

# *Spinacia* 属から見出された雑種不稔性および限性遺伝を示す

## 花序形質に関する遺伝学的解析

生物資源科学専攻 植物育種科学講座 遺伝子制御学 高橋光彦

### 1. 背景および目的

雌雄異株の *Spinacia* 属植物は、ホウレンソウ (*S.oleracea*) の他に野生種 *S. turkestanica* および *S. tetrandra* がある。これらの野生種はホウレンソウ育種への利用が期待される遺伝資源であり、ホウレンソウとの間における遺伝的・形態的な差異に関する理解を深めることの育種的意義は大きい。これまでに *S. oleracea*–*S. tetrandra* 間の雑種は花粉稔性が著しく低下すること、および *S. oleracea* では雌雄いずれも根出葉の葉腋に花（根出花）を形成しないが、*S. tetrandra* では根出花の形成が雌株のみに見られる限性形質であることを発見した。本研究では *S. oleracea*–*S. tetrandra* 種間交雑後代を用いて、染色体伝達率の調査、雑種不稔および根出花形成に関する遺伝解析を試みた。

### 2. 材料および方法

*S. tetrandra* (T) および *S. oleracea* (O) との間の相反交雑によって F<sub>1</sub> 世代 (T×O–F<sub>1</sub> および O×T–F<sub>1</sub>) を作出した。さらに、戻し交雑を行い BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> 世代 (T×[T×O]–BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> および T×[O×T]–BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub>) を作出した。作出した集団の花粉稔性は、アレキサンダー試薬で染色される花粉粒の割合に基づいて評価した。次いで、*Spinacia* 種間 DNA 多型マーカー (80 個) を用いて T×(T×O)–BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> 集団 (73 個体) の遺伝子型を決定し、連鎖解析および各形質に関する QTL 解析を行った。

### 3. 結果および考察

種間相反交雑で得られた 2 つの F<sub>1</sub> 集団ではどちらも性比が 1:1 を示したが、T×O–F<sub>1</sub> では雌株と間性株が分離したのに対して、O×T–F<sub>1</sub> では雌株と雄株が分離した。戻し交雑集団 T×(T×O)–BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> および T×[O×T]–BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> においても、それぞれの F<sub>1</sub> 世代と同じ性型の株が見出されたが、どちらの集団においても性比の歪みが見出された。両集団の性比の歪みに基づいて、*S. oleracea* 由来の性染色体が優先的に F<sub>1</sub> 世代からその後代へ伝達される可能性が示唆された。次に、T×(T×O)–BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> 集団を用いて DNA 多型マーカーの連鎖解析を行った結果、6 本の連鎖群 (性連鎖群、連鎖群 A–E; 全長 334.7 cM) が構築された。各マーカーの遺伝子型の分離比に基づいて、F<sub>1</sub> 世代からその後代への染色体 (アレル) の伝達率を調査した。その結果、性連鎖群および連鎖群 A 上の全てのマーカー (30 個) において、*S. oleracea* 由来のアレルが優先的に伝達されたことが判った。その一方で、連鎖群 D にマップされたマーカーの大部分 (10/11) および連鎖群 E 上の約半数マーカー (4/6) に関しては、*S. tetrandra* 由来のアレルが優先的に伝達したことが判明した。

花粉稔性については、F<sub>1</sub> 世代では 20% 以下だったのに対し、BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> 世代では 15.6~76.6% を示し、回復傾向にあった。さらに、戻し交雑集団 T×(T×O)–BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> を用いて花粉稔性に関する QTL が、3 つの連鎖群 (連鎖群 A, C, および E) にマップされた。

根出花形質に関しては「背景および目的」で述べたように、*S. tetrandra* では Y 染色体に根出花形成抑制因子が座乗することが遺伝様式に基づいて推察できる。一方、戻し交雑集団 T×(T×O)–BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> を用いた根出花形成に関する QTL 解析によって、*S. oleracea* の根出花形成抑制因子は常染色体に座乗する可能性が示された。今後は、大規模集団を用いて本研究結果を再検証する必要がある。