

令和 6 年 5 月 23 日現在

機関番号：14401

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2019～2022

課題番号：19H03283

研究課題名(和文)大規模パターン解析と比較ゲノムで探る動物体表模様の局所的・大域的多様性と進化

研究課題名(英文)Local and global diversity and evolution of animal colorations explored by large-scale pattern analysis and comparative genomics

研究代表者

宮澤 清太(MIYAZAWA, Seita)

大阪大学・大学院生命機能研究科・特任准教授(常勤)

研究者番号：10377905

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,400,000円

研究成果の概要(和文)：動物の体表には多彩な模様パターンが見られます。模様パターンの多様性は、個々の生物分類群に特有の「局所的な多様性」と、系統をまたいで複数の分類群に共通に見られる「大域的な多様性」とに分けることができると考えられます。本研究課題では、魚類全体という大規模な生物分類群を対象とする網羅的な解析により、これら局所的・大域的多様性をあぶり出すとともに、比較ゲノム解析などのアプローチを用いて、模様パターンの多様性がなぜ、どのように生じるのか、そのメカニズムと進化プロセスの一端を明らかにしました。

研究成果の学術的意義や社会的意義

動物体表に見られる模様パターンは、同種識別や交配選択、擬態・隠蔽など、適応的にも大きな意義をもつと考えられる形質です。動物たちがなぜ模様をもつのかについてはこれまで多くの研究・議論がありましたが、模様パターンの形成メカニズムや進化プロセスについては、一部のモデル動物などを除いて多くが未解明のままでした。本研究の成果により、複雑なパターンが形成されるメカニズムや進化プロセス、パターン形成に関わる要因などについて新たな知見が得られ、動物の模様パターンの多様性を生み出すしくみについての理解が深まりました。

研究成果の概要(英文)：Animals have a wide variety of color patterns on their body surfaces. The diversity of these patterns can be divided into "local diversity," which is unique to individual biological taxa, and "global diversity," which is common across multiple taxa. In this research project, we conducted a comprehensive analysis of the large biological group of fish to elucidate both local and global diversity of color patterns. Using approaches such as comparative genomic analysis, we uncovered some aspects of the developmental and evolutionary mechanisms underlying them.

研究分野：生物多様性・進化

キーワード：模様パターン

## 様式 C-19、F-19-1、Z-19（共通）

### 1. 研究開始当初の背景

(1) 動物体表の模様パターンは生態的、適応的に重要な形質であり、生物多様性の象徴として多くの研究者の興味の対象となってきた。パターンの多様性が「なぜ、どのように」生じるのか、という問題は、体表模様という形質のみならず、生物の多様性と進化を考える上でも興味深いテーマの1つである。近年の研究より、模様パターンの「描き方」には、大きく分けて2種類の方法があることが明らかとなってきた。1つは、「ぬり絵型」と呼ばれるメカニズム、もう1つは「陣取り型」と呼ばれるメカニズムである (Miyazawa et al. 2010 *Nat. Commun.*, 宮澤 2012, *生物科学*)。これら2つの機構は互いに排他的なものではなく、多くの動物種では両者を組み合わせることで、複雑で多様な模様パターンが描かれていると考えられる。

(2) 一方、研究代表者らの最近の研究から、模様パターンの多様性には、「局所的多様性」と「大域的多様性」という2つの異なるレベルがあるということも明らかとなってきた。「局所的多様性」とは、ある特定の小規模な系統群の内部でのみ見られるパターンの多様性である。これに対し、「大域的多様性」とは、系統をまたいで、異なる複数の分類群に広く共通に見られる多様性のパターンを指す。こうした「多様性のレベル」の違いは、上述した模様パターンの「描き方」の違いと大きく関係している可能性が考えられた。

### 2. 研究の目的

本研究では、こうした模様パターンの「描き方」と「多様性レベル」の違いに着目しながら、幅広い分類群を対象とした模様パターン定量解析と比較ゲノム解析・トランスクリプトーム解析とを組み合わせることで、パターン形成に関わるメカニズム・ネットワークの構造を解き明かし、模様パターンの多様性が「なぜ、どのように」生じるのかという問いに対する答えを探ることを目的とした。

