

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		モデル生物とその近縁種を用いた進化の再現～短期間のうちに生じた種分化機構の解明～			
研究テーマ (欧文) AZ		Speciation using a model plant and its closely related species			
研究氏 代 表 名 者	カタカナ CC	姓)サカキバラ	名)ケイコ	研究期間 B	2013 ~ 2014 年
	漢字 CB	榊原	恵子	報告年度 YR	2015 年
	ローマ字 CZ	Sakakibara	Keiko	研究機関名	金沢大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		金沢大学 男女共同参画キャリアデザインラボラトリー博士研究員			
概要 EA (600字～800字程度にまとめて下さい。)					
<p>どのようなゲノム変化によって種分化はおきたのだろうか。胞子体形態はコケ植物の重要な分類形質であるが、コケ植物セン類の大半は、ヒメツリガネゴケの属する <i>Physcomitrella</i> 属と近縁の <i>Physcomitrium</i> 属 (以下、長柄型) を含めて長いさく柄を持ち、ヒメツリガネゴケの短いさく柄 (以下、短柄型) は例外的である。近年、ヒメツリガネゴケとその近縁種の分子系統解析により、短柄型は長柄型の中でさく柄が短くなることで独立に生じた一群であることがわかった (McDaniel et al. 2009 Evolution)。ヒメツリガネゴケは相同組換えを利用した形質転換系 (Schaefer and Zryd, 1997 Plant J.) の他、分子発生的解析手法が確立している。この2種のゲノムと胞子体発生過程のトランスクリプトームの比較により、胞子体形態の違いと相関のあるゲノムの違いを抽出し、ヒメツリガネゴケで確立された分子発生的をアゼゴケに適用することで、種分化機構を明らかにすることを目的として研究を開始した。</p> <p>アゼゴケの無菌培養株の作出と大量培養、実験環境下でヒメツリガネゴケと同様に三ヶ月ですべての生活環を再現することに成功した。また、ヒメツリガネゴケと同様の方法で遺伝子導入可能であること、同様の方法でゲノム DNA を抽出し、PCR 法により、遺伝子導入が確認できた。</p> <p>当初、ヒメツリガネゴケとアゼゴケによる雑種を作成し、F2 雑種で胞子体の表現型をもとに胞子体形態に関わる遺伝子を分離させた上で、それぞれの株のゲノムシーケンスを計画していたが、複数の方法を試したが、F1 株を得ることができなかった。</p> <p>一方で、ヒメツリガネゴケを用いて発生初期の胞子体1個分の組織液からの次世代シーケンサーの RNA ライブラリー作成に成功した (Sakakibara in preparation)。今後、ヒメツリガネゴケとアゼゴケの各発生過程で発現量の有為異なる遺伝子の変異体をヒメツリガネゴケとアゼゴケの双方で作成し、表現型を観察することで種分化機構を探る。本支援により、種分化機構を調べるための手法を確立できた。</p>					
キーワード FA	種分化	RNA シーケンス	胞子体進化	ヒメツリガネゴケ	

(以下は記入しないで下さい。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入して下さい。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要 ^{EZ}

Sporophyte morphology is an important taxonomic character to classify bryophytes including mosses. Recent phylogenetic studies indicate that a moss genus *Physcomitrella* with a short seta arose at least three times from distinct ancestors within related genus *Physcomitrium* with a long seta (McDaniel et al. 2009 Evolution). The moss *Physcomitrella patens* has emerged as an important model with efficient transformation method (Schaefer and Zryd, 1997 Plant J.) and available genome information (Rensing et al. 2008 Science). We chose *Physcomitrella patens* from the genus *Physcomitrella* and *Physcomitrium sphaericum* from the genus *Physcomitrium*, respectively, as model species to examine the molecular mechanism of speciation.

We found that the reproductive organs and sporophytes of *Physcomitrium sphaericum* could be induced using same condition as *Physcomitrella patens* within 3 months. Also we succeeded to establish the transformation method of *Physcomitrium sphaericum* using same method as *Physcomitrella patens*. As the preliminary analysis for comparative transcriptomic analysis of sporophyte development between *Physcomitrella patens* and *Physcomitrium sphaericum*, we succeeded to synthesize RNA sequencing library from a single *Physcomitrella patens* sporophyte using quartz-seq method (Sasagawa et al. 2013). We could establish the methods to examine the molecular basis of speciation using *Physcomitrella patens* and the related species *Physcomitrium sphaericum*.