

# イネにおける種間雑種不稔性に関する遺伝学および分子進化学的研究

生物資源科学専攻 植物育種科学講座 植物育種学 北嶋ゆき

## 1. はじめに

雑種不稔とは、交雑雑種において雄性配偶子、雌性配偶子または雌雄両配偶子の発達に異常が起こり、結果として種子や花粉が不稔となる現象である。雑種不稔遺伝子座の一つである  $S_1$  はアフリカ栽培イネ (*Oryza glaberrima*) とアジア栽培イネ (*O. sativa*) の雑種において花粉不稔および種子不稔を引き起こす。 $S_1$  遺伝子座にはアジア栽培イネ由来の  $S_1^s$  対立遺伝子とアフリカ栽培イネ由来の  $S_1^g$  対立遺伝子が存在し、ヘテロ接合体 ( $S_1^g/S_1^s$ ) において  $S_1^s$  対立遺伝子を持つ花粉および胚のうが致死となる。これまでの研究から、 $S_1$  遺伝子座は複合遺伝子座であり、 $S_1$  遺伝子座に座乗する2つの遺伝子、 $SSP$  および  $P11$  が雑種不稔性に関与することが示されている。本論文では、この  $S_1$  遺伝子座に着目し、遺伝学的研究および分子進化学的研究を行った。今回は特に分子進化学的研究についての発表を行う。

$SSP$  は *O. glaberrima* とその野生祖先種である *O. barthii* から構成されるアフリカイネジーンプールに存在することが示されている。また、 $P11$  はアフリカイネジーンプール内の系統が機能型の塩基配列を持つことが示されている。本研究では、新たに多くの *O. glaberrima* 系統を供試して  $SSP$  および  $P11$  の塩基配列を解析することで、雑種不稔遺伝子座  $S_1$  の進化過程の解明を目的とした。

## 2. 方法

アフリカの各国に由来する *O. glaberrima* 107 系統、アウトグループとして *O. barthii* 5 系統、*O. meridionalis* 11 系統を供試し、塩基配列解析を行った。 $SSP$  は全 ORF 領域となる 741 塩基を解読し、 $P11$  は SNP により機能型、非機能型を判別した。

## 3. 結果と考察

*O. glaberrima* における  $SSP$  塩基配列の塩基多様度  $\pi$  の値は 0.00231 となった。多型サイト数に基づく  $\theta$  の値は 0.00787 となった。また、*O. glaberrima* 全 107 系統のうち、27 系統において塩基の In/De1 によるフレームシフトが起き、参照配列と異なる位置に終止コドンが生じていた。これらの系統は非機能型の  $SSP$  遺伝子を持つ可能性が示された。さらに、 $SSP$  配列の中立性を Tajima' s D の値を用いて調べた。その結果、Tajima' s D が 0 より小さい値となったことから、 $SSP$  遺伝子には、有害な変異を排除し、特定の配列が維持される弱い純化選択が働いていることが示唆された。

また、*O. glaberrima*, *O. barthii*, *O. meridionalis* における  $SSP$  と  $P11$  の機能型・非機能型の分布を調査した。その結果、供試した 123 系統のうち 82 系統が  $SSP$  と  $P11$  両遺伝子が機能型の対立遺伝子を保持していた。これらの系統では、 $SSP$  と  $P11$  が共に働くことにより不稔が引き起こされると考えられる。

## 4. 今後の課題

今回得られた結果を確かめるためには、今後交配実験を行い、雑種の表現型から対立遺伝子を調査する必要がある。