

令和 6 年 6 月 17 日現在

機関番号：32658

研究種目：研究活動スタート支援

研究期間：2022～2023

課題番号：22K20667

研究課題名（和文）河川性魚類の在来, 外来, 交雑個体群の適応と存続に関する生態・遺伝基盤の解明

研究課題名（英文）Ecological and genetic bases related to adaptation of native, non-native, and hybrid populations of stream-dwelling fish

研究代表者

福井 翔 (Fukui, Sho)

東京農業大学・生物産業学部・助教

研究者番号：20965553

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 2,200,000 円

研究成果の概要（和文）：本研究の目的は、在来、外来および交雑個体の分布と存続に関する生態・遺伝基盤を明らかにすることである。具体的には、交雑個体の生態情報に富む北海道空知川の外来カワマスと在来イワナの交雑をモデルに、野外調査とRNA-seqを用いた適応関連遺伝子の探索を実施した。本研究の結果から、高水温河川と低水温河川の間で、代謝、免疫に関する遺伝子の発現量が異なっていることがわかった。こうした遺伝子が、交雑個体の水温適応に関与していると考えられた。今後、これまでに集めてきた過去の生態・環境データと照らし合わせ、適応関連候補遺伝子の時間的な分布の変動を追跡する研究の基盤が整った。

研究成果の学術的意義や社会的意義

不均質な生息環境のもとで、在来と外来、交雑個体がそれぞれ異なる適応度を示しうる中、どのような遺伝子が在来と外来、交雑個体の適応に寄与するのかという「問い」は、適応進化と外来種の遺伝的リスクの両面において本質的な課題である。本研究の成果は、野外における在来と外来、交雑個体の適応に寄与する遺伝基盤の一端を明らかにしたものであり、今後は、研究代表者がこれまで集めてきた生態・環境データと照らし合わせることで、在来と外来、交雑個体の存続に寄与する生態基盤の解明に貢献することが期待される。

研究成果の概要（英文）： To investigate ecological and genetic basis contributing distribution and sustainability of native, non-native, and their hybrid individuals, this study conducted field work and RNA-seq to screening the candidate adaptive genes, using a model system of stream-dwelling fish where long-term ecological data of hybrid individuals has been accumulated. In the results of RNA analysis, some candidate genes related to immunity and metabolism was detected. Such candidate genes might contribute to temperature-adaptation of hybrid individuals in the wild. These results enable a analysis investigating temporal-spatial change of the candidate adaptive genes by using ecological data and genetic samples of hybrid individuals has been accumulated over 10 years.

研究分野：進化生態学

キーワード：交雑 外来種 サケ科魚類

1. 研究開始当初の背景

新たな環境への進出と適応は、種分化を生起させる重要なプロセスである。その進出と適応の材料となる個体群内の遺伝変異は、新規突然変異に加え、集団が保持してきた遺伝的変異 (standing variation) や、同種他個体群からの遺伝子流動によってもたらされる。近年ではさらに、異種からの遺伝子流動 (異種間交雑) の重要性に注目が集まっており、自然状態での異種間交雑が多く分類群における迅速な種分化や適応放散の原動力となってきた証拠が得られている (Marques *et al.* 2019 *Trends Ecol. Evol.*)。このような進化生物学的な重要性の一方で、在来種と人為的にもたらされた外来種の間で生じる異種間交雑は、在来個体群の遺伝的な絶滅や局所適応した遺伝子組成の崩壊、外交弱勢を引き起こす懸念があり、保全生物学上の主要な問題のひとつともなっている (e.g. Allendorf *et al.* 2001 *Trends Ecol. Evol.*; Muhlfeld *et al.* 2014 *Nature Clim. Change*)。

