

2008年8月24日 日本進化学会シンポジウム

**昼咲きから夜咲きへの進化：**  
F2雑種を使った野外実験と  
ESTによる候補遺伝子探索

矢原徹一・廣田峻・新田梢・安元暁子  
九州大学理学研究院

# 昼咲き種と夜咲き種の違い

ハマカンゾウ



昼咲き・赤花・匂いなし

アゲハチョウ類に適応

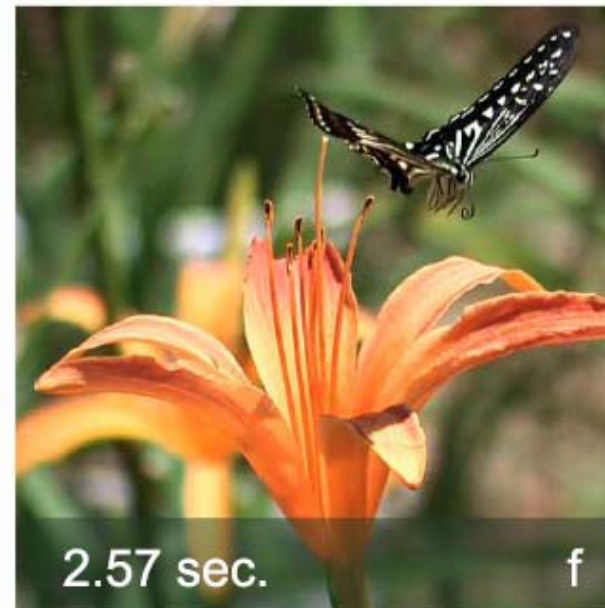
キスゲ(ユウスゲ)



夜咲き・黄花・匂いあり

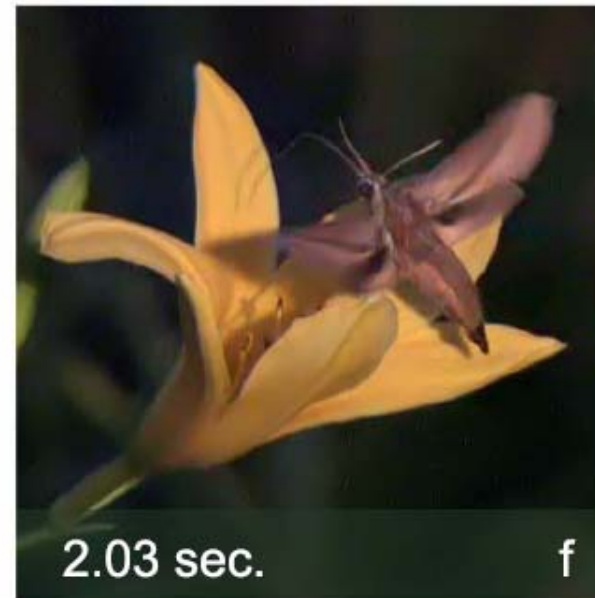
夜行性の蛾に適応

ナミアゲハ



Yahara, Kim, Kato, Hirota, Nitta, Yasumoto, and Kawakubo (unpublished)

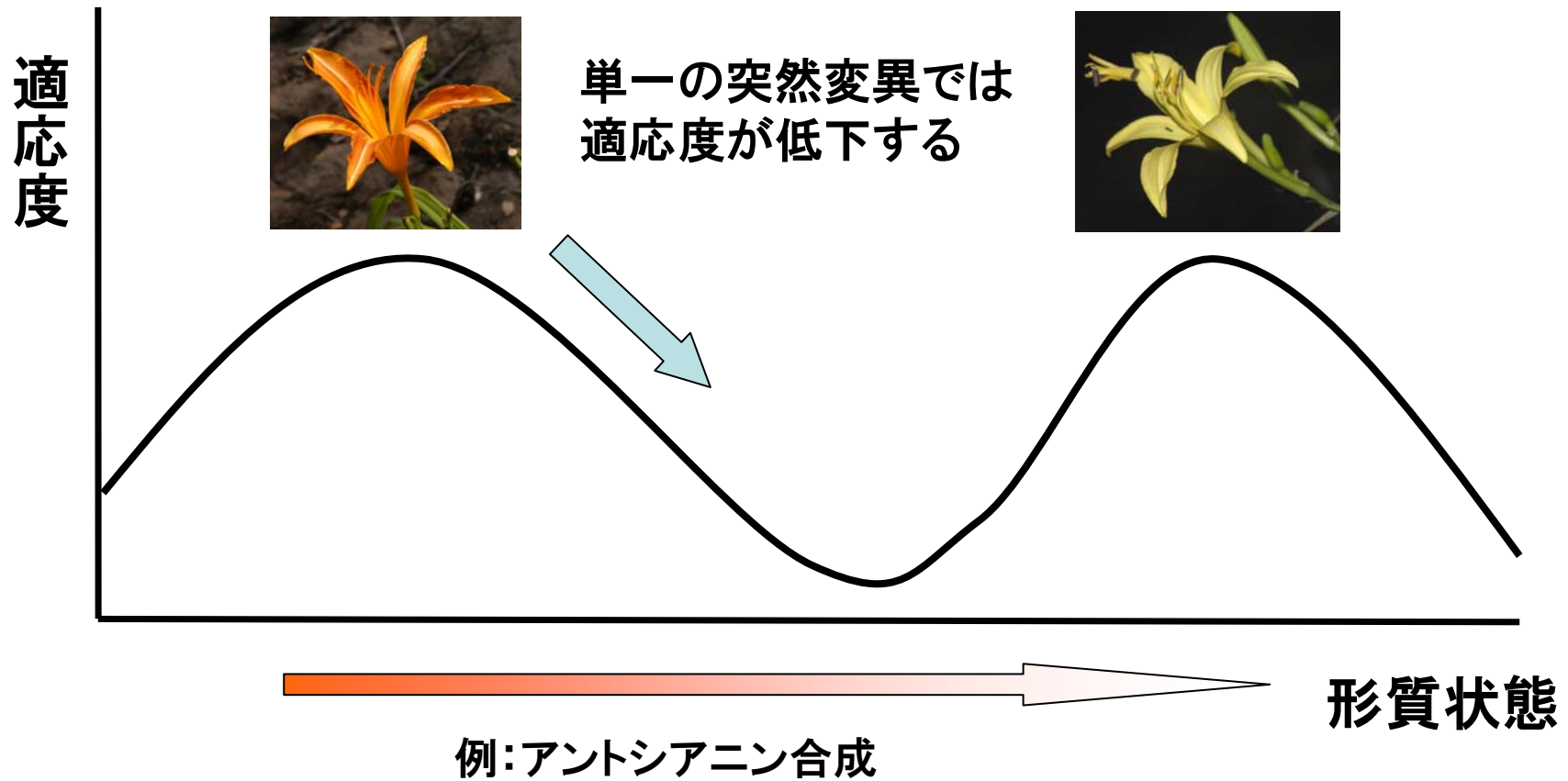
コスズメ



Yahara, Kim, Kato, Hirota, Nitta, Yasumoto, and Kawakubo (unpublished)

