

日本の野生植物オニドコロの雌雄を決める性決定機構の解明

概要

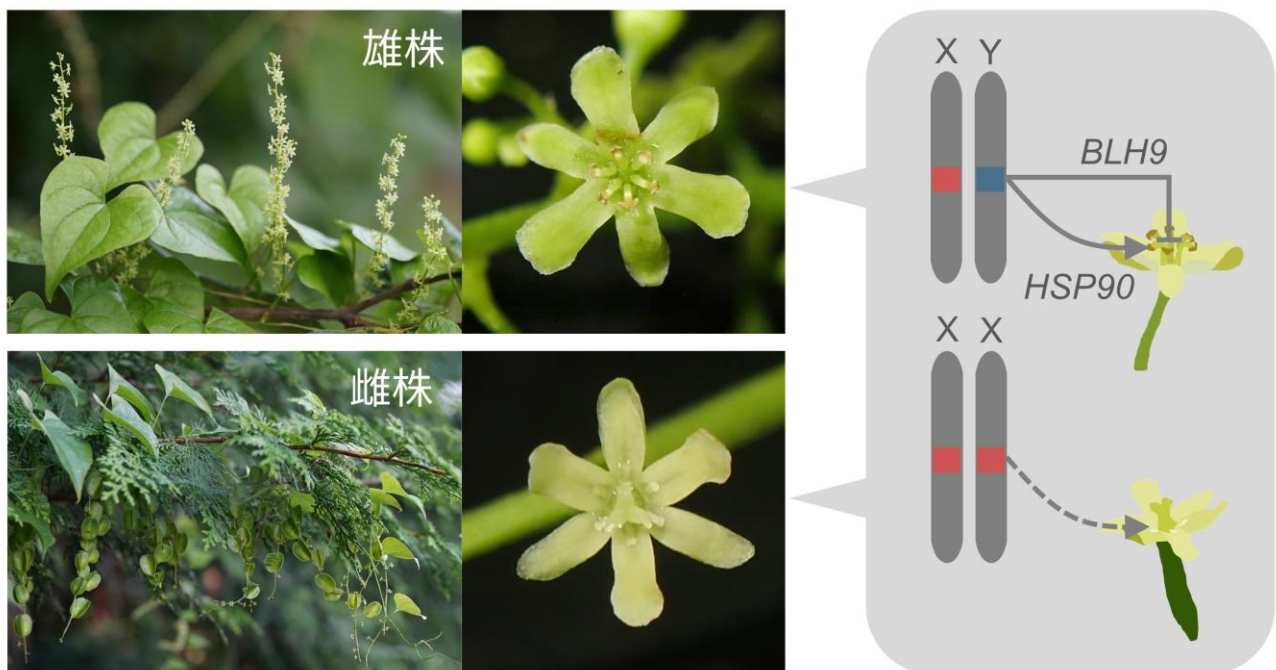
多くの植物は一つの花の中に雄しべと雌しべをもちますが、一部の植物は雄株と雌株に分かれていることが知られています。京都大学大学院農学研究科の工藤葵助教、寺内良平特命教授らの共同研究グループは、日本に広く分布する野生植物オニドコロにおいて、雄株と雌株を決定する性決定機構を解明しました。

雄株と雌株に分かれている植物は、被子植物の約 6%を占めており、雌雄異株植物と呼ばれます。雌雄異株植物では、一般に性染色体^{*1}の組み合わせにより雄株か雌株かを決定していることが知られており、XY 性決定型（XY が雄・XX が雌）や ZW 性決定型（ZZ が雄・ZW が雌）といった多様な性決定様式が報告されています。

本研究で対象としたオニドコロが属するヤマノイモ属は、約 630 種からなる分類群で、ほとんどの種が雌雄異株であることが知られています。さらに、この属では XY 性決定型や ZW 性決定型を含む多様な性決定様式が報告されており、性決定様式の進化の多様性を理解するうえで重要な分類群です。しかし、これまで性染色体上のどの遺伝子が雌雄の決定に関与しているのかは明らかになっていませんでした。

本研究では、まずオニドコロの交配集団を用いた連鎖解析により、本種が XY 性決定型の性決定様式をもつことを明らかにしました。さらに、X 染色体と Y 染色体を含む参照ゲノムの構築と遺伝子発現解析により、Y 染色体に座乗する 2 つの遺伝子 *BLH9* と *HSP90* が、性決定に関与している可能性が高いことを明らかにしました。

