

# イネにおける再生生長時の茎葉部生産性を 支配する遺伝子群の探索

田村佳浩

畜産学研究科畜産環境科学専攻草地学講座（修士課程1年）

## 1. 目的

飼料自給率の向上と休耕水田の有効利用の目的から飼料用イネの栽培が普及してきている。しかしながら、これまで子実を収穫対象として栽培されてきたイネでは、既存のイネ科牧草と比較して茎葉部生産性があまり高くない。また、刈取りを受けた後の茎葉部の再生量が少ないため、現状では多回刈栽培を行うことも困難である。申請者はこれまでの研究で、多数のイネ品種に刈取りを施し、その後の再生生長の特徴を調査した。その結果、刈取りを受けずに生長した場合よりも、刈取りを受けた後の再生生長において茎葉部の生産量が高くなる品種が存在することを明らかにした。このことは、イネのゲノム上に刈取り後の茎葉部の生産性を支配する遺伝子群が存在することを示唆している。そこで本研究では、イネの茎葉部生産性を支配する遺伝子群の探索を目的とし、交雑系統を用いた栽培実験により遺伝解析を行う。この研究の遂行により、多収性飼料イネや多回刈用飼料イネの育成にあたり重要となるイネの茎葉部生産に関わる遺伝的メカニズムの解明が行えると期待できる。

## 2. 材料および方法

再生生長時の茎葉部生産性が高い熱帯ジャポニカ品種「戦捷」と再生生長時の茎葉部生産性が低いジャポニカ品種「台中65号」のF11組換え自殖系統115系統をポット栽培した。育成個体数は各系統18とする。各系統の半数の個体は通常の生育を行わせ、もう半数の個体は出穂始期に刈取りを施した。刈取りは地際より5cmのところをはさみで切取ることで行った（図1）。収穫時に、通



図1 通常の生育を行っている個体（左）と、刈取り処理を施した個体（右）。刈取り処理により、地上部の約80%に相当する茎葉を取り除いた。

常の生育を行わせた個体と刈取りを施した個体の分けつ数を計測した。また、両植物における地上部生産量を計測した。

全ての個体から DNA を抽出した。マイクロサテライトマーカーを用い、通常の生育を行わせた個体と刈取りを施した個体について、それぞれ分けつ数、および地上部生産量に関する QTL 解析を行った。この実験を行うにあたり、DNA 分析用の実験試薬を必要とした。作成された両者の連鎖地図を照らし合わせ、検出される遺伝子の数や染色体上の位置を比較した。

### 3. 結果および考察

栽培を行った115系統のうち、3系統が刈取り処理後に枯死してしまった。そのため、分けつ数調査は112系統を対象として行った。また、初秋の低温のため、多くの系統において刈取りを行った個体が種子登熟まで生長を行うことができなかった。そのため、処理個体間における地上部生産量の比較を結果から除外した。

通常の生育を行った場合、台中65号の分けつ数は $13.0 \pm 2.3$ 本、戦捷の分けつ数は $15.9 \pm 2.2$ 本で、台中65号よりも戦捷の方が多くの分けつを分化させた。しかし、刈取り処理を施した場合、再生後の台中65号の分けつ数は $12.3 \pm 2.2$ 本、戦捷の分けつ数は $8.7 \pm 2.1$ 本で、戦捷よりも台中65号の方が多くなった。刈取り処理を受けることによる台中65号の分けつ数の変動（通常生育時の分けつ数／刈取り処理時の分けつ数）は0.94、戦捷の分けつ数の変動は0.55となり、台中65号では刈取り処理を受けても分けつ数はほとんど変化しないが、戦捷では分けつ数が半減することが分かる。

