

ホウレンソウ性染色体とテンサイ常染色体の比較解析

生物資源科学専攻 植物育種科学講座 遺伝子制御学 高島聡史

1. 背景および目的

ホウレンソウ (*Spinacia oleracea* L., $2n = 2x = 12$) はアカザ科 (*Chenopodiaceae* s. s.) の雌雄異株作物であり, その雌雄の性は経済的 F_1 採種に利用される重要な農業形質となっている。 F_1 育種の効率化を図る上で, 性決定に関わる染色体領域の構造解明は不可欠な課題である。過去の解析において, ホウレンソウの性染色体は, アカザ科の両性植物であるテンサイ (*Beta vulgaris* L., $2n = 2x = 18$) の常染色体 (第4, 6および9染色体) とシンテニーが保存されている可能性があることを見出している。本研究では, ホウレンソウ性染色体の構造解明に向けて, テンサイ常染色体との比較解析を試みた。

2. 材料および方法

まず, テンサイ第4, 6および9染色体のそれぞれに座乗する遺伝子 (それぞれ21, 11および29個) のホウレンソウオルソログをドラフトゲノムデータベース (Dohm *et al.* 2014) から呼び出し, ホウレンソウ遺伝子の多型マーカーを開発した。次いで, これらの遺伝子マーカーおよび既知の性連鎖遺伝子マーカー6個との連鎖解析を行った。また, ホウレンソウ雌雄異株系統 03-009 から任意に選ばれた一組の雌株および雄株を交雑させて作出した雄および雌後代 (3週齢, 各8個体) の mRNA-Seq 解析を行った。取得された全リードを用いて, 冗長性の無い cDNA コンテイング配列セット (Unigene) を構築し, 各サンプルに由来するリードを Unigene セット (リファレンス) へマップして, 性と連鎖する SNP を抽出した。性連鎖 SNP の抽出条件は, 全ての雌後代 (XX) および雄後代 (XY) サンプルにおいて, それぞれホモおよびヘテロ、あるいはヘテロおよびホモとなっているサイトとした。

3. 結果および考察

本研究で解析対象としたテンサイ第4および9染色体座乗遺伝子のホウレンソウオルソログの大部分 (19および25個) は, 性染色体と対応付けられる連鎖群にマップされた。その一方で, 性染色体に座乗することが判明したテンサイ第6染色体座乗遺伝子のオルソログは, わずか4個に過ぎなかった。次に, mRNA-Seq 解析によって取得したトランスクリプトーム情報を用いて, 性連鎖 SNP を有する Unigene を218個同定し, そのうち149個が既知の遺伝子配列との相同性に基いて機能を推定出来た。これらの一部について, DNA 多型マーカーを開発して連鎖解析を行った結果, 期待通りに性決定遺伝子との連鎖が確認された。さらに, ホウレンソウ性連鎖 Unigene のうち111個についてはテンサイのオルソログが同定され, その半数以上がテンサイ第4 (36個) および9染色体 (30個) に座乗することが判明した。その一方で, その他のテンサイオルソログが他の全ての染色体に散在していることも判明した。一連の解析によって, ホウレンソウ性染色体がテンサイ第4および9染色体と広範なシンテニーを示すことが判ったが, それ以外のテンサイ常染色体とシンテニーの保存性を示す (比較的小さな) 領域がホウレンソウ性染色体に存在する可能性も示唆された。