

令和 3 年 5 月 31 日現在

機関番号：10101

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2018～2020

課題番号：18K06405

研究課題名(和文) 河川性サケ科魚類における適応形質の遺伝的基盤：大規模集団ゲノム解析へ向けて

研究課題名(英文) Genetic basis of adaptive traits in stream salmonids: toward a large scale population genomics

研究代表者

小泉 逸郎 (Koizumi, Itsuro)

北海道大学・地球環境科学研究院・准教授

研究者番号：50572799

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,400,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、大規模かつ長期的なデータが蓄積されている河川性サケ科魚類を対象にゲノム解析を行い、効率的な集団ゲノミクスを行うためのプラットフォームを構築した。これまでに収集した20年間50個体群のデータを整理し、滝の上下の個体群、および繁殖時期が早い個体と遅い個体を78個体選び、low coverage 全ゲノム解析を行った。さらにGWASにより残留型と回遊型(それぞれ滝の上と下の個体群)、および繁殖期時期に関連すると考えられる遺伝子座が見つかった。これにより今後、ターゲットとなる遺伝子座を絞って多数個体を解析することにより、数万個体規模の集団ゲノム解析が期待できる。

研究成果の学術的意義や社会的意義

次世代シーケンサー(NGS)の普及により非モデル生物でもゲノム構造や適応遺伝子が調べられるようになってきた。しかし、NGS解析はまだまだ高額であり、数万個体の解析はあまり現実的ではない。近年、1個体当たり多数の遺伝子座を読むのではなく、遺伝子座を絞って多数個体を解析するreduced representation sequencingという手法が考案された。本研究では、20年50個体群以上で詳細な生態データが蓄積されている調査系において、本手法を行う基盤を整えた。これにより今後数万個体規模で適応遺伝子と個体群動態を付き合わせて解析することで、野外における小進化過程を解明することが期待できる。

研究成果の概要(英文)：This research established an effective population genomic framework using a model system where long-term ecological data has been accumulated in 50 local populations over the last two decades. I examined large dataset and selected 78 individuals from populations above vs. below physical barriers and with early vs. late reproductive timing. Low coverage whole genome sequence suggested a few candidate genes for affecting residency vs. migratory, as well as for reproductive timing. This enables a cost-effective large scale population genomic analysis by reduced-representation sequencing.

研究分野：進化生態学

キーワード：繁殖時期 回遊多型 小進化 局所適応 サケ科魚類 メタ個体群

1. 研究開始当初の背景

かつて進化は長い時間を要するプロセスだと考えられていた。しかし、近年の人為的環境変化に対する生物の応答や、新天地における移入種の変化から、進化は観察可能な時間スケールでも起きていることが分かってきた。そこで、多くの進化生態学者が注目し始めたのが、生態と進化動態の相互作用 (Eco-evolutionary dynamics) である。つまり、進化は想像以上に早いスピードで起きるため個体群動態など生態的現象にも影響し、また、生態的变化が新たな進化を引き起こす、というアイデアである。しかし、生態-進化動態はわずかな実験的証拠と数多くの概念的な論文が出ている一方で、実際に自然下で生態-進化相互作用が起きているかどうかはほぼ未解明である。野外個体群で検証するためには詳細な個体群モニタリングと大規模集団ゲノム解析が必須であり、両者が満たされているシステムは非常に限られている。

2010年頃から次世代シーケンサー (NGS) が普及し、非モデル生物でもゲノム構造や適応遺伝子が調べられるようになってきた。一方、NGS解析はまだまだ高額であり、数万個体の解析はあまり現実的ではない。近年、大規模集団ゲノム解析を可能とするさらなる技術開発が進んできた。通常のNGSでは1個体当たり数百万という大量の遺伝子座を読むが、集団解析ではこれほどの遺伝子座は必要ないことが多い。逆に適応候補遺伝子座が特定されたら、それらを中心に解析遺伝子座を数百程度に限定することにより (RRS: reduced representation sequencing)、多数の個体を一度に解析することが可能となってきた。

2. 研究の目的

申請者は空知川に生息するオシロコマ (*Salvelinus curilus* サケ科イワナ属魚類) のメタ個体群を対象に、これまで20年間にわたり膨大な生態・遺伝データを蓄積してきた。さらに、野外調査と共通環境下飼育実験から、繁殖時期や回遊性といった個体群間分化に関わる重要な形質において局所適応が起きていることを明らかにしている。本研究では、これらの形質に関わる遺伝的基盤を調べ、大規模な集団ゲノミクス (RRS) を行うためのプラットフォームを確立した。

