

ゼンマイ類における適応的遺伝子を含むゲノム領域の解析による 種分化過程の解明

Genetic architecture of speciation in Subgenus *Osmunda*

東京大学 角川洋子

種分化は生物多様性をうみだす原動力だと考えられる。多くの種分化研究がなされているが、陸上植物のモデル植物を用いる場合、近縁種間において繁殖様式や適応的な形質、野外での生育環境および自然選択圧などを比較するのが困難である場合が多い。シダ植物はモデル植物でなくとも、配偶体が独立栄養で単離培養が可能のため、Doubled Haploids 個体が作成できるという利点があり、遺伝学的な解析がしやすい。特にゼンマイ類においては、代表研究者らによって構築された遺伝地図を基にマップベースの研究が可能になった。また、初期の陸上植物が多様化を遂げる上で主に働いた生殖隔離機構についての知見は限られているが、シダ植物は陸上植物の中でも原始的な繁殖様式をもつため、植物が陸上に上がる前から主に生殖的隔離として働いていたと考えられる交配後隔離、つまり、配偶体もしくは配偶子同士が互いに認識する際の接合前隔離や受精卵の遺伝子型によって異なる適応度をしめすなどの接合後隔離を調べるのに適した材料と考えられる。本研究では、種分化に関わるゲノム領域の解析のため、ゼンマイ類における遺伝地図の精緻化と野外集団を対象としても解析可能な分子マーカーの開発を目的として次世代シーケンズ解析を行ない、実際に多数の分子マーカーを開発した。

ゼンマイ類には日本固有の溪流沿い植物であるヤシャゼンマイが含まれる。溪流沿い植物とは、河川が増水すると冠水するところに生育する植物であり、系統的に離れた複数の分類群において葉が細くなる細葉形質がみられる。葉が細くなることで、水流抵抗が軽減され、冠水時の葉のダメージが少なくなる。陸上植物の近縁種間では、適応的な形態形質がはっきりしない場合がほとんどだが、ヤシャゼンマイにおいては細葉形質に加え、代表研究者らの観察によって栄養葉の矮小化や葉柄が太いなどの適応的な形質が明らかになった。人工交配集団における解析結果から、細葉形質は複数の遺伝子座に支配されていることが明らかになったが、特に大きな効果がある遺伝子座を含むゲノム領域が特定された。他の適応的な形態形質についても相関解析や QTL マッピングを試みている。

さらに、ヤシャゼンマイには一つの前葉体上で受精し孢子体形成を行なう自配受精能があるが、姉妹種であるゼンマイではほとんどみられない。ヤシャゼンマイにおいては孢子一つから集団が形成できるため散布力が高いと考えられ、ゼンマイにおいては高い他殖性によって集団内の遺伝的多様性が維持されていることが考えられる。このような繁殖様式の違いに関わるゲノム領域は人工交配集団の解析によって明らかになり、ゼンマイにおいて劣性致死遺伝子の存在が示唆された。また、野外の雑種混生集団における遺伝子浸透の解析から、この領域においてはヤシャゼンマイの対立遺伝子がゼンマイ集団においても共有されていることが明らかになり、繁殖様式の違いに関わる遺伝子座が種間の遺伝的分化にも影響を与えることが示唆された。