

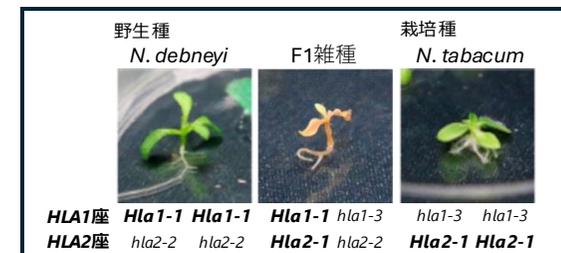
背景

地球温暖化や人口増加による作物生産の不安定化と食料問題が懸念されている。この問題に対処するためには、**気候変動に強い作物の開発が必要**であり、品種改良には**交雑育種**が広く利用されている。

野生種は栽培種にはない有用な特性をもつことが期待され、遺伝資源として注目されている。縁の遠い種との**種間交雑**は異なる種からこれらの有用な遺伝子を導入し、**作物の耐性や適応性を向上させることが可能**である。しかし、種間交雑では**生殖隔離機構**によって交雑育種が困難である場合が多く、これを**打破する技術が求められている**。

タバコ(Nicotina)属における研究の現状

- タバコ(Nicotiana)属植物では、栽培種*N. tabacum*と野生種と間での**様々なタイプの生殖隔離が存在**
- その一つである**雑種致死**は生育途中で雑種が**遺伝的に致死する現象**
- 野生種の**Hla1-1**と*N. tabacum*の**Hla2-1**の相互作用で引き起こされる
- **Hla2-1**は同定・単離されている
- **Hla1-1**は同定・単離されていない



タバコ属の雑種致死の遺伝様式

目的

雑種致死メカニズムの解明を最終目標として、*Hla1-1*の同定のために**HLA1の遺伝的マッピング** (染色体のどの領域に原因遺伝子があるかを探す)

方法

バルク解析

表現型によって個体をグループ(バルク)に分類し、バルク間で遺伝的な差異を比較することで関連する染色体領域を特定

バルク解析に用いた植物材料

連鎖解析

遺伝子とDNAマーカーとの位置関係を推測し、遺伝子がどの染色体領域にあるかを特定

連鎖解析に用いた植物材料

結果

HLA1のマッピング

今後の展望

- その後の解析により候補領域をさらに狭め、**候補遺伝子を8個にまで絞り込んだ**
- ゲノム編集により遺伝子を破壊することで**どの遺伝子がHLA1であるかを検証している**
- 原因遺伝子が明らかになれば、その遺伝子が雑種致死を引き起こすメカニズムを解明する