

Title	Cytogenetic studies on genome differentiation in the genus oryza(Abstract_要旨)
Author(s)	Uozu, Sakurako
Citation	Kyoto University (京都大学)
Issue Date	1998-07-23
URL	http://hdl.handle.net/2433/182410
Right	
Type	Thesis or Dissertation
Textversion	none

氏 名	魚 津 桜 子
学位(専攻分野)	博 士 (農 学)
学位記番号	農 博 第 1016 号
学位授与の日付	平成 10 年 7 月 23 日
学位授与の要件	学位規則第 4 条第 1 項該当
研究科・専攻	農学研究科農学専攻
学位論文題目	Cytogenetic studies on genome differentiation in the <i>genus oryza</i> (イネ属のゲノム分化に関する細胞遺伝学的研究) (主査)
論文調査委員	教授 池 橋 宏 教授 杉 浦 明 教授 遠 藤 隆

論 文 内 容 の 要 旨

本論文は、イネ属におけるゲノム分化について細胞遺伝学的観点から解析を行ったものである。イネ属のゲノム分化をゲノムサイズの変異として明らかにし、ゲノム分化における反復配列の実態について観察するとともに、異種間雑種におけるゲノムの動態およびその遺伝的特性について解析することによって、雑種ゲノムの構築過程を明らかにしようとした。以下はその要約である。

1) ゲノムタイプが同定されている19種すべての核DNA量をフローサイトメトリーによって調査し、ゲノムサイズの種間変異を明らかにした。二倍体種の間には大きな変異がみられたのに対し、複二倍体種の間には変異が認められず、総じてゲノムサイズの変異はゲノムタイプの変異に対応していた。このことから、イネ属のゲノム分化は主として祖先二倍種の多様化に起因するものと推定した。また、同一のゲノムタイプに属する種は形態的特徴および地理的分布に相違がみられる場合でも極めて近似したゲノムサイズをもつことが明らかになった。

2) 5種類のゲノムタイプ(A, B, C, E, F)に属する二倍体種の間には、体細胞分裂期染色体の大きさに関しても大きな変異が認められた。また、ゲノムタイプに特異的な反復配列の染色体上における分布様式を蛍光 *in situ* ハイブリダイゼーション(FISH)法によって検出した結果、ゲノムサイズが最大の値を示した*O. australiensis*(Eゲノム)では、Eゲノム特異的反復配列が染色体全体に分布していたのに対し、ゲノムサイズが最小の値を示した*O. brachyantha*(Fゲノム)では、Fゲノム特異的反復配列の分布が染色体上の特定の領域に限られていた。これらのことから二倍体種においては、種特異的な反復配列の分化が染色体形態ならびにゲノムサイズの変異に大きな役割をもつことが明らかになった。

3) 個々の種におけるゲノムの特性および異種ゲノム間の雑種細胞におけるゲノムの構築機構を解明するために、各ゲノムの細胞周期および染色体の複製様式を明らかにする必要があるとの観点から、細胞周期および染色体複製様式の解析法について検討した。オオムギにおいては、DNA複製の晩期に複製される領域を染色体上のバンド部位として同定することができた。この晩期複製バンド部位では染色体転座によっても複製時期が変化しないことから、染色体部位の複製時期は当該部位の構造的特徴と密接に関与していることが示唆された。また、オオムギの全染色体の晩期複製部位をバンドパターンとして同定し、それとC-分染パターンとの類似性を明らかにした。

4) 染色体複製部位の検出による細胞周期解析法を用いて、イネ属の異なるゲノムタイプに属する2種(*O. australiensis*, *O. sativa*)のゲノム、およびそれらの間の交雑による雑種ゲノムの細胞周期に関する特性について解析した。*O. australiensis*の細胞周期時間は*O. sativa*の細胞周期時間の約2倍であり、両種間のゲノムサイズの差と一致した。ゲノムサイズの増加によって細胞周期におけるDNA複製および染色体凝縮に要する時間が延長すると示唆された。両種間の雑種F₁細胞では、各親由来の染色体がそれぞれ自律的なタイミングで凝縮を行っていた。細胞周期に関するこのようなゲノム間差異が雑種における異種ゲノム間の不親和性の要因であると考えられた。

5) *O. sativa*-*O. australiensis*間の交雑の後代における染色体伝達の過程をFISH法を用いて解析した。戻交雑後代にお

いては、配偶子選択あるいは非還元分裂によるとみられる *O. australiensis* 染色体の選択的伝達が観察された。一方で、異種染色体間の遺伝的組換えおよび選抜による染色体領域の置換は、戻交雑後代の自殖初期世代において既に進んでいることが明らかになった。したがって、異種ゲノム間の交雑では、特殊な染色体伝達を起こす機構が存在すると示唆された。このように交雑後の各世代の染色体伝達の過程を探索することにより、浸透交雑育種の効率化が期待されることを併せて示した。

6) *O. sativa* の亜種分化に関して、亜種間交雑後代における45S rDNA領域の伝達様式を解析した。rDNA領域は、亜種間で染色体上の座位数、および座内における反復コピー数の双方に変異がみられ、各座位は独立の遺伝子座として後代に遺伝した。

論文審査の結果の要旨

イネ属のゲノム分化に関する研究は、形態的特徴による系統分類学、および異種染色体間の対合の観察によるゲノム分析を基礎として古くから行われてきた。近年、イネゲノムに関する分子レベルの解析が進み、ゲノム分化の過程におけるその内部構造の変異を明らかにすることが可能となった。このため、新しい観点と手法からゲノムの分化過程を解析することが試みられている。以上のような背景から、本論文は、イネ属におけるゲノム分化の過程を、塩基の反復配列および複製過程の面から解析したものであり、評価すべき主な点は以下の通りである。

1. ゲノムタイプが既知のイネ属全19種についてゲノムサイズを明らかにし、その変異がゲノムタイプの分化に対応していることを示した。これによりイネ属のゲノム分化が主として祖先二倍種における変異に起因していることを推定した。
2. 二倍体種間にみられるゲノムサイズならびに染色体形態の変異には、種特異的な反復配列の増幅が大きな役割を持つことを明らかにした。
3. 細胞周期および染色体複製に着目した新しいゲノム解析法の有用性を検討した。これにより、オオムギ染色体の晩期複製部位をバンドパターンとして同定し、染色体上の各領域の複製時期がその領域の構造と密接に関係していることを示した。
4. 異種ゲノム間に見られる細胞周期の差異を検討し、細胞周期におけるDNA複製および染色体凝縮に要する時間の異種間での不一致が雑種における異種ゲノム間の不親和性の要因であることを示唆した。また、異種ゲノム間の交雑後代における染色体伝達の過程をFISH法によって解析し、特殊な染色体伝達機構の存在を示唆した。
5. *O. sativa* における45S rDNA領域の変異と、*O. sativa* の亜種間交雑後代における同領域の遺伝様式を解析することによって、反復配列の種内変異を例示した。

以上のように、本論文は、イネ属のゲノム分化について種々の観点から分析し、イネゲノムの変異の実態と交雑による雑種ゲノムの構築に関する基礎的な知見を加えるとともに、育種における新しい細胞遺伝学的手法の有用性を提示したものであり、植物育種学および栽培植物の種分化の研究に寄与するところが大きい。

よって、本論文は博士（農学）の学位論文として価値あるものと認める。

なお、平成10年6月15日、論文並びにそれに関連した分野にわたり試問した結果、博士（農学）の学位を授与される学力が十分あるものと認めた。