではない相互作用が発生していることを示している。因子の発現量のプロットによると、交雫 F1 における発現量の変化は両親の組み合わせによって異なったパターンを示した。正逆交雫間を比較すると両親の遺伝距離の遠い日本晴と WK21 の組み合わせでは 100 倍以上の発現量の差がある遺伝子が抽出された。これらの遺伝子を GO 解析にかけると一見細胞質とは関係が薄いと思われるストレス応答に関する遺伝子が多く見られ、細胞質の要素がそのような遺伝子の発現量に影響を与えていていることを示唆する。

## 4. まとめ

本研究によって交雫 F1 の因子の発現量は両親の遺伝距離や由来の異なる細胞質によって異なる変化のパターンを示すということが示唆された。