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	種の維持と多様性創出を生み出す酵母の2つのフェロモン認識機構の解析							
研究テーマ (欧文) AZ		Recognition mechanisms of two mating pheromones of the fission yeast							
研究代表名	ከ ጶ ከታ cc	姓) セイケ	名)タイスケ	研究期間 B	2016 ~ 2017 年				
	漢字 CB	清家	泰介	報告年度 YR	2017 年				
	□-マ 字 cz	Seike	Taisuke	研究機関名	国立遺伝学研究所				
研究代表者 cp 所属機関・職名		国立遺伝学研究所·日本学術振興会特別研究員(PD)							

概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)

生殖隔離は、種分化を促す重要な要因の一つである。これまで、性フェロモン及びその受容体の遺伝的な変化により、生殖隔離が生じることが、私たちの分裂酵母 Schizosaccharomyces pombe を使った実験により、直接証明された (Seike et al., PNAS, 2015)。しかし、フェロモンもしくはその受容体の変化は、通常、交配能力の低下を引き起こす。そのため、両者が機能を保ちつつ変化しなければならないと考えられるが、自然界でどのように共進化が起こるのかは不明であった。

分裂酵母には、2つの交配型 (Plus 型, Minus 型)があり、それぞれの細胞から分泌される性フェロモンペプチドをやり取りすることにより、異性細胞間で交配する。そこで自然界でのフェロモンと受容体遺伝子の多様性を調べるため、私たちは世界各地から単離された野生の分裂酵母 S. pombe を 150 株収集し、シークエンス解析を行った。その結果、各遺伝子内には多くの突然変異が蓄積しており、実験室株のものと比べて多様化していることが分かった。それにも関わらず、M型フェロモン及びその受容体には、アミノ酸を変えるような変異は全く入っておらず、実験室株のものと完全に一致した。一方、面白いことに、P型フェロモン及びその受容体は極めて多様化していた。このように、酵母の性フェロモンが、"非対称に"多様化する生物学的意義は不明であるが、おそらく受容体の特異性の違いから生じると考えている。こうした 2 つの特異性の異なるフェロモン認識機構は、酵母が種間の維持を図りつつ、同時に多様性の創り出すのを可能にしているかもしれない。

キーワード FA	分裂酵母	性フェロモン	生殖隔離	種分化

(以下は記入しないでください。)

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

务	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ください。)									
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	論文標題GB									
誌	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	著者名 HA									
書	書名 HC									
	出版者 нв		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

Reproductive isolation is one of the key mechanisms of speciation. We have previously demonstrated that genetic changes in genes encoding sex pheromones and their coresponding receptors trigger reproductive isolation in the fission yeast *Schizosaccharomyces pombe* (Seike et al., PNAS, 2015). However, the loss of pheromone activity generally results in lineage extinction; therefore, the coevolution of pheromones and receptors might occur gradually and coincidently before the occurrence of speciation. This is an attractive hypothesis for pre-zygotic isolation in yeasts, but the mechanisms of ongoing speciation through genetic alterations of pheromone-receptor systems in nature remain to be elucidated.

S. pombe cells can switch between two mating types: plus (P) and minus (M). Two haploid cells of opposite mating types mate via reciprocal stimulations by their mating pheromones. To address how coevolution of the pheromones and the receptors occurs in nature, we first examined the primary structures of the pheromones and their receptor genes in 150 non-standard S. pombe strains whose origin differs from the standard laboratory strain. Interestingly, the amino acid sequences of M-pheromone and its receptor were completely conserved, whereas those of P-pheromone and its receptor were very diverse. Thus, the recognition specificity of the M-pheromone was high whereas that of the P-factor was low. Overall, the biased system for pheromone recognition allows for flexible adaptation in yeasts and mutational changes in combinations of pheromones and receptors while maintaining high recognition for mating partners.