

ホウレンソウ Y 染色体特異的領域の同定および構造解析

生物資源科学専攻 植物育種科学講座 遺伝子制御学研究室 工藤 友裕

1. はじめに

ホウレンソウ (*Spinacia oleracea* L.) はアカザ科 (*Chenopodiaceae* s.s.) の雌雄異株作物であり, 雄ヘテロ (XY) 型の性決定機構を持つ. 雌雄の性は経済的 F1 採種に利用されるため, 性決定遺伝子座の構造解明が F1 育種の効率化に向けた重要課題の 1 つになっている. これまでに 1000 個体以上の分離集団において雄性決定遺伝子と完全に連鎖 (共分離) する 8 個の優性マーカー (性連鎖マーカー) が開発されている. さらに, 8 個の性連鎖マーカーのうち 5 個を起点に 106 ~ 180 kbp の BAC コンティグ (合計 約 700 kbp) を構築している. しかし, マーカー間のギャップは反復配列に阻まれて埋められていないため, 当該マーカーがカバーする染色体領域は 700 kbp をはるかに上回ることが推測された. 一連のデータは, ホウレンソウ Y 染色体上の雄性決定遺伝子の周辺領域は X 染色体との組換えが抑制されている可能性を示している. 本研究では, 先ず世界各地から収集したホウレンソウ遺伝資源アクセシオンを用いた連鎖解析を行い, ホウレンソウの Y 染色体が組換え抑制された雄特異的な領域 (Y 特異的領域) を持つ可能性を検証した. 次いで, 性連鎖マーカーを用いて単離された 5 個の BAC クローンの全長配列 (合計 約 500kbp) の特徴づけを試みた.

2. 材料および方法

性連鎖マーカーの連鎖解析には, 世界各地から収集された *Spinacia* 属遺伝資源 (101 アクセシオン) およびホウレンソウ商用品種 (4 品種) を使用した.

ホウレンソウ雌雄異株系統 03-009 の BAC ゲノムクローンライブラリーから単離された 5 個の性連鎖マーカー陽性クローンの全長配列データ (織田 2013) を解析に供した. 転移因子様配列の同定は, 公共データベース及び独自に構築したホウレンソウ転移因子様配列データベースとの相同性比較に基づいて行った.

3. 結果と考察

Spinacia 属遺伝資源およびホウレンソウ商用品種 (雄 105 個体, 雌 103 個体および間性 11 個体) における 8 個の性連鎖マーカーの遺伝子型を調査した. その結果, 全てのマーカー (優性マーカー) は雄特異的に増幅されること確認された一方で, 調査対象の雌株および間性株からはこれらのマーカーに対する陽性株を見出すことはできなかった. 以上の結果から, 当該マーカーと雄性決定遺伝子の強固な連鎖が明らかとなり, ホウレンソウにおいて雄性決定遺伝子の周辺領域は組換えが抑制されており, Y 特異的領域になっていることが示された.

次に, BAC クローンの全長配列 (合計 約 500kbp) の解析から, ホウレンソウ Y 特異的領域の約 60% が転移因子等の反復配列に占められることが判明した. さらに, 同定された転移因子の大部分は新規の *Copia* 型および *LARDs* 型レトロポゾン (*SpRE1* および *SpRE2*) であった. アカザ科植物のサザン解析および LTR 配列を用いた挿入年代推定解析によって, *SpRE1* および *SpRE2* は *Spinacia* 属の成立以降に生じた可能性が高いことが示唆された.