

植物分子の機能と制御  
2020年度採択研究代表者

2022年度  
年次報告書

赤木 剛士

岡山大学 学術研究院環境生命科学学域  
研究教授

ゲノム・遺伝子倍化が駆動する植物分子の新機能の探索とデザイン

## 研究成果の概要

本年度は主に、1. マタタビ属およびカキ属におけるゲノム重複と転移因子重複の爆発による「反復的ネオ性染色体」の進化、2. 異倍数性集団を形成するサルナシにおける倍数性依存的な定向応答の進化、3. マタタビ属古ゲノム重複による適応進化因子の候補同定、についての成果を得た。

同じツツジ目に属するマタタビ属とカキ属において、いずれも Y 染色体に独立した性決定因子が存在しており、各属内において共通した性決定作用機作を有している。しかし、広範囲な種における pangenome 解読により、各属内の多くの種で性決定因子が転移因子に起因した重複および転座によって「ネオ性染色体」を頻繁に形成していることが明らかになった (Akagi et al. 2023 *Nature Plants* など)。このゲノム動態の進化的意義は未知であるが、いずれもセントロメアの構成要素を起点としたものであることが示唆されている。

日本列島に固有の 2-8 倍体集団が存在するサルナシの全ゲノムリシーケンス解析から、その倍数性非依存的に集団が形成されており、一部の高次倍数性は複数の起源を持つ収斂進化である可能性が示唆された。一方、その非連続性にもかかわらず、倍数性に高度相関して自然条件およびサイトカイニン処理による単為結果性が向上することが示されており、トランスクリプトーム解析から倍数性依存的にサイトカイニンシグナル伝達自体が定向的な応答を示す可能性が示唆された。マタタビ属に共通であり、性決定遺伝子 *Shy Girl* を成立させたと考えられる約 2000 万年前の古ゲノム倍化由来の約 21,000 パラログペアについて、倍化後特異的に一過的に適応進化を経験し、タンパク質新規機能を固定した 72 の候補因子を同定した。AlphaFold2 による構造予測と RMSD を指標とした立体構造における異質性の検出から、一部の候補では、オーソログ群と比較して明らかな新構造をとることが示され、未知の新規機能因子である可能性が示唆された。

### 【代表的な原著論文情報】

1) Akagi, T., Varkonyi-Gasic, E., Shirasawa, K. et al. Recurrent neo-sex chromosome evolution in kiwifruit. *Nature Plants* **9**, 393–402 (2023). <https://doi.org/10.1038/s41477-023-01361-9>