

ハウレンソウ性決定遺伝子座の構造解析

植物育種科学講座 遺伝子制御学分野

織田 祐二

【目的】ハウレンソウは雌雄異株の作物であり，雌性および雄性は F1 品種の種子生産（F1 採種）において受粉制御に利用される重要形質である．ハウレンソウの F1 品種開発の効率化に不可欠な基盤として，性決定に関わるゲノム領域の情報を整備することが求められている．

ハウレンソウの性決定様式は雄ヘテロ型（XY）であるが，哺乳類における XY 染色体のような異型染色体ペアを持たない．筆者らは，これまでに分子マーカーを用いた連鎖解析を通じて，ハウレンソウの雄性決定遺伝子の周辺は組換えが抑制されて雄特異的な領域になっている可能性を見出した（未発表データ）．本研究では，ハウレンソウの雄特異的ゲノム領域の一部をカバーする BAC コンティグの構築と BAC クローンのシーケンス解析を試みた．

【材料および方法】雄性と共分離する 6 個の SCAR マーカー（雄特異的マーカー）を用いて，雌雄異株系統 03-009 の雄株に由来する BAC ゲノムライブラリーから雄特異的ゲノム領域をカバーするクローンを選抜した．各 BAC クローンの末端配列の情報に基づいて，BAC コンティグを構築した．さらに，選抜された BAC クローンの中から，7 個を選んでそれらの全長配列を決定した．

【結果および考察】6 個の雄特異的マーカーを用いて系統 03-009 の雄株に由来する BAC ゲノムライブラリーを選抜した．さらに低コピーの BAC 末端配列から新たに BAC ライブラリーを選抜し，最終的に 25 個の BAC クローンの重複関係に基づく 6 個のコンティグを構築した．さらに各コンティグから，1～2 個の BAC クローンを選んで塩基配列を決定した．

その結果，この領域はレトロエレメント様配列および反復配列に富んでいることや遺伝子密度が低いという特徴を持つことが明らかとなった．こうした特徴は，これまでも多くの動植物の性染色体（Y もしくは W）における雄もしくは雌特異的領域から見出されている．従って，性染色体が同型の常染色体対から進化して生じたとする Ohno (1967) の説を考えあわせると，本研究で得られた一連のデータはハウレンソウにおける性決定遺伝子が座乗する同型の染色体ペアは進化的に初期的な段階にある性染色体（XY）である可能性を示唆しているといえよう．