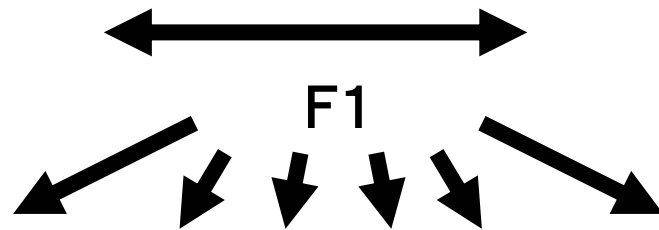


# 適応度のピークシフトの謎



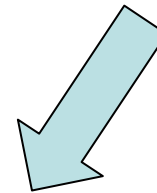
# キスゲ・プロジェクト

- 協調して働く形質群(シンドローム)の進化



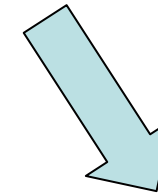
F2: 花色・花形態・開花時間が分離

F1/F2世代の育成

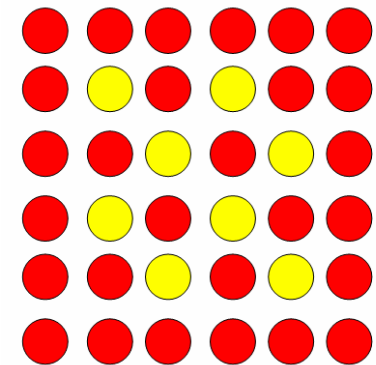


遺伝的背景

ESTライブラリー  
候補遺伝子解析



進化の実験



# 目次

- 交配実験
  - 開花時間制御の遺伝的背景
- 候補遺伝子解析
  - 花色
  - 花香
- 野外実験
  - アゲハ類とスズメガ類の選好性
- 結論



ハマカンゾウ



キスゲ

雑種F1世代  
(ハマカンゾウ胚珠 × キスゲ花粉)



交配・雑種作成: 安元



雑種F2世代 (F1世代の兄弟交配)





# 開花と閉花のステージ

①開花開始



②内花被片開花



③開花最大



④閉花開始



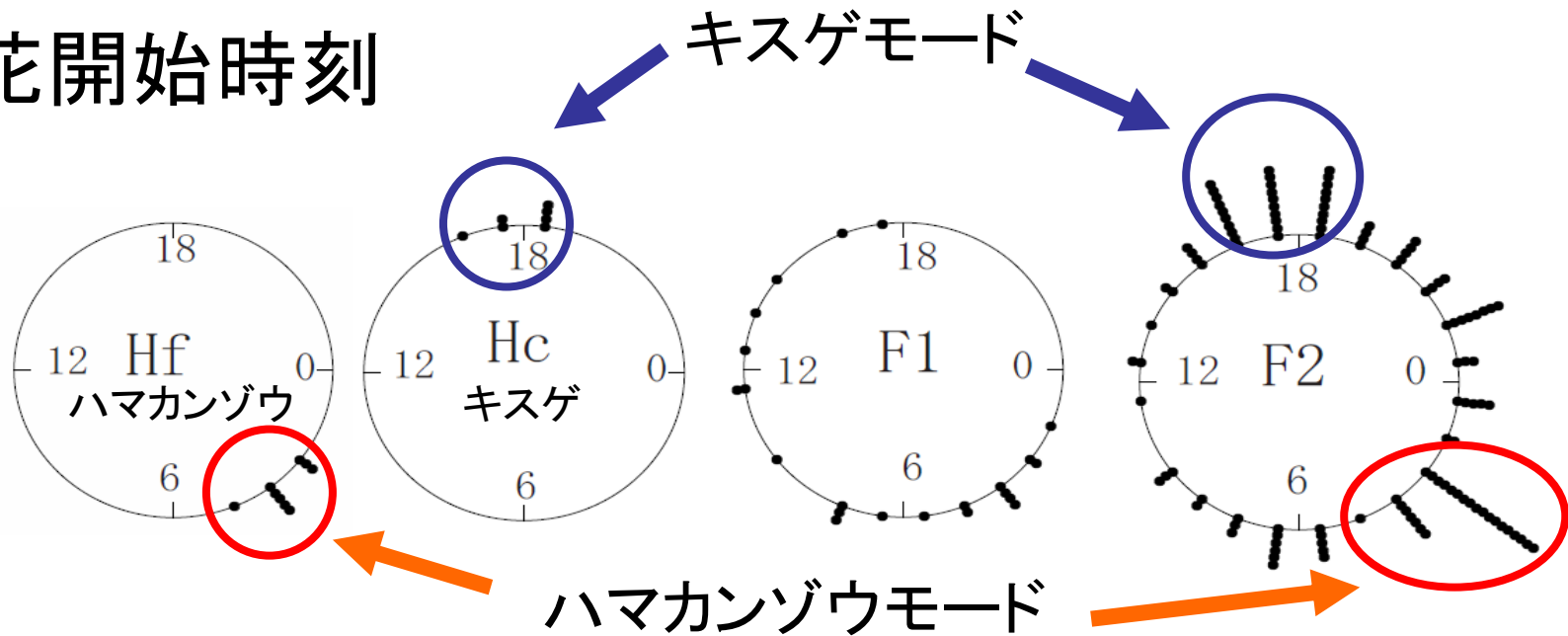
⑤内花被片閉花



⑥閉花完了

# 結果

## ① 開花開始時刻



- 開花開始時刻は、2つのモードをもつ  
ハマカンゾウおよびキスゲのモードに相当  
→ 主要な遺伝子によって制御されている  
サーカディアンリズムの制御を受けている

# 植物概日リズムに関わるシス要素

- EE: Evening Elements
  - AAAATATCT
- CBS: CCA1-binding site
  - AAAAATCT

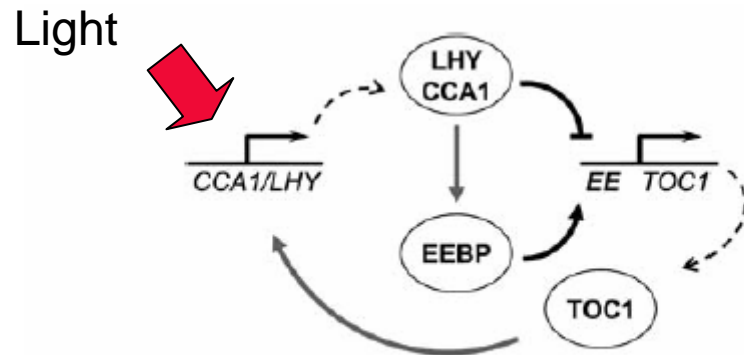


Figure 7. A Secondary Loop Acts within the Plant Central Clock.

CCA1: circadian clock associated 1

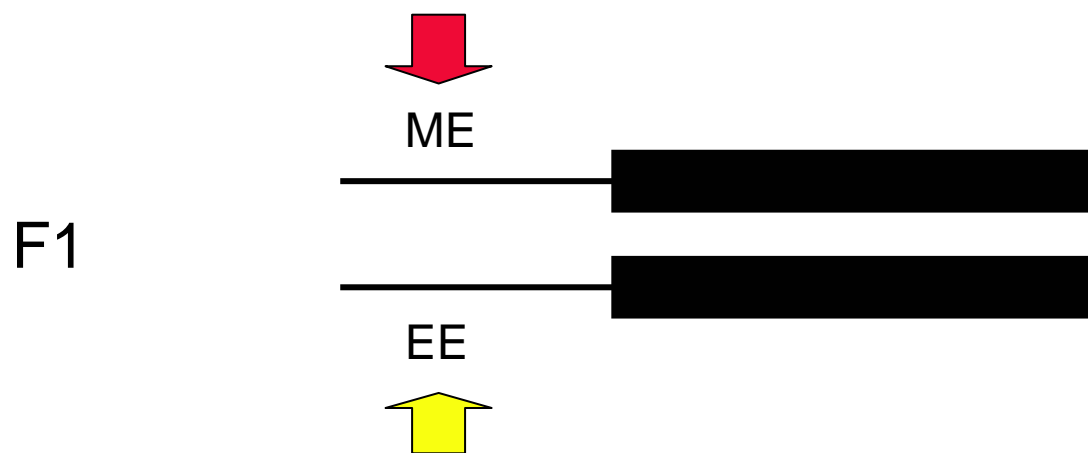
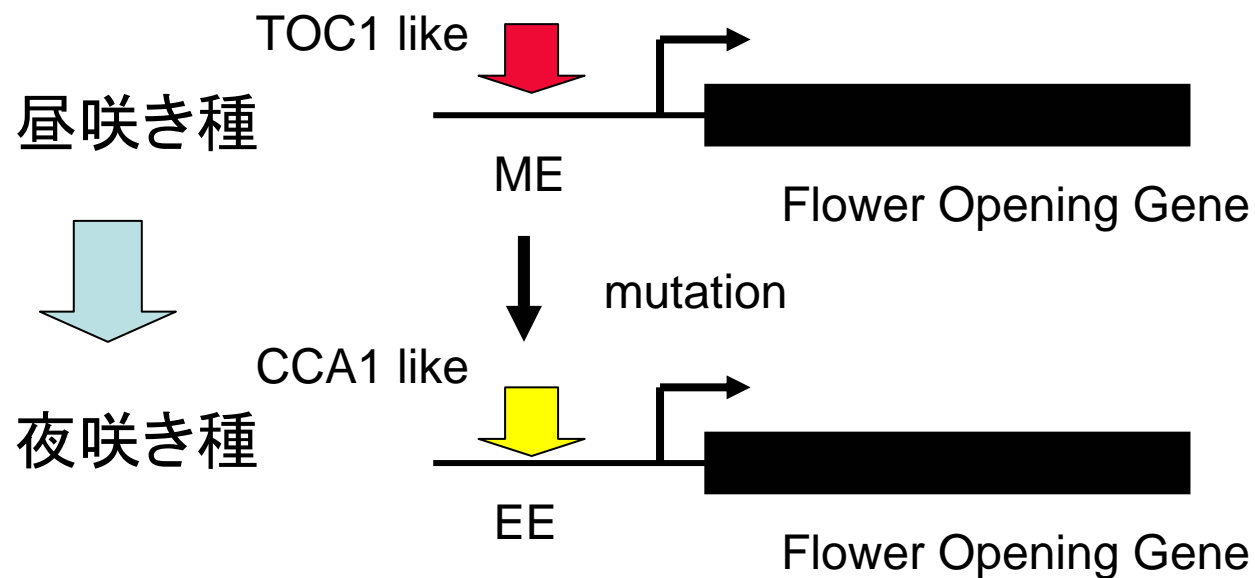
LHY: late elongated hypocotyl

