

玄米カドミウム濃度を制御する新規の遺伝子座の同定

[要約]

玄米のカドミウム集積に関わる遺伝子座 (QTL) を、第 7 染色体の短腕側に同定しました。この QTL は銅、鉄、マンガン、亜鉛の必須重金属の玄米集積には関与せず、カドミウム濃度のみを特異的に高めることがわかりました。

[背景と目的]

玄米のカドミウム (Cd) 濃度は品種間で大きく異なりますが、その差異を支配する遺伝子の存在は未だ明らかではありません。Cd は重金属であるため、亜鉛や鉄等のミネラル重金属と共通の遺伝子によって玄米まで輸送されている可能性があります。そこで本研究では、水稻の玄米 Cd 濃度に関与する遺伝子座を特定するとともに、他の必須重金属との遺伝的な関連性の有無も調査しました。

[成果の内容]

玄米 Cd 濃度の低いジャポニカ品種「ササニシキ」と高いインディカ品種「ハバタキ」を交配した子孫たち（厳密には戻し交雑自殖系統群で 85 の系統数）を Cd 汚染圃場で栽培したところ、玄米 Cd 濃度は連続的な頻度分布を示すことがわかりました（図 1 左）。このようなパターンの場合、玄米 Cd 濃度は複数遺伝子の効果の組み合わせによって決まるものと考えられます。それら遺伝子が存在する染色体の座位 (QTL と略す) を特定するには、染色体全体に分布する多数の DNA マーカー（ゲノム上の目印）を用いた QTL 解析という統計遺伝学的手法が有効です。この手法により、第 2 と第 7 染色体上に「ハバタキ」の遺伝子型で玄米 Cd 濃度を高める QTL を見つけました（図 1 右）。特に第 7 染色体上の QTL は大きな遺伝効果があると予想されるため、以後この QTL に焦点を絞りました。

第 7 染色体に存在する QTL の位置を確認するために、「ササニシキ」の第 7 染色体のみに「ハバタキ」の染色体断片を移入した 3 つの系統 (SL422, 423, 424) の玄米 Cd 濃度を測定しました（図 2、Cd 汚染土壌での栽培）。その結果 SL422 系統のみで高く、図 1 に示した QTL のピーク位置と対応させると、目的とする QTL はマーカー RM7273 近傍にあることが推定されました（図 2）。さらに SL422 の玄米重金属濃度は、Cd 以外「ササニシキ」とほぼ同じであることから（図 2 中の表）、玄米の Cd のみを特異的に高める新規の QTL (*qGCd7* と命名) であることがわかりました。

qGCd7 の遺伝子単離に向けて、現在までにマーカー RM21251-RM21327 間の約 1.65Mb まで QTL 領域を絞り込むことに成功しています（図 3）。

今後 *qGCd7* の遺伝子単離により、玄米 Cd 濃度の遺伝的制御機構の解明が期待されます。

本研究は農林水産省の委託プロジェクト研究「新農業展開ゲノムプロジェクト」による成果です。

リサーチプロジェクト名：重金属リスク管理リサーチプロジェクト

研究担当者：土壌環境研究領域 石川覚、安部匡、倉俣正人、山口誠之（（独）農業・食品産業技術総合研究機構東北農業研究センター）、安藤露（（社）農林水産先端研）、山本敏央（（独）農業生物資源研究所）、矢野昌裕（（独）農業生物資源研究所）

発表論文等：Ishikawa *et al.*, J. Exp. Bot., 61:923-934 (2010)

