

標高万能植物ミヤマハタザオにおける *PHYB* 遺伝子の進化 Evolution of the *PHYB* gene in *Arabidopsis kamchatica* with wide altitudinal distribution

○平尾章 (筑波大・菅平セ)・恩田義彦(理研)・清水(稻継) 理恵(チューリヒ大)・瀬々潤(東工大)・清水健太郎(チューリヒ大)・田中健太 (筑波大・菅平セ)

【はじめに】 シロイヌナズナ属野生植物であるミヤマハタザオ (*Arabidopsis kamchatica* ssp. *kamchatica*) は、標高 30~3000m という極めて幅広い標高帯に生息する。先行研究によって、野外集団の自然淘汰圧は標高で異なること、開花時期や被植防衛形質などの生活史特性が標高によって遺伝的分化していること、いくつかの機能遺伝子の多型サイトにおいて標高によって塩基頻度が著しく異なることが明らかになっている。そのような機能遺伝子の1つである *PHYB* は、赤色・遠赤色光受容体タンパクをコードする遺伝子群の1つであり、光センサーの役割を持つことから、花芽形成や発芽、避陰反応などのさまざまな生理反応にかかわることが知られている。本研究では、*PHYB* 遺伝子について、遺伝子領域の塩基多型パターンを集団遺伝学的に検証することで、自然選択の影響を検出しようと試みた。

【材料と方法】 ミヤマハタザオはハクサンハタザオ (*A. halleri*) とオウシュウミヤマハタザオ (*A. lyrata*) の交雑に由来する異質倍数体であるため、交雑親種に由来する相同遺伝子 (ホメオログ) のペアを保持している。そこで *PHYB* の *A. halleri* に由来する *Aha* ホメオログと *A. lyrata* に由来する *Ally* ホメオログの塩基配列の全長を決定し、塩基多様度を比較した。また McDonald-Kreitman の検定を用いて、*Aha* ホメオログと *Ally* ホメオログのそれぞれに対して正の自然淘汰を検証した。

【結果】 中部山岳地域の7集団計20個体を対象に、*PHYB* の *Aha* ホメオログと *Ally* ホメオログをシーケンスした結果、各ホメオログから4つのハプロタイプを検出した。塩基多様度 (π) は、*Aha* ホメオログでは 0.0019 だったのに対し、*Ally* ホメオログでは 0.0002 と非常に低く、*Ally* ホメオログに強い安定化淘汰が働いていることが示唆された。一方で *Aha* ホメオログについては、第3イントロンに欠損が生じているハプロタイプが高標高集団に多く、挿入型は低標高集団に存在するというパターンが得られ、標高間での分断化淘汰が示唆された。加えて、McDonald-Kreitman の検定の結果、*Aha* ホメオログでは、アミノ酸を変化させる非同義置換が中立的な期待値よりも有意に多く、*PHYB* 遺伝子の *Aha* ホメオログだけがミヤマハタザオが親種から分化した後に、正の選択を受けたことが示された。

【考察】 *PHYB* の重複遺伝子において、*Ally* ホメオログでは機能を維持するような安定化淘汰が示唆され、*Aha* ホメオログでは正の自然淘汰が示された。Ohno (1970) は、重複遺伝子では機能的な余剰性によって単一の遺伝子よりも早く変異が蓄積されることが生物進化の駆動力の1つになるという仮説を提唱している。今回の結果は、ミヤマハタザオが示す多様な適応現象を遺伝子重複によって説明できる可能性があることを示している。しかしながら重複遺伝子の進化パターンとしては、機能部位の変異などによる新機能の獲得や、遺伝子発現による機能分担のほかにも、機能が損なわれる偽遺伝子化などが知られており、適応分化に貢献した重複遺伝子の割合をゲノム全体で評価することが今後の課題である。

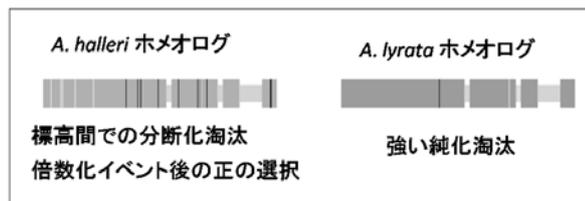


図1 *PHYB* 重複遺伝子間で異なる自然淘汰のパターン
箱はエクソン、横線はイントロン、縦線は塩基多型サイトを示す。