TOC1: Timing of cab expression 1

Harmer & Kay (2005)

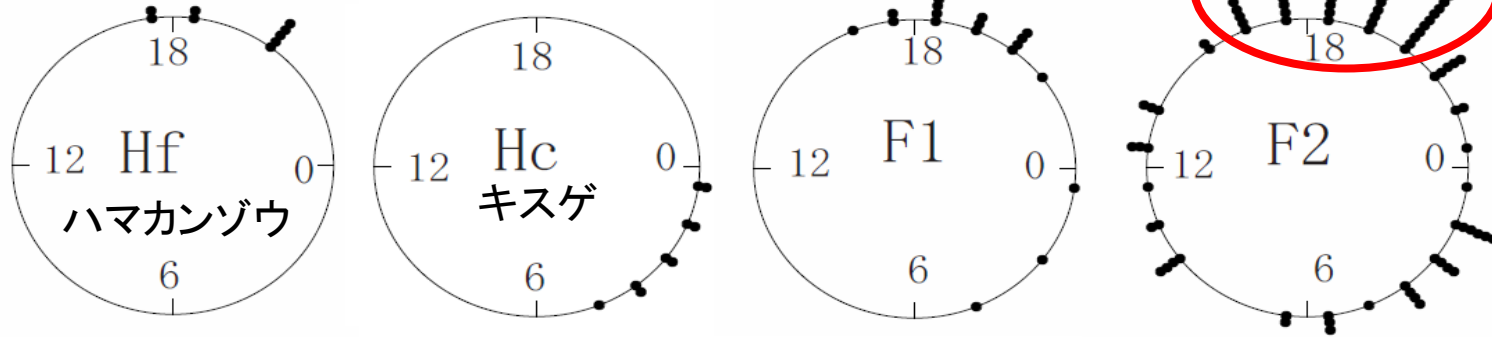
Plant Cell 17: 1926-1940

# キスゲ属での夜咲き進化のモデル



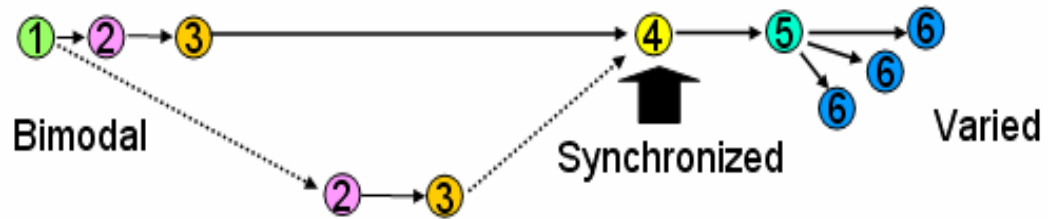
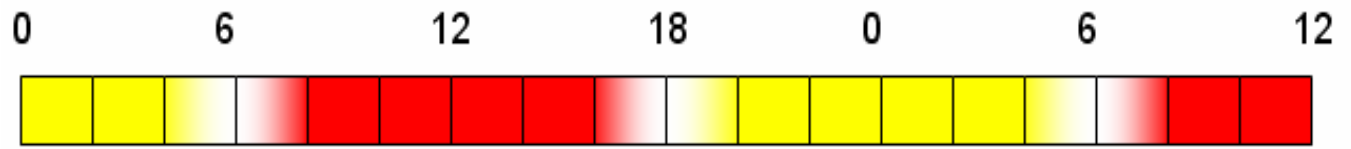
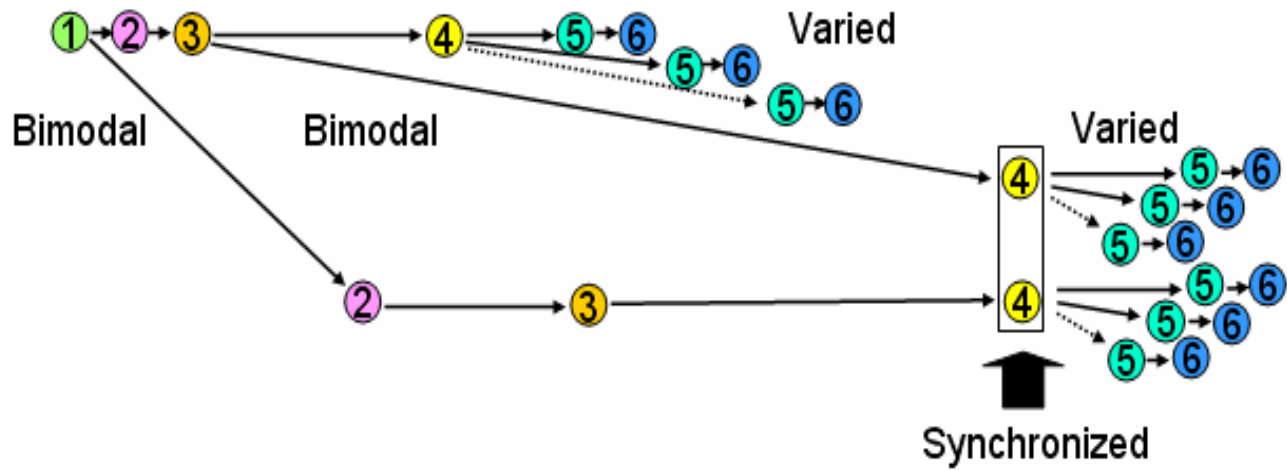
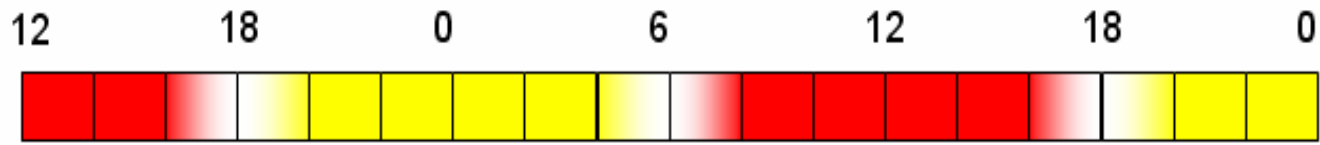
大部分は夕方

