

令和 5 年 6 月 21 日現在

機関番号：32648

研究種目：若手研究

研究期間：2019～2022

課題番号：19K15819

研究課題名(和文)ハスの開花期と開花数を制御している原因遺伝子機構の解明

研究課題名(英文) Identification of causal genes controlling the flowering period and numbers in *Nelumbo nucifera*.

研究代表者

石網 史子 (Ishizuna, Fumiko)

東京家政学院大学・現代生活学部・准教授

研究者番号：40772281

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,200,000円

研究成果の概要(和文)：独自の約150系統のハスの交配後代集団を作出し、地下茎を植え継ぎ維持管理している。開花期、開花数、花色、花弁数、葉の大きさ、葉柄の高さ、レンコンの重さや大きさ等の形質評価を複数年行った結果、形質が分離し本研究に有用であることが確認された。原因遺伝子座の同定のために、RAD-seqによるジェノタイピングおよび連鎖地図作成を行った結果を用いて予備的にQTL解析を行った。例えば花弁色(紅系 = 1, 白系 = 0の2値)については非常に効果の大きいQTLが第4染色体長腕部に検出されるという前向きな結果が得られた。今後は他の形質の解析を行い、QTLの検出および責任遺伝子の同定を目指している。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究の成果は、ハスのDNAマーカー選抜育種法の確立に寄与し、ハス育種の効率化および利用目的に合わせた育種への貢献が期待できる。また、ハスの研究のみならず他の植物種の育種研究にも応用可能な基礎的知見が得られると考えられる。将来的には本研究で用いている解析集団の地下茎を分譲し、公的な実験材料として提供するという方向での貢献も可能であると考えている。

研究成果の概要(英文)：A F2 population consisting of approximately 150 individuals was generated. Traits of flowering period, flower colors, petal numbers, leaf blade size, petiole heights were evaluated for multiple years and it was confirmed differed within population, therefore, this F2 population was useful for this research. To identified a putative candidate gene of traits, preliminary QTL analysis was performed using the results of RAD-seq genotyping and linkage mapping by RAD-seq. Positive results were obtained, for example, for petal color (red = 1, white = 0), a very effective QTL was detected on the long arm of chromosome 4.

研究分野：39010：遺伝育種科学関連

キーワード：ハス *Nelumbo nucifera* QTL解析 RAD-Seq ジェノタイピング DNAマーカー選抜育種法

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、研究者個人に帰属します。

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

ハスは農業・園芸的価値が高い作物である。肥大した地下茎(レンコン)が食用に花は観賞用に利用される。品種間交雑、自然変異体からの選抜によりそれぞれの目的に合わせた特性を持つ品種が作出され、主にアジアで広く栽培されている。ハスの開花期は品種によって、早・中・遅・断続型に分けられる。開花期間中の開花数は品種によって異なる。ハスの開花期や開花数の遺伝学的な研究は非常に限定的で未だ不明な点が多い。開花期、開花数はハスの農業的利用と育種において重要な基礎的知見である。本研究では、ハスの開花期と開花数を制御している原因遺伝子の同定およびそのメカニズムの解明を目指した。

2. 研究の目的

ハスは植物体が大きいため人工気象器や温室での栽培実験は困難であることなどから、先行研究におけるハスの変異体や組み換え植物体を用いた実験はほとんど例がない。花芽発達や開花期に関する研究は未解明の分野である。花芽形成や地下茎肥大に関連する研究は、遺伝子発現解析にとどまり、原因遺伝子座の同定はなされていない。ハスは、地下茎を植え継ぐ栄養繁殖が可能であるため交配後代集団を長期的に保存することができる。そのため、数年にわたる再現性実験の実施、得られた結果を踏まえた他の研究の実施などが可能である。これはハスを実験材料とするメリットである。本研究では、独自の交配後代集団を作出し、その集団内の形質評価、DNAマーカーを用いた RAD-Seq ジェノタイピングと QTL 解析(QTL=Quantitative Trait Loci: 量的形質遺伝子座)を行う。本研究の結果と情報はハスの DNA マーカー選抜育種法の確立に寄与し、ハス育種の効率化および利用目的に合わせた育種への貢献が期待できる。