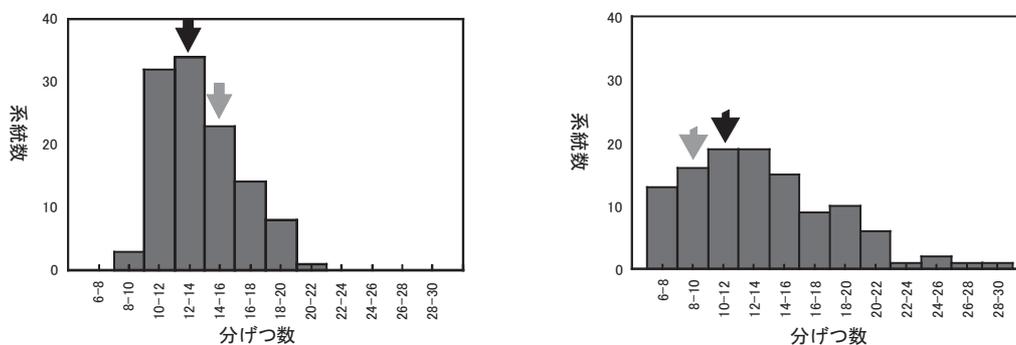


図2 F11組換え自殖系統における通常の生育を行った時（左）、および刈取り処理を施した時（右）の分けつ数の変異。グラフ中の黒矢印は、親系統である台中65号の値が含まれる階級を、灰色矢印は戦捷の値が含まれる階級をそれぞれ表す。

F11交雑自殖系統内の分けつ数の変異を見ると、通常の生育を行った場合その値は8.0本から21.8本の範囲をとり、平均 $13.6 \pm 2.7$ 本であった（図2）。交雑自殖系統内の変異が連続的となることから、分けつ数は複数の遺伝子群により支配されている形質であることがわかる。また、刈取り処理を施した場合、分けつ数は6.0本から28.6本の範囲をとり、平均 $13.5 \pm 4.8$ 本であった（図2）。刈取り処理を施すことにより、分けつ能力の高い系統と低い系統の差が顕著化することが分かる。刈取り処理を受けることによる分けつ数の変動を見ると、0.49から1.84の範囲の値をとり、平均は $1.0 \pm 0.3$ であった（図3）。すなわち、刈取りに対する反応は系統間に大きな差があり、刈取り処

理を受けることで、通常の生育時よりも分けつ数が半数に減少してしまうものから、2倍近くまで増加するものまでが見い出せた。

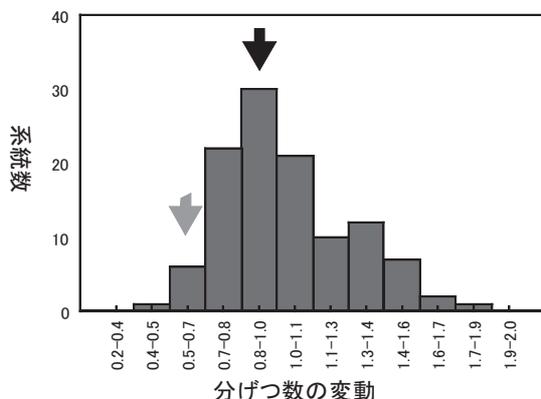


図3 F11組換え自殖系統における、刈取り処理を受けることによる分けつ数の変動。グラフ中の黒矢印は、親系統である台中65号の値が含まれる階級を、灰色矢印は戦捷の値が含まれる階級をそれぞれ表す。

マイクロサテライトマーカーを用いた解析の結果、52個のマーカー座を染色体地図上に配置することができた。この染色体地図を基にフリーウェアソフトのMapMaker QTLを用いて、通常の生育を行った場合の分けつ数、刈取り処理を施した場合の分けつ数、および刈取り処理を受けることによる分けつ数の変動についてのQTL解析を行ったところ、いずれの形質についても有効な遺伝子座を見出すことができなかった。この結果は、イネの染色体基本数12に対し、用いたマイクロサテライトマーカーが52個しかなく、1染色体あたりの座上マーカー数が少なかったことに起因すると思われる。

本研究で用いた交雑自殖系統は、分けつの分化特性について多様な変異を内在しており、イネの茎葉部生産性を支配する遺伝子群の探索を行う上での有用な材料になると考えられる。今後は、本研究において調査を行った一連の形質について気象の異なる年次間の変異を追うとともに、QTL解析を緻密に行うため、より多くのマイクロサテライトマーカーの数をを用いた精度の高い染色体地図の作成を行っていく予定である。また、本研究の結果では、分けつの数について、F11交雑自殖系統内に両親の特性に対して超越分離を示す個体が多数見つかった。今後は、これらの個体について詳細な遺伝子構成の解析を行っていくとともに、他の栽培イネとの交雑を行い、新たな分離系統の作成を行っていく予定である。

キーワード：飼料イネ, 刈取り, 分けつ, QTL 解析