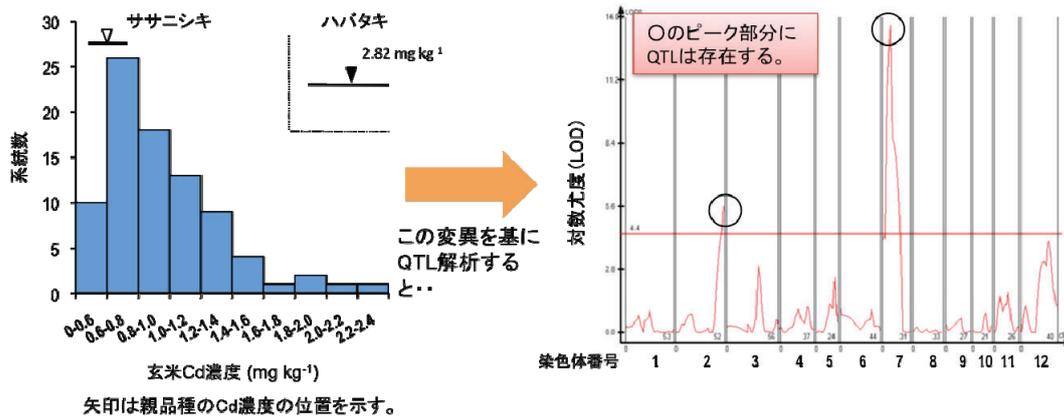


図1 玄米 Cd 濃度の頻度分布 (左) と QTL 解析 (右)

ササニシキとハバタキを交配した子孫 (系統) の玄米 Cd 濃度は連続的な変異でした。その変異を基に QTL 解析すると、第2と第7染色体にインディカ型で玄米 Cd 濃度を高める QTL が見つかりました。特に第7染色体の QTL は、高い LOD を持ったため、大きな遺伝効果があると予想し、以後第7染色体に焦点を絞りました。

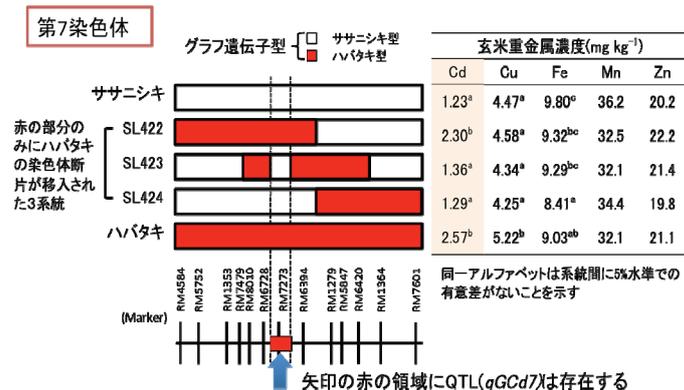


図2 玄米 Cd 濃度の QTL の存在確認と他の必須重金属との関係

第7染色体のみにハバタキの遺伝子型がある系統で、QTL の存在を確認しました (矢印部分の領域)。また、この QTL (*qGCd7* と命名) は玄米 Cd 濃度のみを高めることがわかりました。

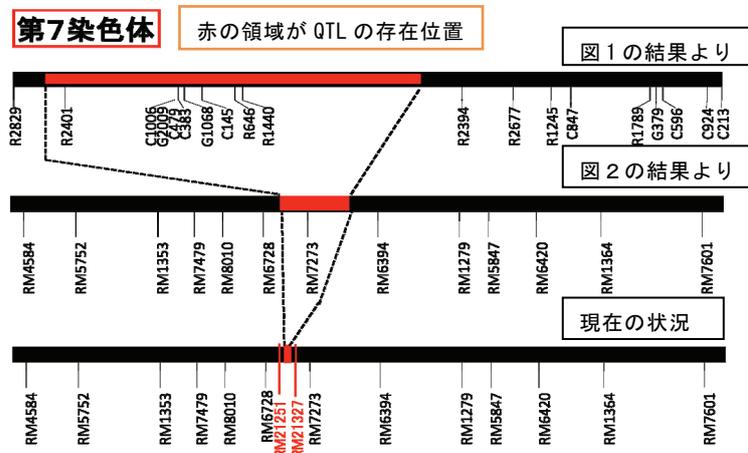


図3 玄米 Cd 濃度に関与する QTL のファインマッピング

第7染色体にある *qGCd7* の遺伝子単離に向けて、今のところ、一番下の赤の領域 (マーカー位置 RM21251-21327 の約 1.65Mb 内) まで狭めています。