### 3. 研究の方法

本研究では、脊椎動物の中でもっとも多種の色素細胞・多彩な色彩パターンをもつ魚類をモデルシステムとして、以下の項目について研究を行った。

#### (1) 現生の魚類全科・全属を対象とした大規模パターン解析

海産、淡水産を合わせた現生魚種の全科・全属を対象とする大規模なパターン解析を行うため、模様パターンを含む魚類画像データの収集、解析用アプリケーションの開発およびデータベースの構築を行った。

#### (2) 系統比較法による魚類体表模様パターンの解析

前項で収集したデータをもとに、魚類体表模様パターンへの系統比較法 (Phylogenetic comparative methods) の適用を試みた。

#### (3) 特定の魚類分類群に着目した比較ゲノム解析

これらの結果をもとに、模様パターンに関する比較ゲノム解析を行う魚類分類群としてモヨウフグ属を選定し、代表種の全ゲノム解析および近縁種のリシーケンスと比較解析を行った。

#### 4. 研究成果

(1) 現生の魚類全科・全属の魚種を対象に、模様パターンのアノテーションを行うシステムの開発を行った。FishPix（国立科学博物館・魚類写真資料データベース）、FishBase（[www.fishbase.org](http://www.fishbase.org)）等のデータベースで公開されている写真資料などを活用し、個々の魚種・写真について模様パターンモチーフの有無を判定する Web ベースのアプリケーションを作製した。このシステムを用いることで、およそ 2 万点の写真データについてアノテーションを実行し、本研究開始時に既知であった魚類 34,000 種余りのうち過半数以上、約 18,000 種についての情報を網羅する魚類模様パターンデータベースを構築した（<https://github.com/seita42/fish-patterns> 図 1）。

(2) 蓄積したデータをもとに、さまざまな模様モチーフ間の機構的関連性を属内共起のパターンを用いて推定した。方向性のみが異なるストライプ模様など、見た目には似ていると認識できる模様モチーフ間でも機構的関連性が低いことがある一方、大きく異なる外観をもつ印象を与えるモチーフ間に直感とは反して強い機構的関連性が認められる場合があることを見出した。また、魚類全体で頻出する 11 の模様パターンモチーフに着目し、3 モチーフずつの組み合わせに関し、それぞれのモチーフが独立に進化する独立モデルと、あるモチーフの進化（獲得・喪失）が他のモチーフの状態に依存して遷移する非独立モデル、さらに、3 つのうち 1 つのモチーフのみ独立に獲得・喪失が生じる部分的独立モデルを考え、系統比較法を適用した検討を行った。この結果、調査対象とした主要魚類 10 目中 8 目において、特定の模様パターンモチーフ間の相関進化を示唆する結果が得られた。

