

令和 6 年 9 月 20 日現在

機関番号：12102

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2020～2023

課題番号：20K05980

研究課題名(和文) ナタネゲノムの遺伝的分類に基づく種内交雑親和性の評価

研究課題名(英文) Intraspecific cross-compatibility based on the genetic classification of *Brassica napus*

研究代表者

津田 麻衣 (Tsuda, Mai)

筑波大学・生命環境系・助教

研究者番号：20767511

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 2,000,000円

研究成果の概要(和文)：遺伝子組換えナタネは、国内で自生個体が確認され、国内に存在するナタネとは同種であるため交雑して自然環境に導入遺伝子が遺伝子浸透する可能性がある。しかし、国内の港湾周囲における植生調査では、10年以上遺伝子浸透は確認されていない。そこで、国内自生ナタネと組換えナタネ間の交雑親和性に、核およびオルガネラのゲノムタイプとその組合わせの関連を明らかにするため、ゲノムタイプ解析、交雑親和性調査を行った。核・オルガネラゲノムの多型解析によりそれぞれ複数のゲノムタイプに分類された。また、遺伝的背景が異なるナタネ間には交雑親和性が低かった。今後はゲノムタイプとその組み合わせ、交雑親和性の関連を明らかにする。

研究成果の学術的意義や社会的意義

零れ落ちた遺伝子組換えナタネから日本に自生するナタネやその近縁種への遺伝子浸透の可能性の有無は、遺伝子組換えナタネが国内に輸入されるようになってから長く議論されている。植生調査では遺伝子浸透は確認されないが、科学的にその理由を明確にして示すことは、遺伝子浸透から環境影響を懸念する国民に応えることであり、また今後の遺伝子組換え作物の環境影響を評価するための基礎的知見となりうる。

研究成果の概要(英文)：Transgenic oilseed rape has been identified as a native population in Japan and is the same species as existing oilseed rape in the country, so there is a possibility of genetic penetration of the transgene into the natural environment through hybridisation. However, vegetation surveys around harbours in Japan have not shown gene penetration for more than 10 years. Therefore, genotype analysis and hybridisation affinity studies were conducted to determine the association of nuclear and organelle genotypes and their combinations with hybridisation affinity between domestic native oilseed rape and recombinant oilseed rape. Polymorphism analysis of nuclear and organelle genomes classified them into multiple genotypes. Hybridisation affinity between oilseed rape plants with different genetic backgrounds was low. Future work will clarify the relationship between genotypes, their combinations and hybridisation affinities.

研究分野：遺伝育種学

キーワード：遺伝子組換えナタネ 遺伝子浸透 交雑親和性 ゲノム

## 様式 C - 19、F - 19 - 1 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

ナタネ (*Brassica napus*, AACCC) はアブラナ (*B. rapa*, AA) とキャベツ類 (*B. oleracea*, CC) の種間交雑で生じた植物が起源 (Allender and King 2010, Lu et al., 2019) とされる。その後世界各地に伝播し多様な品種が成立した。これまで、より詳細なナタネの起源推定に向けた核・オルガネラゲノムの多様性解析研究によりその実態が示されてきた。核ゲノムでは、合成 *B. napus* が 5 世代進む間に 38 本の染色体中 36 本に再編成が頻繁に生じ (Gaeta et al., 2007)、再編成は A・C ゲノム染色体間でも容易に生じた報告 (Szadkowski et al., 2010) があり、種成立後の核ゲノムの多様化が示唆されている。また、オルガネラのうちミトコンドリアゲノムは、*B. rapa* のミトコンドリアゲノムに似ているタイプとそれ以外の 2 タイプに分類されている (Handa et al., 1990, Handa 2007, Chang et al., 2011)。葉緑体ゲノムでは、*B. rapa* に似るタイプ、*B. oleracea* に似るタイプ、どちらでもないタイプの 3 つに分類されている (Perumal et al., 2018)。

