

57. 革新的形質の遺伝基盤を発見する多種間遺伝子発現比較法の開発

国立遺伝学研究所新分野創造センター 准教授 福島 健児

概要

革新的形質の遺伝基盤を、種内変異に依存せず多種間比較から明らかにすることを目的として、食虫植物をモデルに超多種間遺伝子発現比較法の概念実証を進めた。助成期間中には、異種間 RNA-seq データ統合プログラム AMALGKIT の整備とデータ取得を進め、被子植物 101 種の根・葉・花の RNA-seq 情報を統合した。この巨大データセットを系統樹に基づいて解析した結果、食虫性の進化と関連する遺伝子群を統計的に検出できた。これらの候補遺伝子は、表現型可塑性を示す食虫植物における普通葉と捕虫葉の比較でも捕虫葉で高発現し、独立の検証系でも支持された。さらに同一の 101 種データセットから、収斂的に栽培化された蔬菜・果樹・油料作物のそれぞれに共通する発現変動遺伝子も抽出でき、本手法が食虫性以外の形質にも適用可能であることを示した。加えて、遺伝子喪失と発現進化の解析から、食虫植物では菌根共生が収斂的に失われていることを見いだした。また、フクロユキノシタとウツボカズラの詳細比較からは、共通応答と系統固有応答の双方が見いだされた。今後は対象種数と形質の幅をさらに広げ、TWAS 様の一般的な比較解析法へ発展させる。本助成は、RNA-seq 実験、比較解析、研究立ち上げ期の基盤整備を前進させる上で大きな支えとなった。

背景および目的

GWAS や TWAS は強力である一方、解析対象は原理的に種内多型へ制約される。そのため、被子植物の食虫性のように、系統間で独立に進化した革新的形質の遺伝基盤を探るには新しい方法論が必要である。申請者らはこれまでに、異種間 RNA-seq データを統合して大規模比較を可能にする基盤と、収斂進化を利用してマクロ進化スケールで遺伝子と形質の対応を検出する考え方を提示してきた (Fukushima and Pollock, 2020, 2023)。そこで本研究では、これらを発展させ、系統樹上の独立反復を利用して形質進化と連動した遺伝子発現変化を検出する枠組みの構築を目指した。概念実証の主要対象を食虫植物としつつ、同一枠組みが他の収斂形質にも拡張可能かを検証した。

方法

独自開発した異種間 RNA-seq データ統合プログラム AMALGKIT (Fukushima and Pollock, 2020) を用いて公開 RNA-seq データと独自取得したデータを統合し、被子植物 101 種について根・葉・花の異種間比較可能な発現データセットを作成した。これに対し、申請者らが進めてきた収斂進化に基づく比較解析の考え方 (Fukushima and Pollock, 2023) を遺伝子発現データへ拡張して適用し、食虫性と関連して反復的に発現変動する遺伝子を抽出した。候補遺伝子の妥当性は、表現型可塑性を示す食虫植物における普通葉と捕虫葉の発現比較でも検証した。また、同一の 101 種データセットを用いて、収斂的に栽培化された作物群に共通する発現変動遺伝子の探索も試みた。

結果および考察

101 種データセットの解析から、食虫性の進化と有意に対応する遺伝子群を検出できた。これらは表現型可塑性を持つ食虫植物で普通葉より捕虫葉に高発現しており、マクロ進化スケールの比較から得た候補が、同一個体内の器官差という独立情報でも支持された点は重要である。さらに、同じデータセットから蔬菜・果樹・油料作物に共通する発現変動遺伝子も抽出され、本手法が食虫性に限らず、反復的な形質進化一般へ適用可能であることが示された。フクロユキノシタとウツボカズラの詳細比較では、機能的に対応する組織間で共通した遺伝子群の発現と、給餌後のアミノ酸代謝・タンパク質合成の共通応答が見られた一方、消化酵素遺伝子の制御には強い系統固有性があり、共通基盤と系統固有の上乗せの両方が重要であることが示された (Wakatake and Fukushima, 2026)。加えて、食虫植物では AM 菌根共生形質が食虫性の出現と同時またはそれ以前に繰り返し失われており、フクロユキノシタでは AM 共生関連 CHITINASE 遺伝子の発現進化を介した消化酵素への機能転用も示唆された (Montero et al., 2025)。以上より、収斂進化を利用した超多種間遺伝子発現比較は、革新的形質の成立過程と遺伝子機能転用を同時に捉える有力な方法論であると結論された。

(完)

発表論文

- 1) Wakatake T, Fukushima K (2026) Transcriptomic prey-capture responses in convergently evolved carnivorous pitcher plants. *New Phytologist* 249:2559-2573.
- 2) Montero H, Freund M, Fukushima K (2025) Convergent losses of arbuscular mycorrhizal symbiosis in carnivorous plants. *New Phytologist* 248:2040-2051.

引用文献

- 1) Fukushima K, Pollock DD (2020) Amalgamated cross-species transcriptomes reveal organ-specific propensity in gene expression evolution. *Nature Communications* 11:4459.
- 2) Fukushima K, Pollock DD (2023) Detecting macroevolutionary genotype-phenotype associations using error-corrected rates of protein convergence. *Nature Ecology & Evolution* 7:155-170.