

本研究ではまず、‘ししとう’と‘鷹の爪’の交雑 F₂ 集団（孫集団）における辛味強度（カプサイシノイド含量）の分離を調査し、‘ししとう’の辛味喪失がどのように遺伝するのかを調べました（図 1A）。その結果、交雑 F₂ 集団のカプサイシノイド含量は低いものから高いものまで連続的に分布したことから（図 1B）, ‘ししとう’の辛味喪失は複数の遺伝子座によって支配される形質（量的形質）であることが明らかになりました。

さらに、上記交雑 F₂ 集団を用いた量的形質遺伝子座（QTL）解析を実施し、‘ししとう’の辛味喪失に関与する遺伝子座の探索を行いました。その結果、辛味の強弱に関わる 2 つの遺伝子座が見出され、本研究ではこれらを *Shql3*・*Shql7* と命名しました（図 1C）。また、DNA マーカーを用いてこれら 2 遺伝子座の遺伝子型が交雑 F₂ 集団の辛味強度におよぼす影響を調査した結果、2 遺伝子座それぞれで‘ししとう’由来の遺伝子型をもつ後代は‘鷹の爪’タイプの後代よりも有意に辛味が弱くなることが分かりました（図 2）。以上の結果から、‘ししとう’は *Shql3*・*Shql7* をはじめとする複数の遺伝子座による影響で、その辛味が喪失していることが明らかになりました。これは 1 遺伝子によって辛味が喪失しているピーマン・パプリカなどの無辛味品種の遺伝形質とは大きく異なることが分かりました。

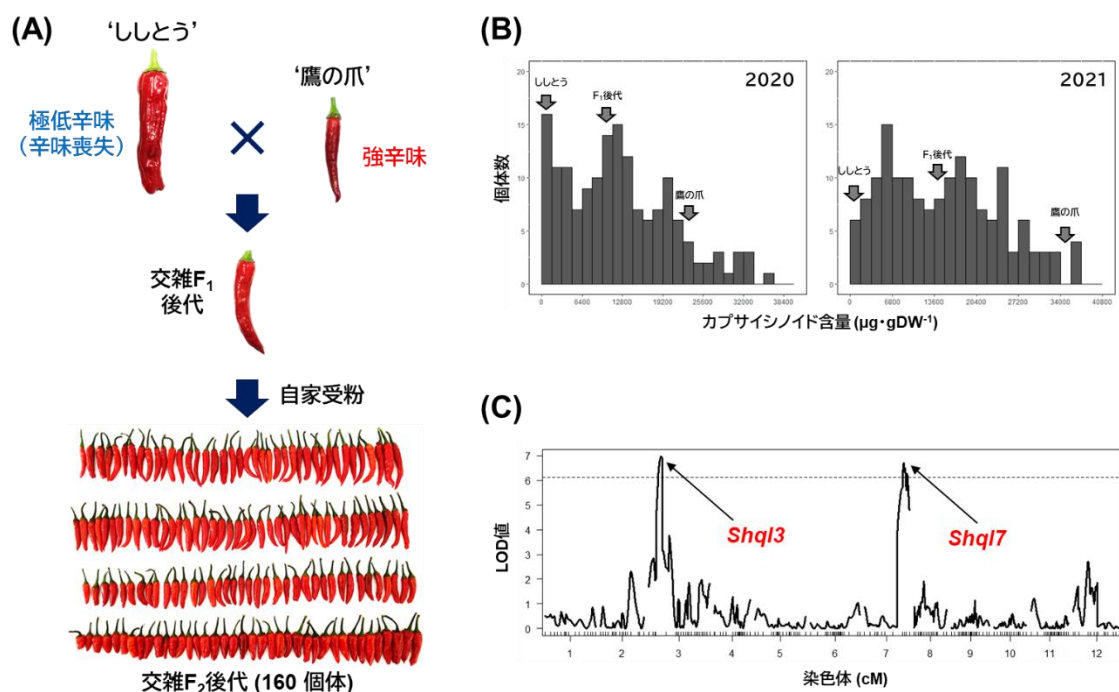


図 1 ‘ししとう’の辛味喪失に関する遺伝解析。(A) 遺伝解析のために作出した‘ししとう’と辛味品種‘鷹の爪’の交雑 F₂ 集団（孫集団）。(B) 交雑 F₂ 集団の辛味強度（カプサイシノイド含量）の頻度分布。カプサイシノイド含量が連続的に分布していることから、複数の遺伝子座に支配される形質（量的形質）であることが明らかになった。(C) 交雑 F₂ 集団を用いた辛味の強弱に関する量的形質遺伝子座（QTL）解析の結果。第 3 染色体と第 7 染色体の末端部に 2 つの遺伝子座が見出され、本研究ではそれぞれを *Shql3*, *Shql7* と命名した。

