

Spinacia 属における雌雄異株性の進化年代推定および性決定候補遺伝子の

機能解析

生物資源科学専攻 植物育種科学講座

遺伝子制御学 岡崎洋助

1. はじめに

雌雄異株の *Spinacia* 属には, 栽培種のホウレンソウ (*S. oleracea*) の他に, 野生種 *S. tetrandra* が存在する. 系統学的な知見に基づき, 同属の成立に伴って雌雄異株が両性株から進化したことが示唆されている. さらに, *Spinacia* 属の植物種は共通の祖先染色体から進化した性染色体を持っており, 性決定機構が保存されていると推定される. 一方, ホウレンソウは, 雄株と雌株の他に, 間性株 (両性株) が見出される. これらの多様な「性」は経済的 F1 採種に関わる重要形質であり, その発現機構の解明が望まれている. ホウレンソウの間性および雄性決定遺伝子の候補として, 同じ転写因子ファミリーのメンバーをコードする *M-orf1* および *Y-orf* がそれぞれ同定されている. 両性株から雌雄異株が進化したならば, *M-orf1* が祖先的であり, 重複によって *Y-orf* が出現した可能性が考えられるが, この仮説を支持する証拠は十分に揃っていない. 本研究では, *Spinacia* 属における雌雄異株の進化機構解明の一助として, *M-orf1*/*Y-orf* 重複年代および *Spinacia* 属の成立年代の推定を行った. さらに, シロイヌナズナを用いて両遺伝子の機能解析を試みた.

2. 方法

ホウレンソウ (03-009) および *S. tetrandra* (PI647860) の *Y-orf* および *M-orf1* のエキソンおよびイントロン配列の塩基置換率に基づいて重複年代を推定した. 次に, *Spinacia* 属とその姉妹群 (*Blitum* 属) のトランスクリプトーム配列を用いて, 両者の分岐年代を推定した.

3. 結果と考察

ホウレンソウおよび *S. tetrandra* のゲノム DNA 配列に基づいて, *M-orf1*/*Y-orf* 重複年代は, それぞれ 15.4 ± 1.35 および 12.2 ± 0.96 MYA と推定された. これらの値は, *Spinacia*/*Blitum* 間の推定分岐年代 19.00 ± 0.84 MYA よりも小さく, *S. oleracea* と *S. tetrandra* の種分化年代 (5.66 ± 0.28 MYA; Okazaki et al. 2019) よりも大きかった. 以上の解析結果は, *Spinacia* 属の成立後に, 遺伝子重複による *Y-orf* の出現を経て雌雄異株が進化し, その後, *S. oleracea*/*S. tetrandra* 間の種分化が起きたとする進化シナリオに適合していた. 一方, 35S プロモーター制御下で *Y-orf* および *M-orf1* をそれぞれ過剰発現させたシロイヌナズナにおいて, 雄蕊の発達不全が見出された.

4. まとめ

雌雄異株の進化に遺伝子重複が重要な役割を演じたことを示唆するデータは, カキノキ属 (*Diospyros*) の研究からも報告されており, この機構が被子植物における雌雄異株の進化に広く関わっている可能性が考えられた. 一方, シロイヌナズナの *Y-orf* および *M-orf1* 過剰発現株からは, 同遺伝子が持つと期待される雄化促進や雌化抑制機能を示唆する形質は見いだされなかった. 一つの可能性として, *Y-orf* および *M-orf1* が機能を発揮するには, *Spinacia* 属に固有の因子が他に必要であることが考えられる.