#### ④ 閉花開始時刻



- 閉花開始時刻は、夕方が大部分をしめる  
→ 開花開始時刻と別の主要遺伝子によって制御  
サーカディアンリズムの制御を受けている





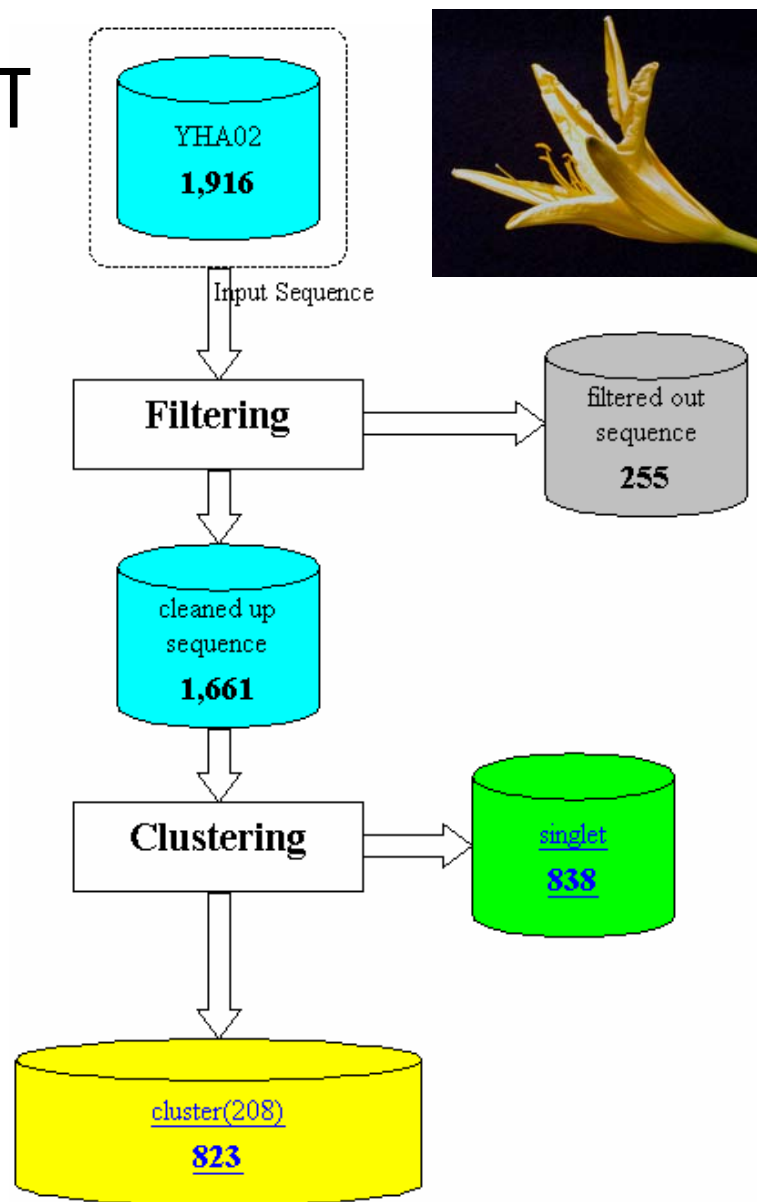
# 開花時間制御の遺伝的背景

- 開花開始遺伝子
  - 朝開花か夕開花かを定める
  - おそらく概日リズムに関わるシス要素の変化
- 閉花開始遺伝子
  - 朝閉花か夕閉花かを定める
  - 「夕閉花」が優性
  - 光による制御→昼間を経験すると必ず閉花する
- ポリジーン
  - つぼみの生長の制御
  - 閉花開始後の「老化」過程の制御