3. 研究の方法

交配後代集団の作出: 露地でハスを種子から栽培する場合、春に播種し夏に開花する。品種によっては冬期の休眠を経て、翌年の夏まで開花しないことや、稔性が低い品種もある。そのため、交配後代集団の作出には4年から6年を要する。申請者は平成28年度より、本研究に適している交配後代集団の作出に着手していた。紅色の花を断続的に咲かせ稔性の高い「即非蓮」と、遅咲きで白色の花で稔性が低い「白君子小蓮」を交雑し得られた「紅君子蓮」は、薄紅色の花が断続的に多く咲き稔性が高い。「紅君子蓮」交配後代集団を大規模に継続的に栽培し、自家受粉し集団を維持することができる。

交配後代集団の形質評価: 独自に作出した交配後代約500個体を栽培し、開花期、開花数を指標とした形質評価を行う。

開花期、開花数に関する原因遺伝子座の同定: RAD-Seq ジェノタイピングは、DNA抽出、ライブラリー調整、シーケンシング、マッピングの順で行う。形質評価の結果と RAD-Seq ジェノタイピングの結果を用い QTL 解析を行う。QTL 解析を行うことにより、交配後代集団内で差異が確認された開花期と開花数の形質に関与する遺伝子が染色体のどこに、いくつあるか等の情報を得る。その結果を整理解析し、ハスの開花期と開花数を制御している原因遺伝子の同定とメカニズムの解明を目指す。

4. 研究成果

交配後代集団の作出: 交配後代集団は約500系統の育成を目指していたが、毎年一定数が枯死し、数十系統を毎年失う結果となった。そのため、継続的に「紅君子蓮」の自家受粉を行い、種子を採取し播種する作業も平行して行った。研究期間に約1000粒種子を得て、栽培し現時点では約150系統の集団を維持している。枯死する原因は、環境要因や病害虫によるものの他に、一定数は脆弱な個体ものがあった。種子は正常に登熟したが発芽しないもの、発芽後に葉が展開する前の初期段階で枯死するもの、冬期に地下茎がダメージを受け冬越しできなかった個体などがあつた。現在も維持できている個体は、安定して屋外で栽培が可能であり、これらの個体は枯死する頻度が低くなっている。これまでにハスの交配後代集団はなかったが(2022年に1例報告あり)、ハスの遺伝子発現機構の解明に有用な交配後代集団を作出した。

交配後代集団の形質評価: 開花期、開花数、花色、花弁数、葉の大きさ、葉柄の高さ、葉柄の棘、葉の表面のざらつき、レンコンの重さや大きさ等の形質を経年で形質評価した。それぞれの形質が分離することを確認している。

原因遺伝子座の同定: RAD-seqによるジェノタイピングおよび連鎖地図作成を行っており、これを用いて予備的に QTL 解析を行ったところ、例えば花弁色(紅系=1, 白系=0の2値)については非常に効果の大きい QTL が第4染色体長腕部に検出されるという前向きな結果を得ている(図1)。今後は他の形質についても解析を行い、作成した連鎖地図を用いて QTL 解析を行い、QTL の検出および責任遺伝子の同定を目指している。

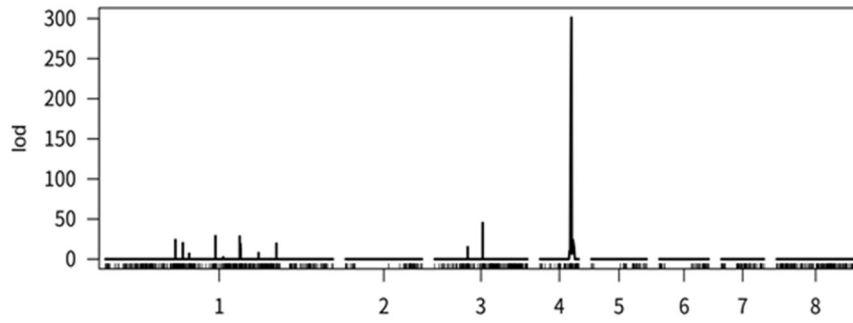


図 1. 花弁色の予備的 QTL 解析結果

横軸は染色体，縦軸は LOD 値を示す．第 4 染色体に非常に効果の大きい QTL が検出された．

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 石網史子, 葉雨昕, 白井篤, 堤伸浩, 有村慎一, 高梨秀樹
2. 発表標題 ハスの花の開閉に伴う花弁伸長と細胞形態の変化
3. 学会等名 日本植物形態学会
4. 発表年 2022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
---------	---------