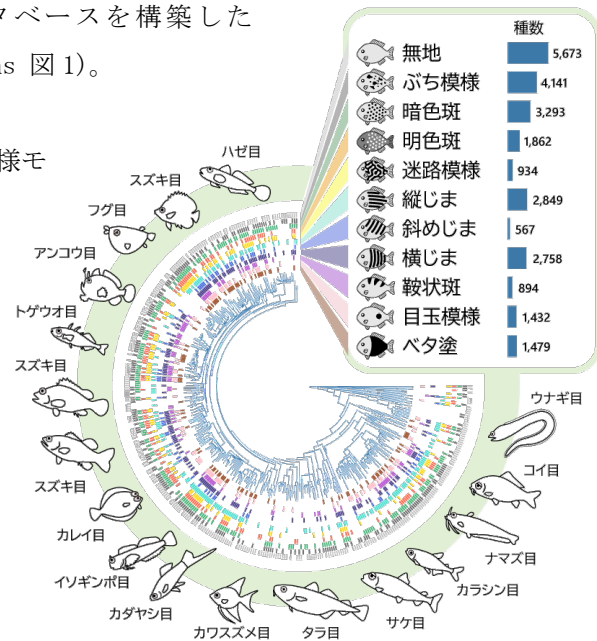


図 1 魚類体表模様の多様性

(3) 模様パターンに関する比較ゲノム解析を行う魚類分類群として、多様な模様パターンの魚種を含み脊椎動物で最小レベルのコンパクトなゲノムをもつと推定されるモヨウフグ属に着目し、うち 1 種（ホシフグ *Arothron firmamentum*）について全ゲノムシーケンスおよびドラフトゲノムアセンブリの構築を行い、公開した（aroFir\_1.0）。また、近縁種についても全ゲノムリシーケンス解析を実施した。このうち、博物館由来の液浸標本のみが得られていた稀少種については、シングルストランド DNA ライブラリ調整法等の ancient DNA 解析の手法を用いることで全ゲノムリシーケンスや比較ゲノム解析に成功した。これらの解析の結果、「大域的な多様性」をもたらす機構の例として、規則的な配置様式をもつ模様モチーフ間の相関進化の可能性や、それらの背景となるメカニズムについての示唆が得られた。

#### <引用文献>

- ① Miyazawa, S., Okamoto, M., & Kondo, S. (2010) Blending of animal colour patterns by hybridization. *Nature Communications*, 1(1), 66. <https://doi.org/10.1038/ncomms1071>
- ② 宮澤清太、(2012) 動物の模様を「混ぜる」とどうなるか?、*生物科学*, 63(3)、149-156.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計3件（うち査読付論文 2件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 2件）

1. 著者名 宮澤 清太	4. 巻 92
2. 論文標題 魚の体表模様の多様性を探る	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 科学	6. 最初と最後の頁 974-981
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
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 -

1. 著者名 Miyazawa Seita	4. 巻 6
2. 論文標題 Pattern blending enriches the diversity of animal colorations	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Science Advances	6. 最初と最後の頁 eabb9107
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1126/sciadv.abb9107	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 Kondo Shigeru, Watanabe Masakatsu, Miyazawa Seita	4. 巻 379
2. 論文標題 Studies of Turing pattern formation in zebrafish skin	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences	6. 最初と最後の頁 20200274
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1098/rsta.2020.0274	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

〔学会発表〕 計8件（うち招待講演 1件/うち国際学会 2件）

1. 発表者名 宮澤 清太
2. 発表標題 魚類体表模様パターンへの系統比較法適用の試み
3. 学会等名 日本進化学会第23回オンライン大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Seita Miyazawa
2. 発表標題 How fish got their complex color patterns
3. 学会等名 The 2nd AsiaEvo Conference (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 宮澤 清太
2. 発表標題 フグ科魚類の体表模様と種間交雑
3. 学会等名 第38回個体群生態学会大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 宮澤 清太
2. 発表標題 魚の虫食い模様が生まれるしくみを考える
3. 学会等名 新潟大学 形の科学研究センター シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Seita Miyazawa
2. 発表標題 Can "pattern blending" cause speciation through hybridization?
3. 学会等名 Gordon Research Conference Speciation (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 宮澤 清太
2. 発表標題 モヨウフグ属魚類の模様と系統
3. 学会等名 日本進化学会第22回オンライン大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 宮澤 清太
2. 発表標題 魚類体表模様パターンの多様性と進化
3. 学会等名 日本進化学会第21回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 宮澤 清太
2. 発表標題 魚類模様パターンデータベースの構築と活用
3. 学会等名 日本動物学会第94回大会
4. 発表年 2023年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 Miyazawa Seita, Watanabe Masakatsu, Kondo Shigeru	4. 発行年 2021年
2. 出版社 Springer, Singapore	5. 総ページ数 484
3. 書名 Pigments, Pigment Cells and Pigment Patterns (Hashimoto, H., Goda, M., Futahashi, R., Kelsh, R., Akiyama, T. Eds.)	

〔産業財産権〕

〔その他〕

動物のふしぎな模様、どうしてできる？

[https://www.fbs.osaka-u.ac.jp/ja/research\\_results/papers/detail/1011](https://www.fbs.osaka-u.ac.jp/ja/research_results/papers/detail/1011)

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
---------	---------