本成果は、2026 年 4 月 20 日に国際学術誌「*PLOS Genetics*」にオンライン掲載されました。



野生植物オニドコロにおける性決定機構。ゲノム解析により XY 性決定型であり、Y 染色体上の 2 つの遺伝子、*BLH9* と *HSP90* が、雄花の形成に関与していると考えられました。オニドコロではこれら 2 つの遺伝子がある Y 染色体をもつ個体 (XY) は雄株になり、Y 染色体をもたない個体 (XX) が雌株になる仕組みがあると考えられました。作成：工藤葵

1. 背景

雌雄は多くの分類群で観察されますが、雌雄を決める仕組みは非常に多様であることが知られています。これまで、哺乳類、鳥類、爬虫類、両生類、魚類、昆虫といった動物の雌雄を決める仕組みが調べられてきました。一方で、雄株と雌株に分かれている植物の雌雄を決める仕組みは、まだ一部の種でしか明らかになっていません。本研究では、日本に広く分布する野生植物オニドコロを対象に、雄株と雌株を決定する性決定機構を調査しました。

2. 研究手法・成果

ヤマノイモ属のオニドコロ (*Dioscorea tokoro*) を対象として、ゲノム解析により性染色体上のどの遺伝子が雌雄の決定に関与しているのかを調べました。まず、雄株と雌株を掛け合わせてできた子孫を調べて、同じ染色体上の近くにある遺伝子は親から子へセットで受け継がれやすい(連鎖)という法則を利用して、性別に関わる遺伝領域を探しました。その結果、オニドコロがXY性決定型(XYが雄・XXが雌)であり、10本の染色体のうち3番目の染色体が性染色体であることがわかりました。続いて、雄株と雌株がもつすべての遺伝情報(ゲノム)を比べて、性染色体の構造を調べました。その結果、X染色体とY染色体はほとんど共通の遺伝領域をもっていますが、中央付近のみ異なっており、X染色体にだけある遺伝領域とY染色体にだけある遺伝領域に分かれていることがわかりました。これらの遺伝領域は染色体の中央付近にあるセントロメア^{※3}の近くにある可能性が高いことも示されました。この領域では、染色体どうしで遺伝情報の一部が交換される「組換え」が起こりにくいことが知られています。そのため、オニドコロの性別に関わる遺伝領域は、X染色体とY染色体の間で遺伝情報の交換が起こりにくい部分で形成されたと考えられました(図1)。

