

学 位 論 文 要 旨	
氏 名	豊元 大希
題 目	AA genome <i>Oryza</i> 種間交雑で見出された種子発育不全がもたらす分離歪み現象の遺伝解析 (Genetic analysis of segregation distortion caused by abortion during seed development in the interspecific crosses among AA genome <i>Oryza</i> species)
<p>栽培イネ (<i>Oryza sativa</i>) と同じ AA ゲノムを持つ近縁野生イネは、イネの遺伝的改良のための主要な一次遺伝子プールを構成する。そのうち、<i>O. meridionalis</i> と <i>O. rufipogon</i> はオーストラリア北部に生息している。本研究では、オーストラリアの野生イネ 3 系統 (Jpn1 (<i>O. rufipogon</i>), Jpn2, W1297 (<i>O. meridionalis</i>)) および栽培イネ 1 品種 (台中 65 号 (T65)) を用いた。反復戻し交雑によって、野生近縁種の染色体セグメントを導入した染色体セグメント置換系統 (CSSL) を作出し、形質評価と遺伝学的分析に使用した。</p> <p>研究の前半では、6 番染色体上の DNA マーカー RM136 遺伝子座の分離が非常に歪んでいることが判明し、種子発達段階で致死を引き起こす劣性致死遺伝子が、W1297 の 6 番染色体上の 2 つの DNA マーカー KGC6_10.09 と KGC6_22.19 の間に位置していることが示された。この遺伝子を <i>SEED DEVELOPMENT 1</i> (遺伝子記号: <i>SDV1</i>) と命名した。<i>O. sativa</i> は機能的優性対立遺伝子 <i>SDV1-s</i> (<i>s</i> は <i>sativa</i> の意) を共有し、<i>O. meridionalis</i> は劣性致死対立遺伝子 <i>sdv1-m</i> (<i>m</i> は <i>meridionalis</i> の意) を共有すると考えられた。しかし、<i>sdv1-m</i> 対立遺伝子を持つ <i>O. meridionalis</i> は自家受精によって種子を稔らせることができる。そこで我々は、<i>O. meridionalis</i> と他の AA ゲノムの <i>Oryza</i> 種との分岐の前に <i>SDV1</i> 遺伝子が重複した可能性があり、<i>O. meridionalis</i> は <i>SDV1</i> 遺伝子の機能を失い、<i>SDV2</i> と仮称した別の遺伝子座に機能を維持しているのではないかと推測した。</p> <p>研究の後半では、<i>SDV1</i> のファインマッピングを行い、対象領域を 6 番染色体上の 333kb に絞り込むことに成功した。また、<i>O. meridionalis</i> 系統の <i>SDV1</i> 遺伝子座周辺のハプロタイプ解析から、DNA 多型を共有していることが示され、<i>SDV1</i> 遺伝子座に共通の致死対立遺伝子が存在することが示唆された。<i>SDV2</i> 候補遺伝子の連鎖解析の結果、その遺伝子は 4 番染色体に位置していた。<i>SDV1</i> と <i>SDV2</i> 候補遺伝子の両方が分離している集団を用いて、両遺伝子に密接に連鎖する DNA マーカーの遺伝子型を調べることにより、候補遺伝子が真の <i>SDV2</i> 遺伝子であることを明らかにした。<i>SDV1</i> 遺伝子をカバーする染色体領域には、<i>O. sativa</i> で 30 のタンパク質をコードする遺伝子が存在すると予測された。これらの遺伝子のうち 4 つは、4 番染色体の <i>SDV2</i> 遺伝子の染色体領域に保存された DNA 配列を持つこと、<i>O. meridionalis</i> は 6 番染色体にこれらの遺伝子をもたず、第 4 染色体にのみ持つことが明らかになった。これらの結果は、これらの 4 つの遺伝子が <i>SDV1</i> の候補であり、<i>O. meridionalis</i> の 4 番染色体上に位置するオルソログ遺伝子が <i>SDV2</i> の候補であることを示唆している。</p>	