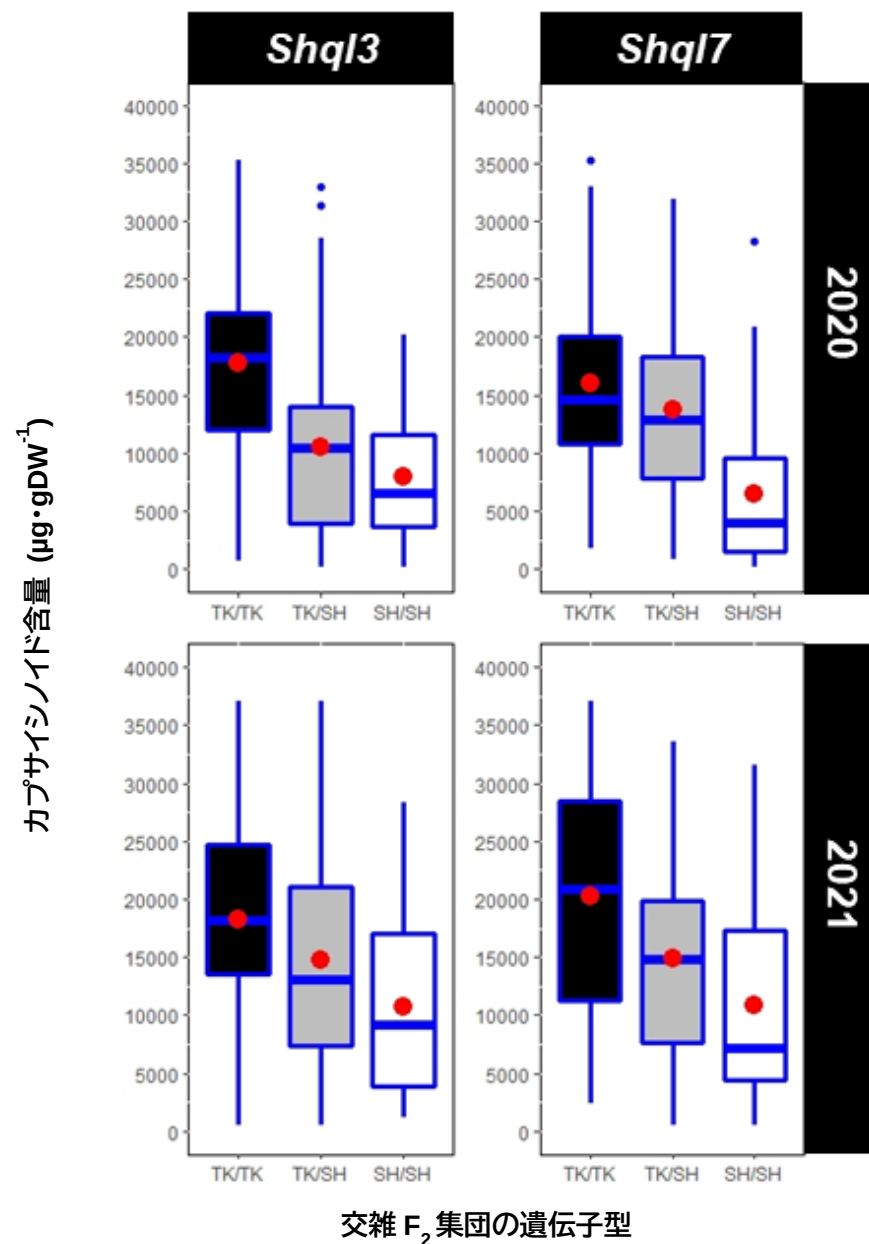


図2 ‘ししとう’×‘鷹の爪’交雑 F₂ 集団における *Shq13*・*Shq17* 遺伝子型と辛味強度（カプサイシノイド含量）との関係。TK/TK:‘鷹の爪’ホモ型，TK/SH: ヘテロ型，SH/SH:‘ししとう’ホモ型．‘ししとう’ホモ型集団は‘鷹の爪’ホモ型集団よりもカプサイシノイド含量が低く，辛味が弱くなることが明らかになった．