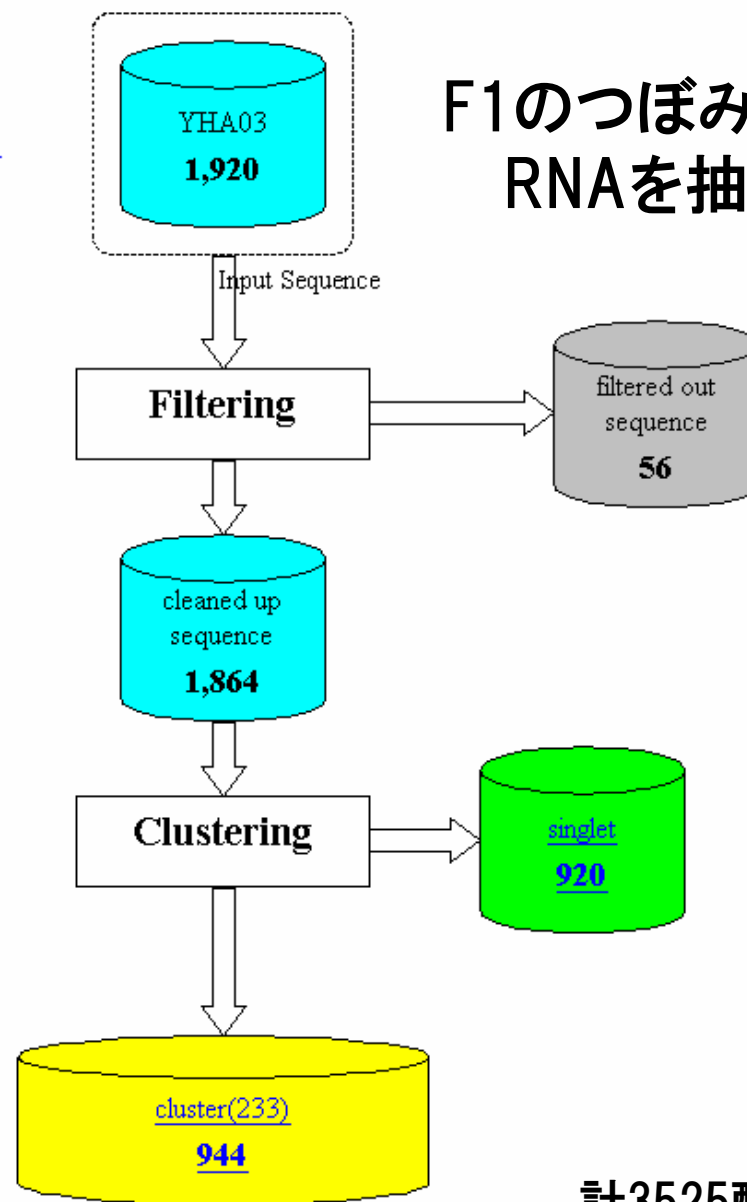
# 目次

- 交配実験
  - 開花時間制御の遺伝的背景
- 候補遺伝子解析
  - 花色
  - 花香
- 野外実験
  - アゲハ類とスズメガ類の選好性
- 結論

EST



F1のつぼみから  
RNAを抽出



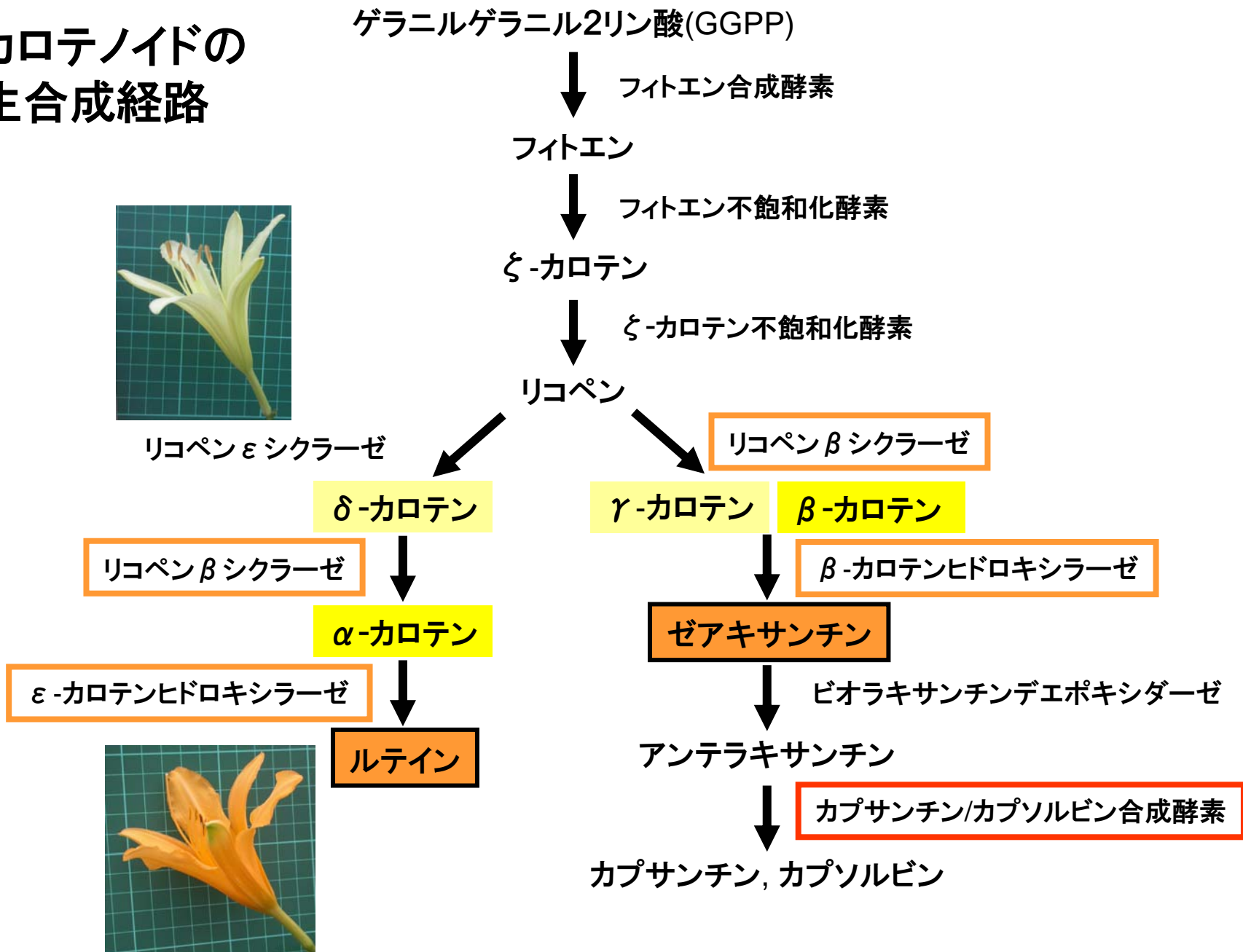
計3525配列

# 花色・花香生産に関わる候補遺伝子

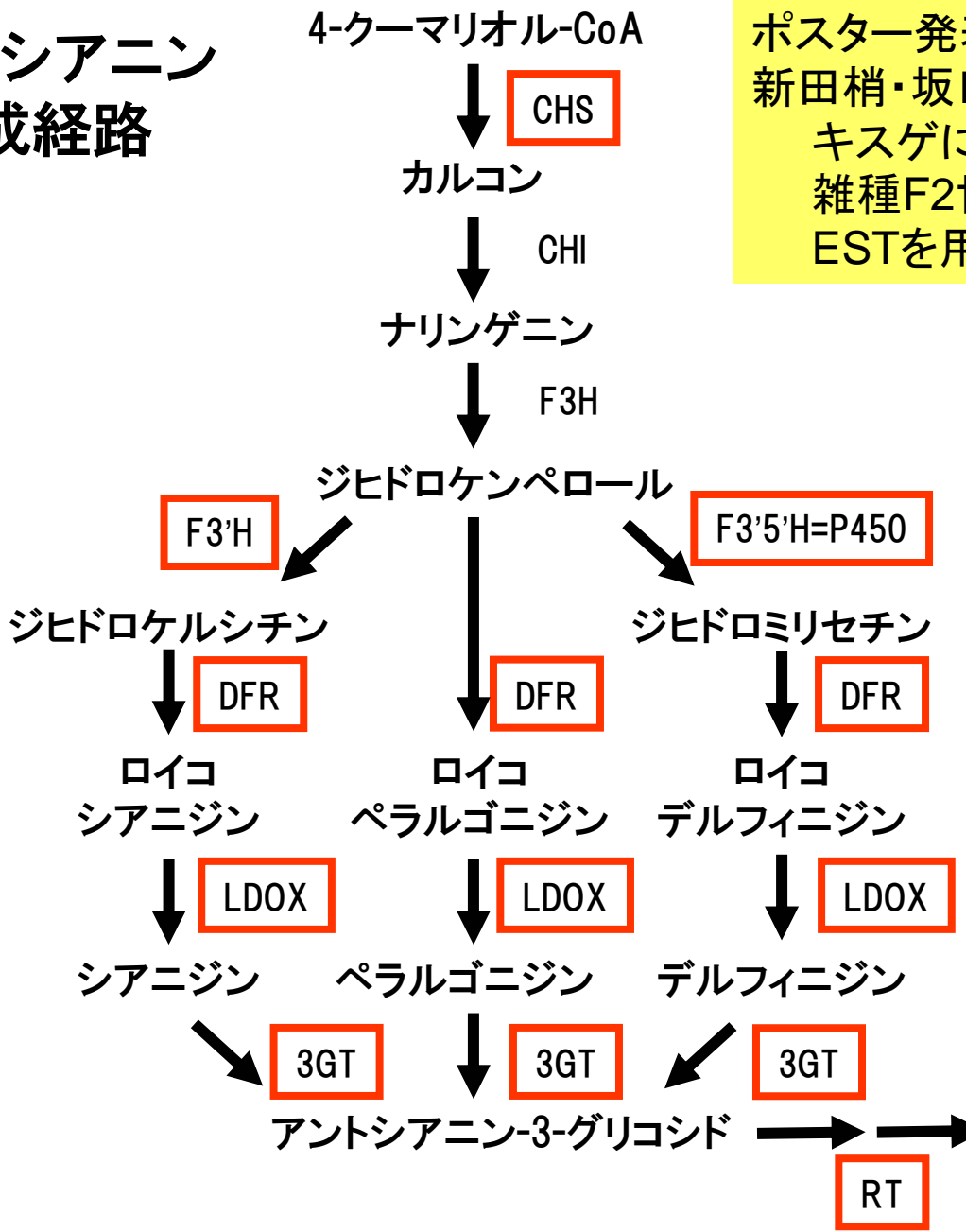
Group	Function	Accession No(登録後に修正)	Annotation
Color pigment	anthocyanin biosynthesis	cluster 38	chalcone synthase (CHS)
Color pigment	anthocyanin biosynthesis	cluster 5	cytochrome P450
Color pigment	anthocyanin biosynthesis	cluster 134	cytochrome P450
Color pigment	anthocyanin biosynthesis	YHA02A01NGRL0003_P24	dihydroflavonol 4-reductase (DFR)
Color pigment	anthocyanin biosynthesis	cluster 132	flavonoid 3-O-glucosyltransferase (3GT)
Color pigment	anthocyanin biosynthesis	YHA02A01NGRL0002_G08	flavonoid 3-O-glucosyltransferase (3GT)
Color pigment	anthocyanin biosynthesis	YHA02A01NGRL0004_I04	flavonoid 3-O-glucosyltransferase [Perilla frutescens] (3GT)
Color pigment	anthocyanin biosynthesis	YHA02A01NGRL0001_H23	leucoanthocyanidin dioxygenase (LDOX)
Color pigment	carotenoid biosynthesis	cluster 171	beta-carotene hydroxylase
Color pigment	carotenoid biosynthesis	cluster 102	chromoplast-specific lycopene beta-cyclase
Fragrance	benzoid biosynthesis	YHA02A01NGRL0003_H22	orcinol O-methyltransferase
Fragrance	benzoid biosynthesis	cluster 99	orcinol O-methyltransferase
Fragrance	benzoid biosynthesis	cluster 146	orcinol O-methyltransferase
Fragrance	benzoid biosynthesis	YHA02A01NGRL0005_C18	phenylalanine ammonia-lyase
Fragrance	benzoid biosynthesis	cluster 84	S-adenosyl-L-methionine synthetase (SAMS)
Fragrance	benzoid biosynthesis	YHA02A01NGRL0003_P20	S-adenosyl-L-methionine synthetase (SAMS)
Fragrance	monoterpene biosynthesis	YHA02A01NGRL0004_O13	1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate synthase (DXS)
Fragrance	monoterpene biosynthesis	YHA02A01NGRL0005_H22	1-deoxy-D-xylulose-6-phosphate synthase (DXS)
Fragrance	monoterpene biosynthesis	YHA02A01NGRL0004_A05	geranyl diphosphate synthase (GPS)
Regulatory factor	bHLH	YHA02A01NGRL0001_E21	basic helix-loop-helix (bHLH) family protein
Regulatory factor	bHLH	cluster 181	basic helix-loop-helix (bHLH) family protein
Regulatory factor	bHLH	YHA02A01NGRL0005_I20	bHLH protein family-like [Oryza sativa]
Regulatory factor	MYB	YHA02A01NGRL0005_I06	MYB protein [Oryza sativa]
Regulatory factor	MYB	YHA02A01NGRL0005_K06	MYB9 [Dendrobium sp. XMW-2002-9]
Regulatory factor	MYB	YHA02A01NGRL0001_K22	MYB-like transcription factor DVL1 [Antirrhinum majus]
Regulatory factor	MYB	YHA02A01NGRL0003_K07	myb-related protein 308 [snapdragon]; GHMYB9 [Gossypium hirsutum]
Regulatory factor	MYB	YHA02A01NGRL0003_H09	myb-related protein 308 [snapdragon]; GHMYB10 [Gossypium hirsutum]
Regulatory factor	WDR	YHA02A01NGRL0003_H06	WD-40 repeat family protein



