

両生類の異種交配における  
トランスポゾン・piRNA を介した非対称サブゲノム進化  
生物科学専攻 遺伝子機能発現学  
DS-21901 須田 皓介

ゲノム重複を伴う異種交配は、遺伝的多様性の増大を介して、系統進化や種の多様化に大きな貢献を果たしてきた。興味深いことに、異質四倍体化では、両親由来のサブゲノムの非対称的な分子進化が動物界で知られている。例えば、両生類のツメガエル属では、異質四倍体の子孫のアフリカツメガエルのサブゲノム L と S において、S 染色体が L に比べて全て短くなっている。またトノサマガエル属では、ワライガエルとコガタガエルの雑種のヨーロッパトノサマガエルにおいて、その体細胞は両親由来のサブゲノムが存在するが、生殖系列細胞ではコガタガエル由来のサブゲノムが選択的に排除される。しかし、これらの選択的 DNA 欠失の分子機構は全く未解明である。私はこの問題に対し、異種ゲノム間における自己・非自己の認識機構の存在を想定し、生殖隔離された集団のゲノム内で独自に進化する「トランスポゾン-piRNA システム」の不和合性が、サブゲノム選択的 DNA 欠失を誘引するという作業仮説を考えた。piRNA はトランスポゾンを抑制する small RNA である。本研究では、この作業仮説の検証を目的として、上述の両生類の 2 つの異種交配系において、サブゲノム間の比較解析を行った。ツメガエル属の異種交配に関しては、異質四倍体の 2 種（アフリカツメガエル・キタアフリカツメガエル）の L/S サブゲノムと、対照として二倍体のネッタイツメガエルのゲノムとの比較解析の結果、1800-1700 万年前に起った異種交配直後から、L に比べ S サブゲノムで、より多くの DNA トランスポゾンの活性化、遺伝子・遺伝子間領域の欠失、および大規模の染色体内逆位が起ったことが推定された。更に特定のトランスポゾンの活性化と S サブゲノムに偏った DNA 欠失との相関が認められた。一方、雑種ヨーロッパトノサマガエルでは、異種交配が現行され、トランスポゾンと piRNA の発現解析が可能という利点がある。そこで親ガエル 2 種のゲノム配列を新たに決定後、親ガエルと雑種の精巢の mRNA および piRNA 発現量の比較解析を行った。その結果、雑種精巢において、生殖細胞で欠失するコガタガエルゲノムに由来するトランスポゾンおよび piRNA 発現の変動が、残存するワライガエルゲノム由来のそれぞれと比べ、より大きいことが検出された。更にコガタガエルゲノム由来の 2 種の DNA トランスポゾンに対応する piRNA の精巢での発現量が、コガタガエルと比較して雑種で低下しており、雑種精巢ではコガタガエルゲノム由来の 2 種のトランスポゾン活動の脱抑制が示唆された。

以上の異種交配系での解析から、私は以下のモデル・仮説を提案する。(1)異種交配後の非対称サブゲノム進化にはトランスポゾンが直接関与する。片親種のサブゲノムに偏った DNA 欠失は、そのサブゲノム由来 DNA トランスポゾンの活性化を介した DNA 鎖切断が関与する可能性がある。(2)ヨーロッパトノサマガエルでの解析から、雑種の生殖系列細胞では、異種サブゲノムの混合状態が、コガタガエルの「トランスポゾン-piRNA システム」の大きな変調や一部崩壊をもたらし、コガタガエル由来 DNA トランスポゾンの脱抑制が、そのサブゲノムの完全欠失の起因となった。(3)両生類における異種ゲノム間の自己・非自己システムの実体は、種・集団内で独立に進化した「トランスポゾン-piRNA システム」の不和合性である。