

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 2年 6月 8日現在

機関番号：13901
研究種目：奨励研究
研究期間：2019
課題番号：19H00308
研究課題名：NGS 解析によるイネ穀粒品質関連遺伝子の同定

研究代表者

加藤 大和 (Kato Hirokazu)
名古屋大学・全学技術センター (農学)・技師

交付決定額 (研究期間全体) (直接経費) : 540,000 円

研究成果の概要:イネ穀粒の品質制御に関わる遺伝子に異常を持つ人為変異体 2 系統について、全ゲノム DNA のリシーケンシング解析を実施し、それぞれの変異表現型とアリル頻度とが高い相関を示すゲノム領域を同定した。アリル頻度のインデックスプロットから、*aal4* 変異体は第 10 番染色体の+1.4 Mb 付近に、*aal7* は同じく第 10 番染色体の+0.3 Mb 付近にピークを持つことが示された。これらの領域付近において、それぞれの変異表現型との関連が推察される遺伝子領域内に変異を持つアリルが何カ所か見つかったことから、今後は遺伝子破壊や機能相補試験等により、さらに変異体の原因遺伝子の同定を進める必要がある。

研究成果の学術的意義や社会的意義

イネの収量を制御する遺伝子についてはこれまでに数多くの報告がある一方で、コメの品質を左右する遺伝子の報告は非常に少ない。研究代表者はこれまでに *AAL1* と *AAL2* という 2 つの遺伝子がコメの胚乳形成に重要な働きを持つことを明らかにしてきた。本研究はさらに新たな変異体の原因遺伝子を同定し、*aal1*、*aal2* の知見と合わせて総合的にコメの発生過程と品質制御機構を分子レベルで理解しようとしたものである。今回の NGS 解析により、*aal4*、*aal7* の原因遺伝子が存在すると予想されるゲノム領域をそれぞれ明らかにしたことは、今後の解析を効率的に進める上で重要な意義を持つものである。

研究分野：ゲノム農学

キーワード：

コメ 品質 変異体 ゲノム解析

1. 研究の目的

近年日本では、夏期の異常な高温などによりイネ穀粒の大部分を占める胚乳が白濁するなどの品質低下が問題化している。本研究では、通常の栽培条件下でも遺伝的に乳白米を生じる 3 系統の人為的変異体について、それらの原因遺伝子候補の同定を目的とした。乳白米の発生過程を遺伝子レベルで理解することで、高温障害耐性イネ作出のための育種の方向性を提示することが期待できる。

2. 研究成果

遺伝的に乳白米を生じる人為変異体 *aal4* と *aal7* について、戻し交配により得られた BC1 種子を圃場で栽培し、胚乳が乳白色を呈した変異ホモと思われる F2 穀粒からゲノム DNA を抽出し、約 60 個体分のバルク DNA の全ゲノム配列を、次世代シーケンサーによるリシーケンシングにより決定した (MutMap 法^①)。ゲノム全体の変異アリルを抽出し野生型と比較することで、染色体上でアリル頻度が高い領域を特定し、変異形質の原因となる候補遺伝子の同定を試みた。アリル頻度のインデックスプロットから、*aal4* 変異体は第 10 番染色体の+1.4 Mb 付近に、*aal7* は同じく第 10 番染色体の+0.3 Mb 付近にブロードなピークを持つことが示された (図 1, 図 2)。

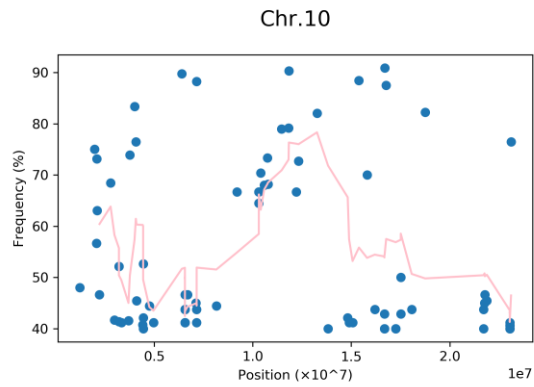


図 1. *aal4* index plot.

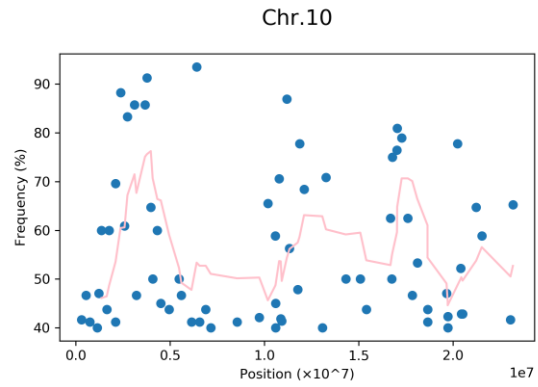


図 2. *aal7* index plot.

これらの領域内において、次世代シーケンサーから得られたリードのマッピング状況をゲノムブラウザを用いてアルゴごとに個別に確認したところ、*aal4*では snRNA の転写に関わる SNAP 複合体のサブユニットをコードする遺伝子の第 8 エクソン内に 4 bp のディレーションが、*aal7*ではアルデヒド酸化酵素遺伝子の第 10 エクソン内にアミノ酸の変化を伴う G から A への 1 塩基置換が、それぞれ高い頻度で存在していることが判明した。なお、当初同様な解析を予定していた変異体 *ase1* については、その後の解析により穀粒表現型が父方（花粉親）のみからしか次世代に伝達されないことが判明し、十分な解析個体数を得られなかったため、ゲノム解析を実施することが出来なかった。

本研究を実施することで、遺伝的に乳白米を生じる 2 つの変異体の原因遺伝子の候補遺伝子をそれぞれ同定することができた。今後はこれらの遺伝子の発現パターン解析、相補性検定、遺伝子ノックアウト作出など、さらなる解析が必要である。*aal2* 変異体を用いた先行研究において、植物特異的な rRNA プロセシング複合体の構成要素をコードする遺伝子の発現低下が、胚乳の白濁と部分的な形成不全を引き起こすというデータが得られており、今回新たに snRNA の転写に関わる因子が候補として見つかったことは非常に興味深い。

<引用文献>

- ① Abe, A. et al., Nature Biotech. (2012) Genome sequencing reveals agronomically important loci in rice using MutMap.

3. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 (計 0 件)

〔学会発表〕 (計 1 件)

- ① 加藤大和, 小林裕子, 小林一成, 北野英己, 武田真, 服部東穂. イネ胚乳変異体の分子遺伝学的解析. 日本植物生理学会 2020 年度年会.

〔図書〕 (計 0 件)

〔産業財産権〕

○出願状況 (計 0 件)

名称：
 発明者：
 権利者：
 種類：
 番号：
 出願年：
 国内外の別：

○取得状況 (計 0 件)

名称：
 発明者：
 権利者：

種類：
番号：
取得年：
国内外の別：

〔その他〕
なし

4. 研究組織

※科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。