# カロテノイドの 生合成経路



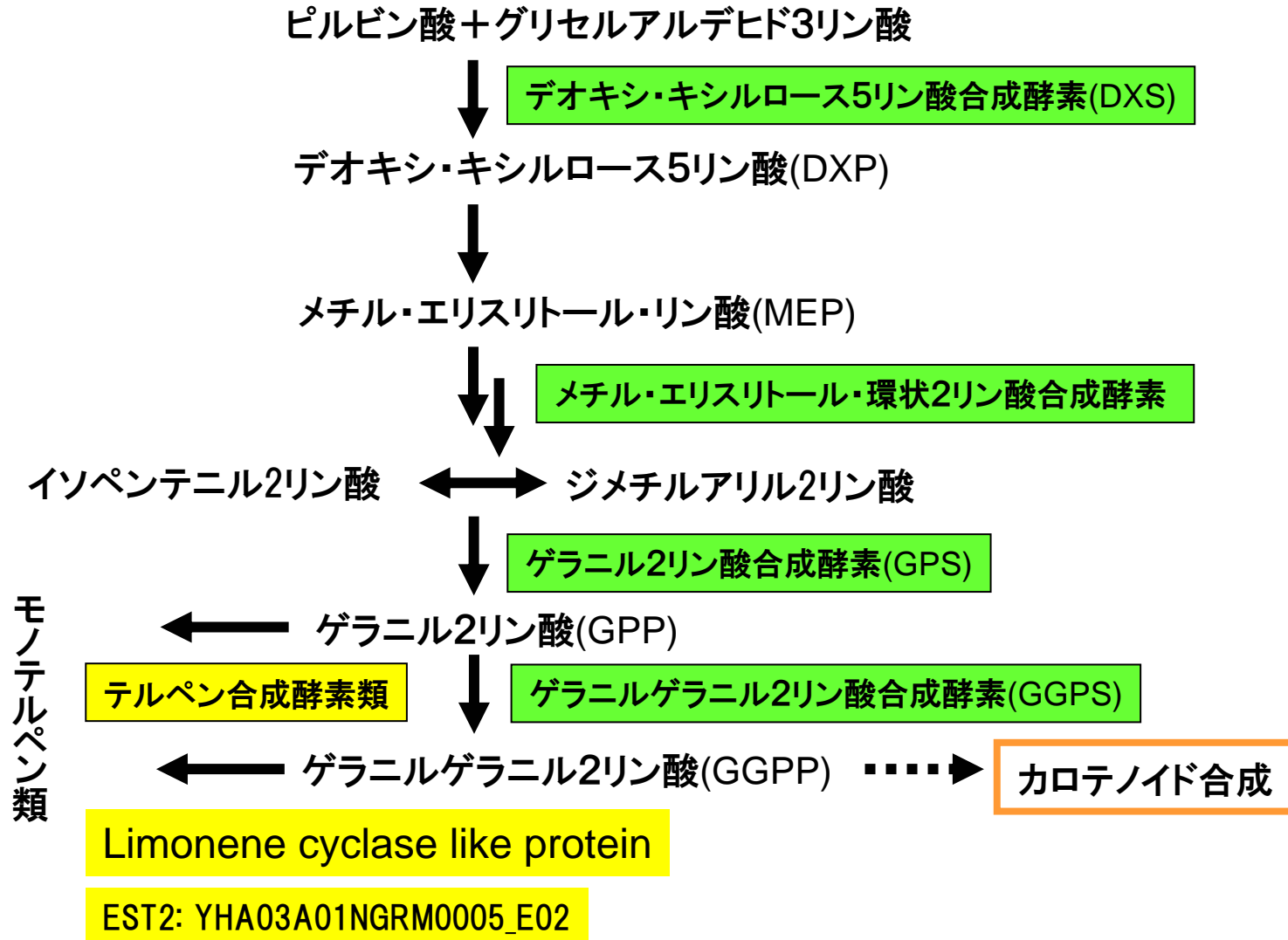
# アントシアニン 生合成経路



ポスター発表  
 新田梢・坂口祐美・安元暁子・矢原徹一  
 キスゲにおける花色の進化：  
 雑種F2世代の表現型と  
 ESTを用いた候補遺伝子の探索



# MEP回路によるモノテルペン類の生合成



# 昼咲き種から夜咲き種への遺伝的変化

## ■ 開花時間

- 昼咲きから夜昼咲きへ(開花開始遺伝子の変異)
- 夜昼咲きから夜咲きへ(閉花開始遺伝子の変異)

## ■ 花色

- オレンジから黄色へ(リコペン $\beta$ シクラーゼなどの機能欠損)
- 赤斑の消失(アントシアニン合成系の抑制)

## ■ 花香

- リナロール合成(リナロール合成酵素の進化)

# 目次

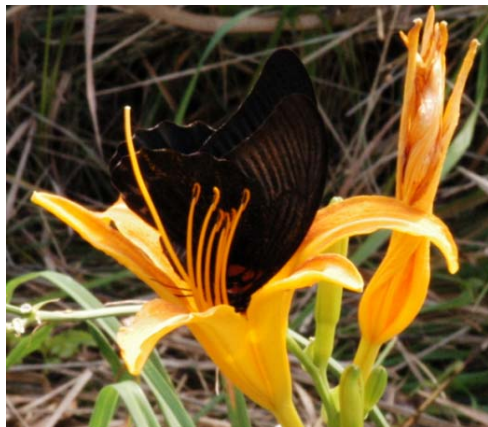
- 交配実験
  - 開花時間制御の遺伝的背景
- 候補遺伝子解析
  - 花色
  - 花香
- 野外実験
  - アゲハ類とスズメガ類の選好性
- 結論