3. 研究の方法

個体群動態や繁殖時期など過去23年間の生態データを分析し、これまで蓄積されてきたDNA組織サンプルと照らし合わせて整理した。個体群動態に影響する残留・回遊性に関わる候補遺伝子座を調べるために自然の滝や堰堤などの上下で合計4個体群 (2ペア) を選定した。また、フィールド調査を行い、4個体群において繁殖時期が早い個体 (8月下旬~9月上旬) と遅い個体 (11月以降) のDNA組織を収集した。最終的に、過去のDNA組織と合わせて有用な生態的特徴がある72個体 (5個体群) の全ゲノムを次世代シーケンサー (DNBSEQ) で読んだ。さらに、比較として他の水系のオシロコマ4個体、およびアメマス (*Salvelinus leucomaenis*)、サクラマス (*Oncorhynchus masou*) それぞれ2個体のゲノムも解読した。

4. 研究成果

合計78個体のうち74個体で約20Gb (1.3億リード) 以上のデータが得られた。ゲノム解読済み

の近縁種ホッキョクイワナ（2.4Gb）と比較したところ個体当たり 5-10 カバレッジの全ゲノムデータが得られたことになる。空知川のオシロコマの 66 個体で調べたところ 100 万以上の SNP が検出された。

野外データから局所適応が示されている滝の上下の個体群（1 ペア）で遺伝的分化を調べたところ、分化が極めて大きい数領域が見つかり、滝の上の残留性に関わる適応遺伝子があることが示唆された。一方、これらの領域はもう 1 ペアの滝の上下個体群の違いとは一致していなかった。これは異なる遺伝的変異で同じ形質（残留性）を獲得しているか、残留性以外の分化形質を反映しているかのどちらかである。また、複数の個体群で繁殖時期が早い個体と遅い個体で GWAS を行ったところ、繁殖時期に関わる遺伝的基盤が強く示唆された。

この他、近縁種で見ついている表現型に関わる候補遺伝子領域近傍でも SNP が多数確認された。今後、適応遺伝子と中立遺伝子のターゲットを絞って多数個体の集団ゲノミクスを行う研究基盤が整った。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計1件（うち査読付論文 1件/うち国際共著 1件/うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 Watz JR, Otsuki Y, Nagatsuka K, Hasegawa K and Koizumi I	4. 巻 64
2. 論文標題 Temperature-dependent competition between juvenile salmonids in small streams	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Freshwater Biology	6. 最初と最後の頁 1534-1541
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1111/fwb.13325	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計0件

〔図書〕 計4件

1. 著者名 Whiteley AR, Penaluna BE, Taylor EB, Weiss S, Abadia-Cardoso A, Gomez-Uchida D, Koizumi I, Trotter P	4. 発行年 2019年
2. 出版社 American Fisheries Society	5. 総ページ数 777
3. 書名 Chapter 5. Trout and char: taxonomy, systematics, and phylogeography (Book title: Trout and Char of the World)	

1. 著者名 Muhlfeild CC, Dauwalter DC, D' Angelo VS, Ferguson A, Giersch J, Impson D, Koizumi I, Kovach RP, McGinnity P, Schoeffmann J, Vollestad LA and Epifanio J	4. 発行年 2019年
2. 出版社 American Fisheries Society	5. 総ページ数 777
3. 書名 Chapter 21. Global Status of Trout and Char: Conservation Challenges in the Twenty-First Century (Book title: Trout and Char of the World)	

1. 著者名 小泉逸郎	4. 発行年 2020年
2. 出版社 北海道大学出版会	5. 総ページ数 384
3. 書名 第3章「想像を超えたヒグマとサケの繋がり：互いに影響する生態と進化、そして生態系全体へ」 書名「ヒグマ学への招待－自然と文化で考える」	

1. 著者名 立木佑弥・堀田淳之介・小泉逸郎	4. 発行年 2019年
2. 出版社 京都大学学術出版会	5. 総ページ数 446
3. 書名 第4章「代替生活史戦術と個体群動態－行動学的基盤の視点から－」 書名「遺伝子・多様性・循環の科学：生態学の領域融合へ」	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------