現在、世界のナタネ栽培はカナダの油糧用遺伝子組換え (GM) ナタネが大部分を占める。日本では GM 品種の栽培はないが、輸入を開始して 17 年が経過した。一方日本には、かつて油糧用に栽培されたナタネ品種の逸出に由来する (清水ら 2008) 「自生ナタネ」が河川敷等に広く自生している。その近傍に GM ナタネ種子は国内でこぼれ落ちて植物体が生じ、共存することが報告されている (農林水産省 2018、環境省 2018)。自家和合性で基本的に自殖により種子を結実するナタネに種内交雑不親和性に関する報告はない。こぼれ落ちのように小規模花粉源のナタネ同士の自然交雑率は、近距離 (2m) で 2.3%、16m で 0.5%、75m で 0.007% と報告される (Zhang et al., 2018)。GM ナタネと自生ナタネ間が 50m 未満に共存する自生地 (環境省 2018) で、自生ナタネ 55 個体中 12 個体の結実種子から GM ナタネの導入遺伝子が検出された種内自然交雑の事実もある (農林水産省 2018)。こうした状況から多数の雑種が生じ導入遺伝子の遺伝子浸透が生じていると予想されるが、これまで 16 年間継続されたモニタリング調査で GM ナタネ由来の導入遺伝子を有する集団は確認されていない (Nishizawa et al., 2016, Katsuta et al., 2015)。

### 2. 研究の目的

日本に自生するナタネ、栽培品種として利用されているナタネ、および遺伝子組換え品種を材料として、核・オルガネラゲノム内の異なる分類の組合せおよび核・オルガネラゲノム間の交雑親和性と雑種の適応度を検証することで生殖的隔離障壁の要因を明らかにする。

### 3. 研究の方法

#### (1) ミトコンドリアゲノムの多様性評価

本研究ではナタネの自生系統のミトコンドリアゲノムの分類のための多様性解析を行う。ミトコンドリアゲノム解析は、ナタネミトコンドリアゲノムの特定の領域を増幅できるプ

ライマー対と実験条件を適用して行う。

#### (2)不親和性を示す組合せの同定

はじめに核またはオルガネラゲノム内で遺伝的に異なる分類がなされた系統間の人工交配を行う。次に、核 オルガネラゲノム間の交雑親和性評価として、核 - 葉緑体ゲノム間と、核 - ミトコンドリアゲノム間の人工交配を行う。さらに、オルガネラゲノム間として葉緑体 - ミトコンドリア間の交配組合せを評価する。交雑後、結莢性、結実性を評価して交雑親和性を明らかにする。

#### (3)不親和性を引き起こす要因の同定

『交雑段階で不親和性を示した組合せ』については、交雑時に生じた不親和性を引き起こす要因を同定するために、再度交配を行い、花粉の受精不能状態による隔離が生じる可能性または受精後の胚発生中に致死する可能性を明らかにする。『交配後特異的な不親和性の要因がなく種子が結実した組合せ』については、発芽特性、特に二次休眠の誘導により雑種種子が埋土集団を形成し、発芽しない可能性を検証する。また二次休眠が誘導されたかも評価する。さらに、草丈の矮化や、草勢の衰えなど雑種弱勢等の形質の有無についても育成して確認する。

#### 4. 研究成果

ミトコンドリアゲノムの多様性解析結果が得られている。栽培品種の中で、日本在来品種は海外品種よりも遺伝的多様性が低いことが明らかになった。また、不親和性を示す組み合わせが同定されており、(1)のゲノムの結果と合わせた不親和性への影響の解析を検討している。

さらに、実際に河川敷や港湾に自生していたナタネの核・葉緑体ゲノムの多型解析を実施し、結果を解析中である。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計1件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 堤 遥香; 柳 江莉那、大嶋 雅夫、大澤 良; 津田 麻衣
2. 発表標題 四日市港周辺河川敷における遺伝子組換えナタネと自生ナタネ間遺伝子流動の実態
3. 学会等名 日本育種学会第139回講演会
4. 発表年 2021年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------