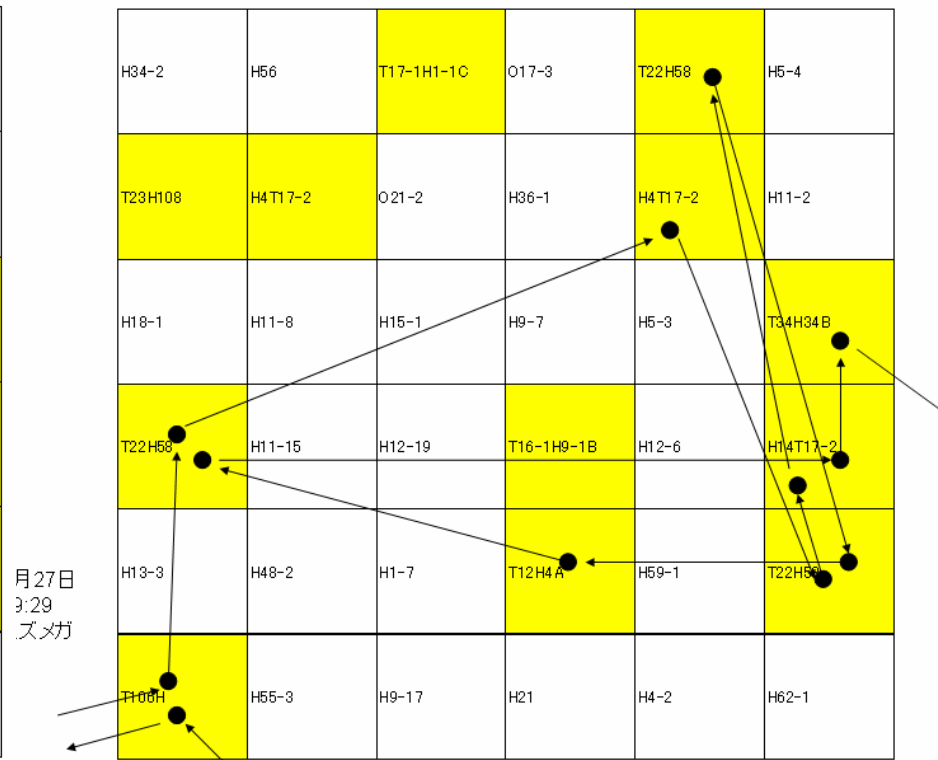
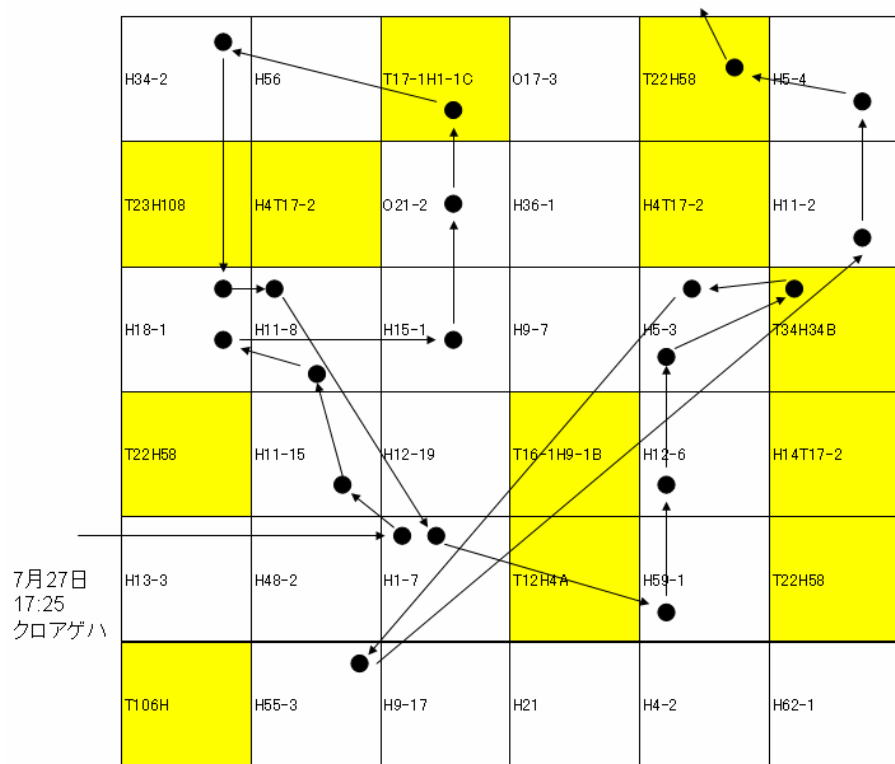
# ハマカンゾウとF1の実験集団



