

北海道イネ系統のゲノム構造の比較解析と穂ばらみ期耐冷性に関連した領域の探索

生物資源科学専攻 植物育種科学講座 植物育種学 倉沢 洋佑

1. はじめに

本研究は北海道イネ系統の耐冷性遺伝子が進化的にどのように効果を発揮し、今に至るまでの育種に引き継がれたかを調べるために第1染色体全体の広い遺伝子型解析と、第5染色体上で見つかった耐冷性遺伝領域の調査及び同領域における北海道品種一塩基多型データを使用したA58型遺伝子領域の北海道品種への浸透を調査した。

2. 方法

1) **北海道イネ系統ゲノム構造の比較解析** 北海道系統と本州系統を含む14品種を用いて第1染色体全体にSSRマーカーを使用し、それぞれの品種の遺伝的構成を調査して各品種が持つ遺伝子の由来と遺伝的多様性をもたらさう領域の調査を行った。

2) **穂ばらみ期耐冷性に関連した領域の探索** 耐冷性を有すると考えられる北海道品種A58と耐冷性が低いと考えられる*indica*品種のKasalathの雑種後代を用いて第5染色体上20.0~21.2Mbの耐冷性領域の効果の確認と領域の特定を行った。同領域をそれぞれA58ホモ型とKasalathホモ型に持つ系統をそれぞれ温室条件と低温条件にて生育させ、花粉稔性率と種子稔性率を指標に耐冷性評価をした。加えて、同領域の北海道品種における遺伝的分布を調査するために北海道系統SNPデータから系統樹を作成した。

3. 結果と考察

1) **北海道イネ系統ゲノム構造の比較解析** 主食として利用されるキタアケ以降の北海道イネ品種は北海道品種の先駆けとなった赤毛の遺伝子を多くは引き継いでおらず、きらら397より後に育成された品種ではその品種特異的な遺伝子型がそれ以前の品種と比較して少ない可能性がある。それらの品種は既存の遺伝子型を従来に無い組み合わせに持つと考えられ、遺伝資源が限られる中ではいずれ限界を迎える恐れがある。北海道品種の中でもななつぼしは他の近代北海道品種と比較して遺伝子構成が多少異なり、コシヒカリ由来の遺伝子型が占める割合が大きかったため、他の北海道品種との交雑による新たな遺伝的構成を持った品種育成が考えられる。また、きらら397も以降の品種に見られなかった特有の遺伝領域を有しており、遺伝的多様性という点で育種利用に有効である可能性が示唆された。

2) **穂ばらみ期耐冷性に関連した領域の探索** A58型耐冷性領域についての実験においては第5染色体の耐冷性領域は花粉稔性率に影響を及ぼさず、種子稔性率に影響を及ぼすと判明し、生殖成長における葯の裂開以降のステージの耐冷性と関係があると示唆された。また、同領域の北海道品種における浸透率を調査したところ、現在北海道で盛んに栽培されている品種にはA58型が浸透していないことが判明した。同領域のA58型に見られた耐冷性領域は1930年前後に品種育成が開始された品種には見られたが、1950年代以降の品種にはほとんど存在しない可能性がある。