

Interspecific introgression and natural selection in the evolution of Japanese apricot (*Prunus mume*)

Koji Numaguchi^{1,2,*}, Takashi Akagi^{3,*}, Yuto Kitamura², Ryo Ishikawa¹ and Takashige Ishii¹

¹Graduate School of Agricultural Science, Kobe University, Nada-ku, Rokkodai 1-1, Kobe 657-8501, Japan,

²Japanese Apricot Laboratory, Wakayama Fruit Tree Experiment Station, Minabe, Higashi-honjo 1416-7, Wakayama 645-0021, Japan, and

³Graduate School of Environmental and Life Science, Okayama University, Kita-ku, Tsushima-naka 1-1-1, Okayama 700-8530, Japan

*For correspondence (e-mail numaguchi_k0001@pref.wakayama.lg.jp; takashia@okayama-u.ac.jp).

Abstract

Domestication and population differentiation in crops involve considerable phenotypic changes. The logs of these evolutionary paths, including natural/artificial selection, can be found in the genomes of the current populations. However, these profiles have been little studied in tree crops, which have specific characters, such as long generation time and clonal propagation, maintaining high levels of heterozygosity. We conducted exon-targeted resequencing of 129 genomes in the genus *Prunus*, mainly Japanese apricot (*Prunus mume*), and apricot (*Prunus armeniaca*), plum (*Prunus salicina*), and peach (*Prunus persica*). Based on their genome-wide single-nucleotide polymorphisms merged with published resequencing data of 79 Chinese *P. mume* cultivars, we inferred complete and ongoing population differentiation in *P. mume*. Sliding window characterization of the indexes for genetic differentiation identified interspecific fragment introgressions between *P. mume* and related species (plum and apricot). These regions often exhibited strong selective sweeps formed in the paths of establishment or formation of substructures of *P. mume*, suggesting that *P. mume* has frequently imported advantageous genes from other species in the subgenus *Prunus* as adaptive evolution. These findings shed light on the complicated nature of adaptive evolution in a tree crop that has undergone interspecific exchange of genome fragments with natural/artificial selections.

ウメの進化における種間遺伝子流動と選抜

作物における栽培化や品種分化は、劇的な形質変化を伴う過程である。これらの進化の痕跡（自然／人為選抜など）は、現存する集団のゲノム中にみいだすことができるが、長い世代期間、栄養繁殖などによって高いヘテロ性を維持する木本作物（果樹）においては、ほとんど研究されていない。そこで本研究では、ウメを中心としてアンズ、スモモ、モモの計 129 品種のバラ科サクラ属果樹についてエクソンを標的としたゲノム解読を行った。本データと、既報の中国のウメ 79 品種分のゲノムデータとを合わせてゲノム全体に渡って取得した一塩基多型情報に基づき、我々はウメの地理的分化（中国、日本、台湾）や人々の好み（花ウメ、実ウメ、小ウメなど）に応じた遺伝的分化を示唆した。さらに、ゲノム断片毎に連続的な集団構造解析を行ったところ、ウメとアンズ、スモモとの間に種間遺伝子流動が示唆されるゲノム領域が検出された。これらの領域は、ウメの成立や品種分化の過程においてしばしば強い選抜にさらされたことが示され、ウメが進化の過程においてスモモ亜属の他種から適応にとって有利な遺伝子を導入してきたものと考えられた。これらの発見は、種間における遺伝因子の交換ならびに自然／人為選抜を伴う、木本作物の複雑な進化を紐解く糸口となることが期待される。