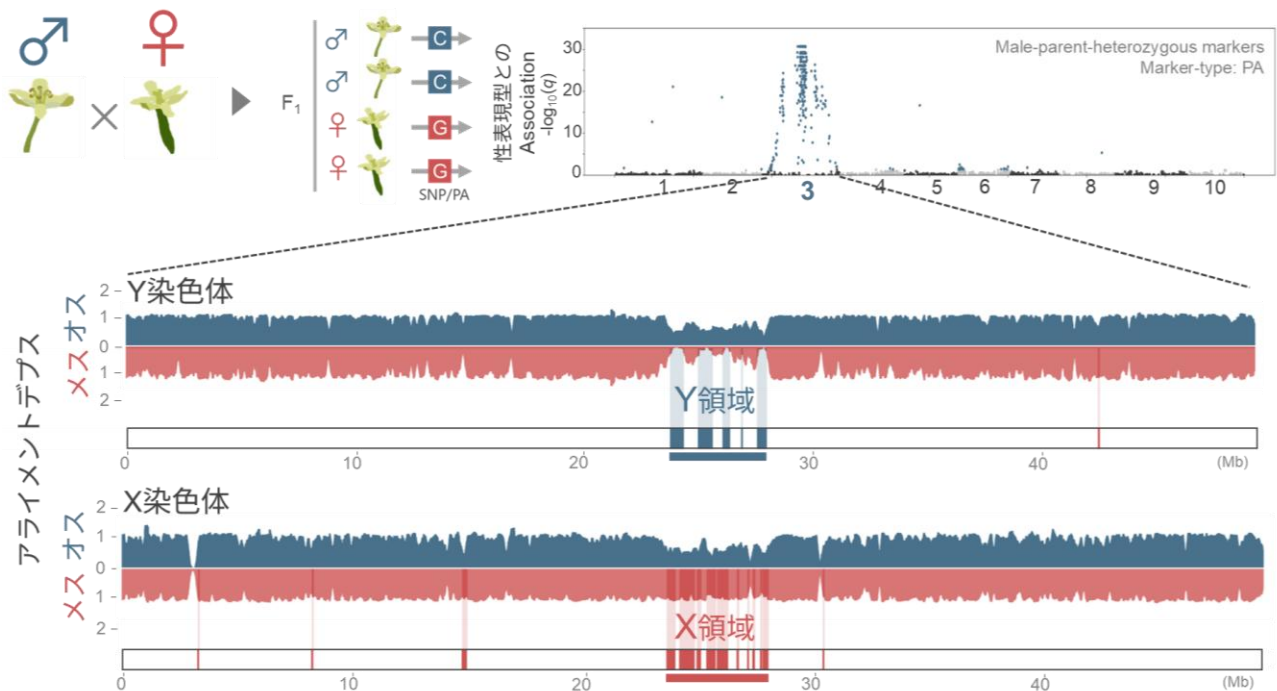


図1. ゲノム解析により明らかになったオニドコロの性決定に関与する遺伝領域

次に、雌雄の決定に関わる遺伝子を調べるために、雄花と雌花を採取して、それぞれで働いている遺伝子(発現している遺伝子)を調べました。その結果、Y染色体にだけある遺伝領域には、雄花がで始める初期の段階で高く発現する *BLH9* と *HSP90* という遺伝子があることがわかりました(図2)。*BLH9*は雌の機能の発生

を抑えるはたらき、*HSP90* は雄の機能の発生に必要なはたらきをしている可能性があります。これら 2 つの遺伝子は Y 染色体だけにあり、X 染色体には存在しません。このことから、オニドコロではこれら 2 つの遺伝子がある Y 染色体をもつ個体 (XY) は雄株になり、Y 染色体をもたない個体 (XX) が雌株になる仕組みがあると考えられました。

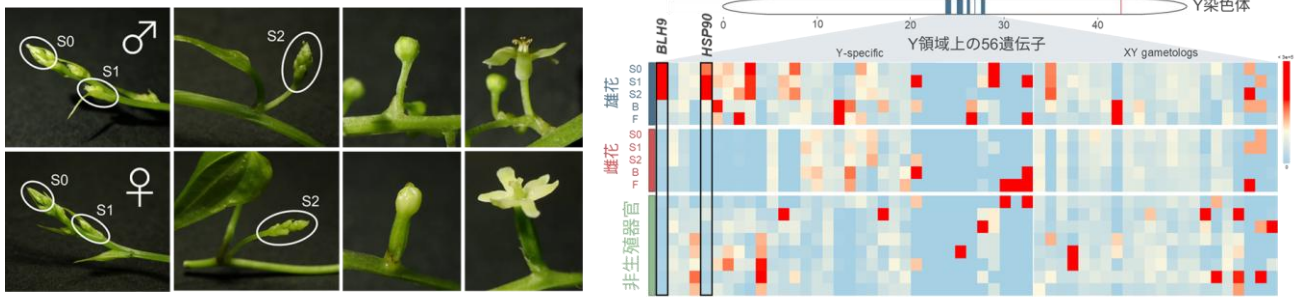


図 2. 遺伝子発現解析により特定された雌雄の決定に関わる候補遺伝子

今回性染色体と性決定機構が明らかになったオニドコロが属するヤマノイモ属は、XY 性決定型や ZW 性決定型といった様々な性決定様式の種が属しており、性決定様式の進化の多様性を理解するうえで重要な分類群です。そこで、ヤマノイモ属で性染色体が詳しく調べられている 3 種について、性染色体上の遺伝子が共通しているかを調べました。ここでは、今回研究したオニドコロ (XY 性決定型)、これまでに調べられているダイジョ (XY 性決定型)、ギニアヤム (ZW 性決定型) の 3 種を比較しました。その結果、オニドコロとダイジョの性染色体と、ギニアヤムの性染色体の間には、共通した遺伝子がほとんど見られませんでした。このことから、これらの性染色体は共通の起源ではなく、別々に進化してできた可能性があることが分かりました (図 3)。

