

[成果情報名]新規二倍体フェストロリウムにおける顕著な染色体構造変異

[要約]イタリアンライグラス×トールフェスクの後代において、フェスク特異的染色体領域は検出されないが、顕著な染色体構造変異が観察される。ライグラス染色体は、フェスクとの交雑によって、変異原を用いずに改変が可能であることが明らかとなった。

[キーワード]フェストロリウム、染色体構造変異、FISH、GISH

[担当]東北農業研究センター・畜産飼料作研究領域

[代表連絡先]電話 019-643-3563

[研究所名]東北農業・畜産

[分類]研究成果情報

[背景・ねらい]

フェストロリウムは栄養価の高いライグラス属と環境耐性に優れたフェスク属との交配雑種である。イタリアンライグラス ($2n = 2x = 14$) とトールフェスク ($2n = 6x = 42$) 間の雑種の場合、F1 世代では四倍体であるが、次世代以降では二倍体から六倍体程度まで、様々な倍数性の後代を生じる。フェストロリウム品種は四倍体、六倍体が多く、二倍体のフェストロリウム品種はわずかである。高倍数性の品種では染色体数が安定せず、例えば四倍体品種の「パウリタ」は個体間で異なる染色体数 (27-29 本) を示すなど、世代間で遺伝的に安定しないことが危惧されている。我々はイタリアンライグラス×トールフェスクの F2 世代 267 個体からフローサイトメトリーで選抜された二倍体 69 個体を放任授粉し、得られた F3 世代 1350 個体から夏の草勢が良く、採種性の高い 4 個体を選抜し、F4 世代 400 個体から記録的猛暑を示した 2010 年の夏以降に生存した 7 個体 (DF1 から DF7) を得た。本研究は、これらの新規二倍体フェストロリウムについて、そのゲノム構造を分子細胞学的手法によって明らかにすることを目的とする。

[成果の内容・特徴]

1. DF1 から DF7 の全個体は $2n = 2x = 14$ であり、異数体は存在しない。
2. ゲノミック *in situ* ハイブリダイゼーション (GISH) 法によるゲノム解析の結果、DF1 から DF7 ではフェスク特異的染色体領域は検出されない。フェスク (赤色) とライグラス (緑色) の両方に共通な領域は、染色体上に黄色のバンドとして検出される。DF2 のみ、黄色のバンドを二本持つ染色体が観察される (図 1)。
3. 蛍光 *in situ* ハイブリダイゼーション (FISH) 法によって、フェスク、ライグラス共通領域には、植物種間で保存性の高い 45S rDNA がマッピングされる。
4. DF2 における二つの 45S rDNA サイトを持つ染色体は他の染色体よりも長く、異常な染色体組換え、染色体断片の転座または挿入によって染色体構造が変異している (図 2)。5S、45S rDNA は相同染色体の有無にも差がある。

[成果の活用面・留意点]

1. DF2 における染色体構造変異は、放射線や化学物質等の変異原を用いずに、フェスクとの交雑によってライグラス染色体の改変が可能であることを示唆する。
2. DF2 における変異染色体をホモに持つ個体を作成、表現型特性を解析することで、有用育種母材となる環境ストレス耐性等を示すライグラス型二倍体フェストロリウムを得られる可能性がある。
3. GISH 法によってフェスク特異的染色体断片は検出されなかったが、GISH 法の感度では検出できないサイズのフェスク断片が挿入されている可能性がある。

[具体的データ]

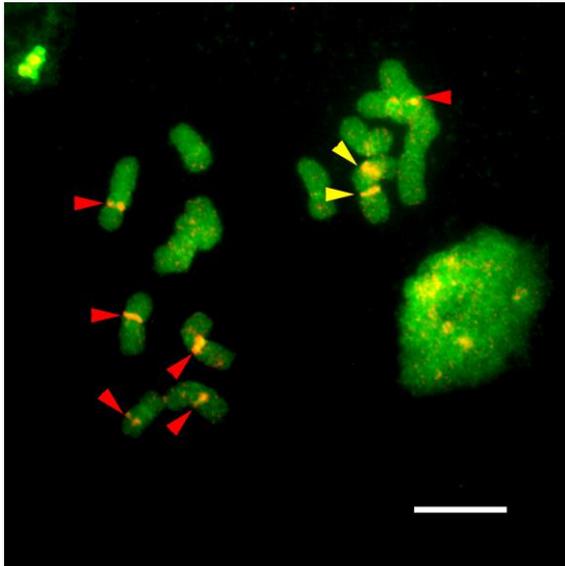


図1 DF2における GISH の結果
 緑色はライグラスのゲノム領域、黄色はフェスク、ライグラス共通領域を示す。赤矢印は一染色体上の一つの共通領域バンド、黄矢印は一染色体上の二つの共通領域バンドを示す。バー=10 μ m。
 DF2以外の6個体には黄矢印で示されるような染色体は観察されない。

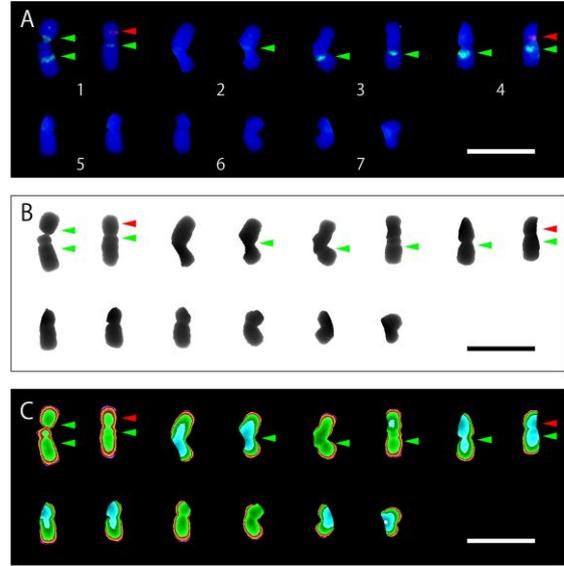


図2 5S と 45S rDNA のプローブを用いた FISH による DF2 の染色体解析
 A：蛍光色素 DAPI で染色された染色体上にマッピングされた 5S rDNA (赤色) と 45S rDNA (緑色)。
 B：A の DAPI 染色反転画像
 C：A の染色体凝縮度を明確にするための擬似カラー
 赤矢印は 5S rDNA のシグナル、緑矢印は 45S rDNA のシグナルを示す。
 バー=10 μ m。
 45S rDNA シグナルを二ヶ所持つ染色体は、他の染色体と比べて顕著に長い。

(秋山征夫)

[その他]

中課題名：水田・飼料畑・草地の高度利用を促進する飼料作物品種の育成

中課題番号：120b0

予算区分：交付金

研究期間：2003～2012 年度

研究担当者：秋山征夫、木村健智（長岡技大）、久保田明人、藤森雅博、山田-秋山仁美（岩手大学）、高原美規（長岡技大）、上山泰史

発表論文等：Akiyama Y. et al. (2012) Genome 55:599-603