

ホウレンソウから見出された性決定遺伝子に関する

連鎖マーカー開発及び対立性検定

植物育種科学講座 遺伝子制御学分野

山本 和輝

【背景・目的】ホウレンソウ (*Spinacia oleracea* L.) は雌雄異株として知られているが、雌株と雄株の他にも雌花と雄花或いは両性花が様々な比率で混在する多様な間性（両性）株が見出される。ホウレンソウが示す多様な「性」は F₁ ハイブリッド採種の際には受粉制御に利用される重要な農業形質である。現在、効率的なホウレンソウハイブリッド育種開発システムの構築に向けて、性決定機構を解明することが重要な課題となっている。

これまでに、ホウレンソウから見出される多様な性を決定づけている遺伝的機構の解明に取り組んできた。その結果、間性の発現を支配する不完全優性遺伝子 M を同定し、間性遺伝子 (M) は雌/雄を決定づける一対の遺伝子 (X/Y) と同一連鎖群に座乗することを明らかにした。本研究では、間性遺伝子 (M) および雄性決定遺伝子 (Y) に関する対立性検定に加えて、染色体上における両性決定遺伝子の座乗位置の関係について明らかにすることを試みた。

【方法】雌雄異株系統 03-009 および間性固定系統 03-336 を用いて、 X/Y 遺伝子と間性遺伝子の対立性を調査するための検定交雑後代 03-009♀×(03-336×03-009♂) を育成した。この検定交雑後代の性型に関して雌花率（1 個体当たりの雌花の割合）に基づく評価を行い、雄株（雌花率 0%）、間性株（>0%～<100%）および雌株（100%）に分類した。 X/Y 遺伝子と間性遺伝子の対立性の検証は、当該検定交雑後代の性型の分離様式に基づいて行った。次いで、性決定遺伝子に連鎖する 7 個の STS マーカーを開発し、前述の検定交雑後代をマッピング集団として用いて分子連鎖地図を作製した。

【結果及び考察】間性遺伝子が Y の対立遺伝子であると仮定した場合、検定交雑後代 03-009♀×(03-336×03-009♂) は雄株および間性株が 1:1 に分離することが期待される。対照的に、間性遺伝子が Y と連鎖関係と仮定した場合、検定交雑後代からは雄株および間性株に加えて雌株が現れることが期待される。検定交雑で得られた 2 つの後代集団における性型を調査した結果、いずれにおいても雄株および間性株の他に雌株が見出され、間性遺伝子 (M) が Y と連鎖関係にある可能性が示唆された。この集団を用いて、7 個の性連鎖 STS マーカーおよび既知の SSR マーカー (SO4) のマッピングを行った。その結果、全長 29.2 cM の分子連鎖地図が構築された。この地図において両性決定遺伝子 (Y および M) は 12.1 cM 離れており、SO4 を挟んで互いに反対側にマップされた。今後は Y および M のポジショナルクローニングに向けて、両遺伝子に密接する分子マーカーの開発が予定されている。