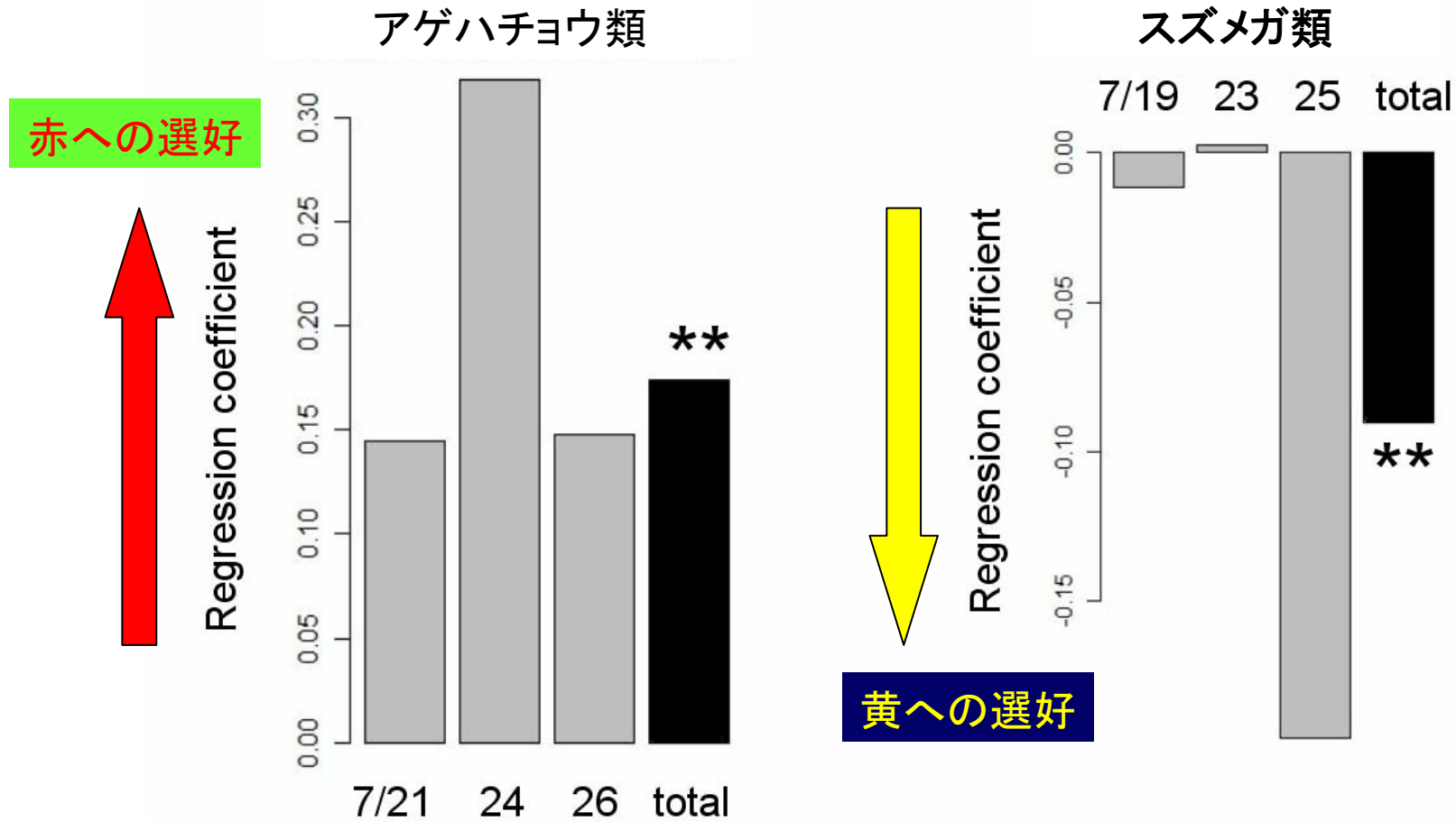
# クロアゲハ



# セスジスズメ

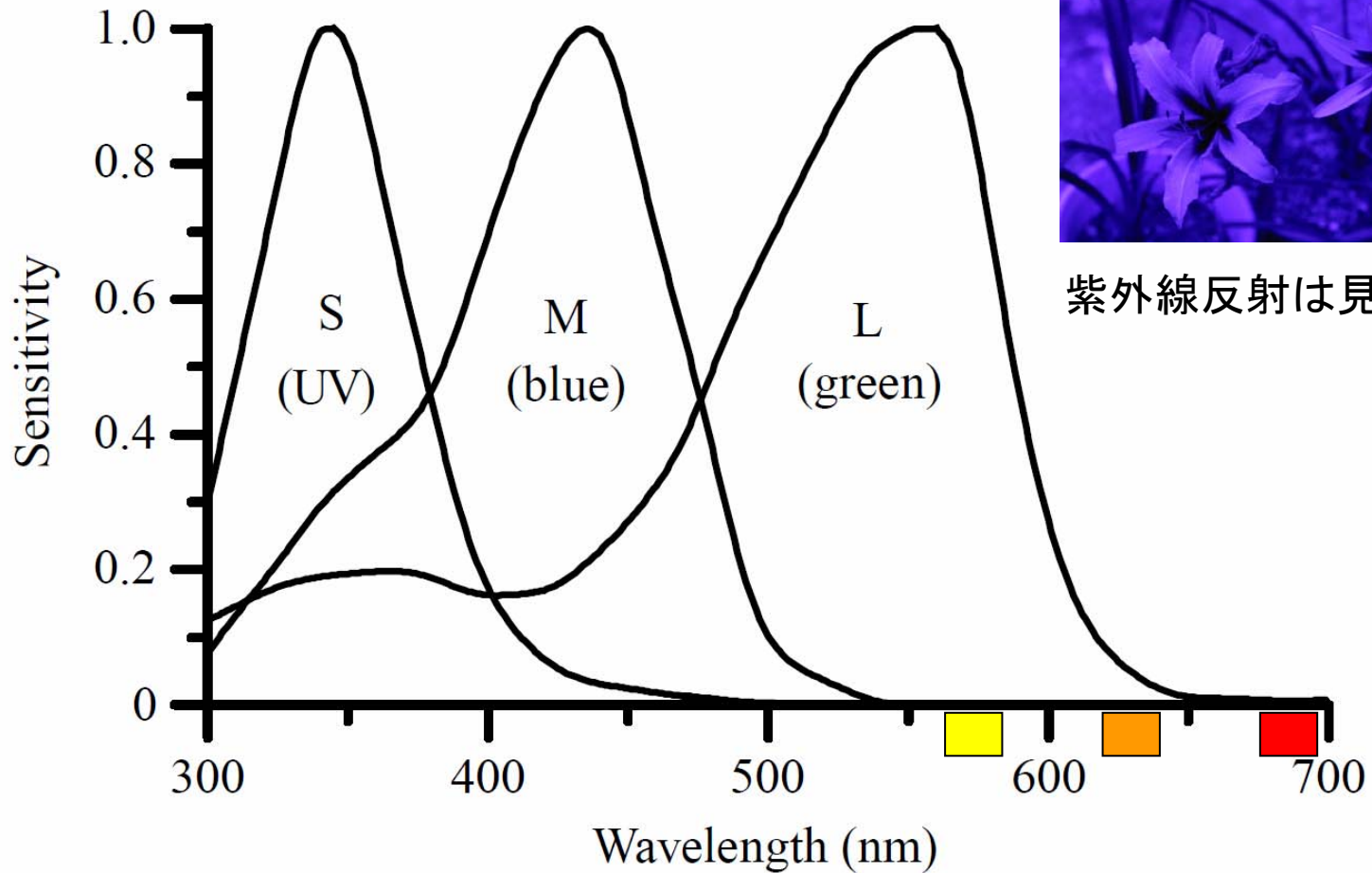


# ハマカンゾウ + F2混生集団



# Bee color vision

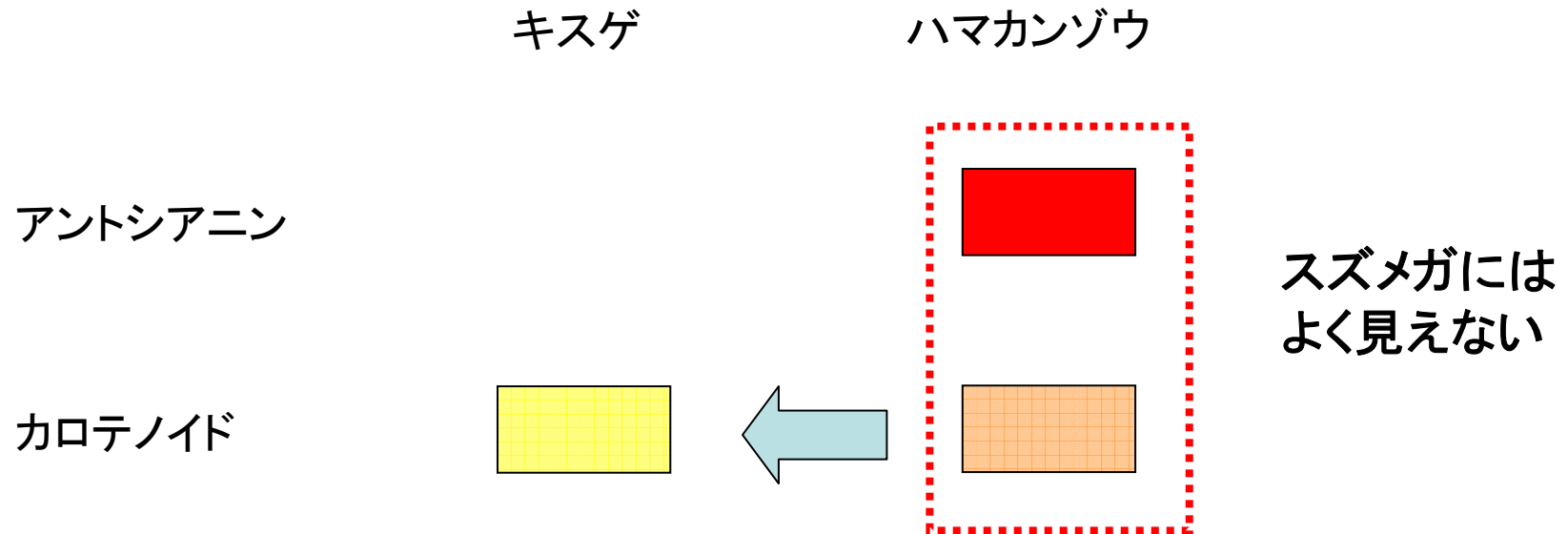
スズメガもほぼこれと同じ



Hempel de Ibarra et al. 2000



# キスゲとハマカンゾウの花色の効果



カロテノイドの違いがスズメガの選好性を決めているはず



# 結論

- 昼咲き種から夜咲き種への進化には多数の major gene が関与した
  - 開花開始遺伝子と閉花開始遺伝子
  - カロテノイド合成系とアントシアニン合成系
  - モノテルペン合成系など
- 初期過程ではアゲハチョウの利用度の低下が夜咲きへの進化を駆動した
  - カロテノイドの変化: オレンジから黄色へ
  - 開花開始遺伝子の変化: 昼咲きから夜昼咲きへ

# キスゲプロジェクトチーム





# 謝 辞

岐阜大学川窪研の  
金さん、加藤さん、川窪さん