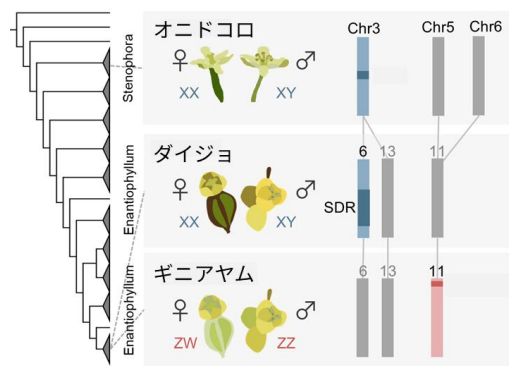


図 3. ヤマノイモ属内での性染色体の比較

3. 波及効果、今後の予定

本研究では、性決定様式の進化の多様性を理解するうえで重要な分類群であるヤマノイモ属で、世界で初めて雌雄を決める性決定機構を明らかにしました。さらに、ヤマノイモ属内では性染色体が独立して進化した可能性が示されたことから、今後ヤマノイモ属を幅広く調べていくことで、植物の性染色体の進化の多様性を明らかにできると考えられます。

さらに、今回の研究の対象種であるオニドコロを含むヤマノイモ属には、熱帯域諸国での主食であるヤムイモが属することが知られています。ヤムイモは年間約 7 千万トン生産され、その遺伝的多様性の維持は食料安全保障のために重要です。栽培されているヤムイモは全て雄株と雌株があり、効率的な遺伝資源保全には今回のような雌雄を決める性決定機構の解明が必要です。今回の研究を応用して、ヤムイモの性決定機構の解明を進めることで遺伝資源保全にも貢献したいと考えています。

4. 研究プロジェクトについて

本研究は、京都大学農学研究科、岩手生物工学研究センター、英国セインズベリー研究所、龍谷大学、北海道大学、国際農林水産業研究センター、京都産業大学、総合研究大学院大学の共同研究により行われました。

また、日本学術振興会特別研究員奨励費 23KJ1322、学術変革領域研究(A) 23H04745、科学技術振興機構さがけ JPMJPR22D2 の支援を受けて実施されました。

<用語解説>

※1 性染色体：遺伝的に性決定を行う生物における、性決定に関与する染色体。雌雄で染色体構造や座乗する遺伝子などが異なる。XY 性決定型 (XY が雄・XX が雌) や ZW 性決定型 (ZZ が雄・ZW が雌) というように、性染色体の組み合わせで雌雄が決定されることが知られている。

<研究者のコメント>

- 野外で植物を観察しているとしばしば雄株と雌株に分かれた植物がいることに気づきますが、その雌雄がどのように決まっているかはほとんどの野生植物でわかっていません。本研究では、日本に広く分布するオニドコロの交配集団と野外集団を対象に、ゲノム解析を用いて雌雄を決める性決定機構を明らかにしました。また、近縁種との比較によりオニドコロが属するヤマノイモ属では、種ごとに独立に性決定領域が進化してきた可能性が示唆されました。今後も、野外調査やより幅広い種でのゲノム解析を通して、植物における性決定機構の解明を進めたいと考えています (工藤葵)。
- オニドコロは、ジネンジョ掘りに出かけた人が間違えて掘ってしまうことがある植物です。日本に広く分布し、古来よりその塊茎「ところ」は食用に利用されてきました。源氏物語や狂言にも登場する日本文化に関わりの深い植物を材料にした独自性の高い研究成果です。生物進化において、性の果している役割は極めて重要です。今後、ヤマノイモ属の他の種に調査をひろげることで、性決定の進化の解明が期待されます (寺内良平)。

<論文タイトルと著者>

タイトル：**Whole-genome sequencing reveals a possible molecular basis of sex determination in the dioecious wild yam *Dioscorea tokoro***

(全ゲノムシーケンスによる雌雄異株性の野生植物オニドコロにおける性決定分子基盤の解明)

著者：工藤葵、夏目俊、杉原優、加藤大明、阿部陽、及川香梨、清水元樹、伊藤和江、辻村真衣、高野義孝、堺俊之、安達広明、太田敦士、大津美奈、石崎琢磨、寺地徹、印南秀樹、寺内良平

掲載誌：*PLOS Genetics* DOI：<https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1012123>