

環境とバイオテクノロジー
2020 年度採択研究者

2020 年度 年次報告書

吉田 悠里

情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所
特任研究員

野生イネ種子における二次代謝産物を介した植物-微生物間相互作用の
分子基盤の解明

§ 1. 研究成果の概要

本研究課題では、野生イネ遺伝資源の保持する多様性を利用し、休眠種子の微生物の侵入・感染防御に関わる遺伝的要因及び植物分子(抗菌性二次代謝産物)を明らかにする。2020年度は、まず野生イネ遺伝資源や野生イネ染色体断片置換系統について、微生物に対する化学的防御形質を評価した。形質評価は、種子保護器官である籾殻由来の粗抽出物を調製し、微生物(*Escherichia coli*)に対する生育抑制活性(抗菌活性)を比色法で定量することにより行なった。遺伝研が保有する野生イネ遺伝資源のうち、多様性を最も幅広くカバーするコアコレクション Rank1 に含まれる 18 種、41 アクセッションについて、各アクセッションの抗菌活性を調査した。その結果、種子の抗菌活性は種間および種内で多様であること、特に栽培イネと同じ AA ゲノム(染色体構成)をもつ近縁野生イネでは種内の多様性が大きく、高い抗菌活性を示すアクセッションが存在することが明らかになった。そこで、近縁野生イネの種子の化学的防御に関わる遺伝的要因を明らかにすることを目的として、近縁野生イネ 3 品種(*O. rufipogon*, *O. glumaepatula*, *O. meridionalis*)の染色体部分置換系統群(wCSSLs) 5 集団を対象として、QTL 解析を行うための抗菌活性評価を行なった。その結果、各集団において系統間で抗菌活性の違いが検出され、系統間の活性の違いに関わる遺伝子領域の候補が得られた。さらに、ゲノム配列情報が取得済みの *O. rufipogon* 約 300 系統について、系統間の抗菌活性に基づく GWAS 解析を行うための籾殻素抽出物の調製を行なった。