

# 植物の性と性染色体の成立に関わるゲノム進化

## Genome evolution establishing sexuality and sex chromosomes in plants

岡山大学 赤木 剛士

植物の性および性染色体は、雌雄の機能を併せ持つ両全性（両性花）を祖先として、系統特異的に何度も独立して進化してきた。植物の性に関する研究は100年以上にも及ぶが、性染色体上の決定因子が同定されたのはつい近年の事である。いくつかの植物種群で性決定因子の解明が進みつつあるものの、いずれも独立した分子種が担っており、その進化の収斂性を駆動する要因については全く明らかになっていない。本研究では、ツツジ目という同系統内において独立に性決定因子および性染色体を成立させたカキ（カキ属）・キウイフルーツ（マタタビ属）において、性の成立に関わるゲノム動態を比較することで、植物における性の収斂的進化における原動力とその潜在的共通性の検証を行った。

これまでに同定されている被子植物の性決定因子はいずれも系統特異的なゲノム・遺伝子重複によって生じた新規因子であることが示唆されている。本研究では、カキ属における最終大量絶滅期（約7000万年前）の古ゲノム重複群に対して一過的な正の選抜圧（episodic selection）を経験した倍化遺伝子群を網羅的に検出することで、カキ属における性決定因子 *MeGI* が重複後に積極的に新規機能を獲得して性決定を行うようになった適応進化の過程を明らかにした。キウイフルーツにおいても性決定遺伝子の一つである *Shy Girl* 遺伝子が約2000年前の系統特異的な古ゲノム重複に起因して生じたものであることを明らかにし、重複直後の非常に速い適応進化によって新機能を獲得して現在の性決定機能を有するようになった過程を明らかにした。さらに、同じ古ゲノム重複において、*Shy Girl* 遺伝子が制御する下流遺伝子群の *cis* 機能（発現制御機能）にも他種には見られない新規パターンの成立と強い正の選抜の痕跡が見られており、この古ゲノム重複が性決定因子の成立だけでは無く、ゲノム全体にわたって性決定に適合した再編成を積極的に行った可能性を示した。

また、キウイフルーツを含むマタタビ属の多様な系統において、染色体スケールでの全ゲノム解読を行い、属進化の中で何度もネオ性染色体が成立している過程を解明した。これはキウイフルーツの性決定二因子を含む極めて小さい領域が頻りに重複転移することで生じた現象であった。このネオ性染色体の独立的進化に関わらず、マタタビ属では共通の性的二型性（オス・メスらしさ）が維持されており、これは性決定因子自体が性的二型性を直接制御していることに由来することを明らかにした。この結果は従来定説における性染色体進化の役割を覆すものであり、植物独自の性進化パターンの理解に大きく役立つものと考えられる。

いずれの結果も、植物に特異なゲノム進化動態である「頻りに生じる系統特異的なゲノム・遺伝子重複」が性の成立と密接に関わる可能性を示唆するものであり、自ら動けない植物の繁殖適応戦略として、ゲノム・遺伝子重複を介した新規機能獲得や性決定領域更新による新しい生殖システムの樹立が適応的であった可能性を示している。

### 【参考文献】

- ・赤木剛士（2019）遺伝子から解き明かす性の不思議な世界：「植物の性」 田中実編 一色出版 pp421-474.
- ・Henry IM., Akagi T, Tao, R., and Comai, L. (2018) One hundred ways to invent the sexes: theoretical and observed paths to dioecy in plants. *Ann. Rev. Plant Biol.* 69: 553-575.