

2021 年度
創発的研究支援事業 年次報告書

研究担当者	土松 隆志
研究機関名	東京大学
所属部署名	大学院理学系研究科
役職名	准教授
研究課題名	植物自家不和合性の進化動態解明と制御へ向けた基盤研究
研究実施期間	2021 年 4 月 1 日～2022 年 3 月 31 日

研究成果の概要

2021 年度は、多数のペチュニア野生系統を継続的に栽培・開花させ、*S* 遺伝子座上の雌特異性遺伝子 *S-RNase* および雄特異性遺伝子 *SLF* の網羅的塩基配列取得手法を確立することに特に注力した。雌遺伝子 *S-RNase* については、ロングリードシーケンサーによる RNA-seq とその解析パイプラインを確立した (Isono, Maenosono et al., in prep)。現時点で計 190 個体分 (ヘテロ接合のため 380 コピー分) について解析を行い、計 50 種類以上の対立遺伝子の同定に成功している。対立遺伝子の集団・種間比較解析から、集団ごとにアレルの多様化・絶滅が起きている様子や、ナス科他属との間でも *S-RNase* の機能的構造が維持されていることなどが明らかになってきた。さらに、雄遺伝子 *SLF* についても花粉の RNA-seq に基づく配列取得法がほぼ確立している。

配列解析を進める中で、*S-RNase* 配列は極めて近いものの別の特異性をもつ対立遺伝子のペアが複数見つかってきた。これらのペア間ではごく最近特異性が分化したと考えられるため、本研究課題の目的である特異性の分化を再現する格好の系であるといえる。現在、これらの対立遺伝子ペアにとくに着目して配列解析・交配実験等を進めている。数理モデル化については、これらのペアの進化を再現することをまず目標に、得られた交配実験の結果を踏まえ、基本的なフレームワークを検討している。その他、相互作用すると考えられる *S-RNase/SLF* の機能確認のための植物体への形質転換実験、タンパク質相互作用確認実験について系の確立を順次進めている。