

ツメガエル種における異種交配を介したゲノム再編成機構と  
性システムの進化と多様性  
生物科学専攻 遺伝子機能発現学  
DS-19903 林 舜

近縁種間でおきる“異種交配”は、ゲノム倍数化による遺伝子数の増加あるいは異種トランスポゾンの混合によるゲノムの再編成などを介して、遺伝的多様性や新種の誕生を導き、場合によっては体制進化を担ってきた。例えば脊椎動物では、有顎類祖先種の異種交配による全ゲノム重複が、その後の多様な系統進化の基盤となっている。また魚類や両生類では、更なるゲノム倍数化を伴う異種交配による種の多様化が数多く報告されている。異種交配後の子孫の増殖と集団の確立には、従来の性決定システムの脱構築と再・新構築の確立が必要な場合がある。本研究で用いたアフリカツメガエル(*X. laevis*)を含む *Xenopus* 属は、約 1800 万年前に 2 倍体近縁種の異種交配により異質 4 倍体化した祖先種由来と考えられている。当研究室の先行研究で、オス化遺伝子 *dmrt1* (異質 4 倍体化により *dmrt1.S* と *dmrt1.L* の 2 つ存在) のうち *dmrt1.S* の部分重複により、ZW/ZZ 型の性決定システムを新構築する性決定遺伝子 *dm-W* の誕生が示された。しかし *dm-W* の 4 つのエキソン(Ex)のうち、*dmrt1.S* 由来ではない Ex1、Ex4 がどのように誕生し、分子進化してきたかは全く未解明であった。本研究では、このキメラ型の性決定遺伝子 *dm-W* の誕生機構と分子進化を明らかにし、更に性システムと異種交配後のゲノム再編成との関連性を調べることを目的として、異質 4 倍体由来のツメガエル 3 種の *dm-W* および *dmrt1* の一部を新たにクローニングし、進化解析およびゲノム内トランスポゾン動向との関連性を調べた。その結果、Ex1 は、トランスポゾン配列の豊富な周囲の領域とともに、TATA box 型の新プロモーターの誕生に寄与したこと、Ex2-Ex3 に関しては、コードされる DNA 結合ドメイン内の 2 箇所のアミノ酸変異が、DNA 結合配列の特異性の増強を導いたことが示唆された。Ex4 に関しては、その起源が DNA トランスポゾン *hAT-10* のノンコーディング配列由来であること、*in vitro* 機能解析から、Ex4 コーディング配列に分子進化したアミノ酸配列は、Ex2-Ex3 由来 DNA 結合ドメインの結合能の増強という新機能獲得に関わることがわかった。次に、分子時計解析から *dm-W* Ex4 の誕生時期とトランスポゾン *hAT* ファミリーの活動ピーク期を調べたところ、両者ともに異種交配期に重なることが推察された。当研究室の最近の解析で、この異種交配期には、多くの DNA トランスポゾンが活性化され、ゲノムの再編成が起きたことが示唆されており、以上のことから、*dm-W* 遺伝子誕生と異種交配によるトランスポゾンの活性化に連関性が示唆された。これらの知見から、以下の進化仮説を提案する。2 倍体ツメガエル近縁種間の異種交配では、異質ゲノムの混合によりトランスポゾンの活性化を伴うゲノムの再編成が行われ、一方、2 種の性決定システムを持つ異種 4 倍体では集団内で性比のバランスが崩れた。ゲノム内トランスポゾンの活性化の中、トランスポゾンを介した *dmrt1.S* (Ex2-Ex3) の重複と転移、Ex1 周辺・Ex4 由来配列の挿入と分子進化により、性比の安定化をもたらす性決定遺伝子 *dm-W* が集団内で確立した。