

# 種間交雑により誘発される新規形質の獲得機構とその育種利用

京都府立大学生命環境科学研究科・講師 森本 拓也

## ■ 目的

作物の育種において、従来から行われてきた同一種同士の交雑から生じる多様性は限界を迎えつつあり、新しい変異を生み出すための技術革新が求められている。ゲノム編集等の遺伝子改変技術は、一部の作物種では大きな成果を挙げているが、食品への応用は未だ社会的な抵抗が大きい。この点において種間交雑は、従来型の交配ベースの手法ではあるが、種の壁を越えた自由な交雑を可能にすることで多様性を飛躍的に増加させる技術である。さらに近年の報告からは、種間交雑がゲノムやトランスクリプトームの大規模な変化を引き起こして、従来からは想像できない新規形質を発現誘導する可能性が見出されている。この現象は、異なる種のゲノムが混じり合うことによって、親種で発現しない遺伝子や形質が雑種世代に出現するものと説明できるが、作用機作は全く解明されていない。本研究では、果樹の雑種系統をモデルとして、香気成分の分析やゲノム・トランスクリプトームの解析を行い、雑種化に伴う多様化の遺伝基盤の解明を試みた。

## ■ 方法

バラ科果樹の雑種であるニホンナシ×マルメロの属間雑種1系統(KxM)と親品種を供試した。成熟果実を収穫して果肉部の香気成分をGC-MSによって分析した。また、果肉由来のmRNA-seqデータを取得して、親子間での発現を比較した(5倍以上の発現差異を検出)。KxMおよびニホンナシとセイヨウナシの種間雑種品種‘太平洋’のDNA-seq解析を行い、親種と雑種系統で多型の分布を比較することで、ゲノム配列の挿入・欠失の有無を推定した。

## ■ 結果および考察

香気分析では、雑種個体に特異的あるいは成分量の多い複数の物質を確認することができた。これらには、果実香やグリーンな香りに寄与する成分が含まれており、雑種個体で確認されているトロピカル様の香気特性に関与する候補物質として有力であると考えられる。

新規香気成分が生成される要因として、果実中の発現遺伝子パターンの変化が考えられたため、ニホンナシ親あるいはマルメロ親のどちらとの比較においても発現が変動する遺伝子の探索を行った。その結果、KxMの果実では190個の遺伝子が発現上昇、145個の遺伝子が発現低下していた。GOエンリッチメント解析を行うと、KxMで発現上昇した遺伝子群にはオルガネラ関連のGO termが多く蓄積することが確認された。また、発現変動遺伝子の中にはオーキシン関連遺伝子や香気成分であるテルペンの合成に関与する遺伝子が含まれており、雑種個体の香気特性との関連を詳細に解析していく必要がある。DNA-seq解析による親子比較では、複数の染色体において、親種では検出されが雑種個体では検出されないゲノム領域の存在が示唆された。

## ■ 結語

本研究では、バラ科果樹の種間・属間雑種を用いて、雑種化に伴う遺伝子発現ならびにゲノム構造の変化を解析することで、新規形質の獲得に寄与する分子機構の解明を試みた。その結果、雑種化に反応して発現変動する候補遺伝子群やゲノム構造の大規模変化の可能性を見出した。さらに、新規香気成分の検出によって形質多様化の一端を明らかとすることができた。バラ科果樹で作出されている複数の雑種個体を解析に加えることで、雑種化に共通する反応の一般性についても検証を進めて行く必要がある。