しかし、実際の生態学的プロセスの中で、どのように異種間交雑が進行するかについての知見は限られている。特に不均質な生息環境のもとで、在来と外来、交雑個体がそれぞれ異なる適応度を示しうる中、外来遺伝子がどのように拡散し、頻度を増減させるのかという「問い」は、適応進化と外来種の遺伝的リスクの両面において本質的な課題である (Strait *et al.* 2021 *Evol. Appl.*)。しかし、それを実証するには、交雑個体の適応度に影響しうる遺伝的要因 (在来、外来遺伝子) と環境要因の双方を考慮する必要があるため、統合的な研究は北米の魚類など、ごくわずかな例にとどまっている (Strait *et al.* 2021 *Evol. Appl.*)。

2. 研究の目的

本研究の目的は、在来、外来および交雑個体の分布と存続に関与する生態・遺伝基盤を明らかにすることである。特に本研究課題では、交雑個体の生態情報に富む北海道空知川の外来カワマスと在来イワナの交雑をモデルに、野外調査と網羅的遺伝子発現解析を組み合わせ、(課題①) カワマスとイワナと交雑個体の空間分布と頻度を明らかにすること、(課題②) 高水温耐性などに着目しながら、適応関連候補遺伝子を探索 (スクリーニング) することを目指した。

3. 研究の方法

初年度は、北海道空知川のカワマス、イワナ、交雑個体の分布状況の把握と、遺伝標本の収集のために魚類捕獲調査を実施した。分布状況を把握するため、交雑が生じている支流を網羅するように設けた調査地点において、外来種と在来種、交雑個体の出現状況を調べた。初年度に捕獲した魚については、外部形態に基づき種判別したほか、研究代表者が所有する中立遺伝マーカー (マイクロサテライト DNA) を用いた過去の分布データも活用し、カワマスとイワナ、交雑個体の分布状況の把握に努めた。なお、これまでの研究から、本調査河

川のカワマスとイワナ、交雑個体の判別において、外見判別と遺伝解析に基づく判別の間で83%の一致率を示すことがわかっている (Fukui & Koizumi, 2020)。遺伝標本の収集については、特に水温耐性にかかわる候補遺伝子に着目して、夏季の最高水温が高い河川 (以後、「高水温河川」と低い河川 (以後、「低水温河川」) を選定し、調査河川の水温が最高値になる7月下旬にカワマス、イワナ、交雑個体を捕獲し、捕獲魚 (2 河川×3 個体) の脳と肝臓、筋肉 (計 18 サンプル) を研究室に持ち帰った。

次年度は、初年度に収集した遺伝標本を対象に、RNA-seq を実施した。リファレンスゲノムには、*Salvelinus namaycush* を使用した。得られたシーケンス・データは、高水温河川と低水温河川の標本間の発現量の差から発現変動遺伝子を抽出した後、GO エンリッチメント解析を実施した。

4. 研究成果

初年度において、7月と10月に空知川で野外調査を実施し、外来種のカワマス、在来種のイワナ、交雑個体の分布データと遺伝標本を収集することができた。その結果、過去20年で外来カワマスの移殖放流の記録が報告されていないものの、カワマスと交雑個体の分布が確認され、外来遺伝子が長期的に存続していることが明らかとなった。また、次年度の適応関連候補遺伝子の探索に必要な遺伝標本の入手が実現した。なお、一連の研究活動に伴う副次的成果として、本調査河川周辺では、外来種であるニジマスの個体数の割合が増加している一方、イワナと交雑個体の割合が減少していることが明らかとなった。

次年度に実施した遺伝解析では、18 サンプルのうち、RNA 品質に問題がなかった17 サンプルを RNA-seq に使用した。GO エンリッチメント解析では、交雑個体を用いた場合、高水温河川と低水温河川の標本間で、遺伝子発現量が有意に異なる多数の GO タームが見つかった。Biological Process (BP) では、“organic acid metabolic process”の GOterm をもつ15 個の遺伝子が ($p<0.01$)、“immune response”の GOterm をもつ94 個の遺伝子がそれぞれ有意に含まれていることがわかった ($p<0.01$)。Cellular Component (CC) のカテゴリーに関しては、“MHC class II protein complex”の GOterm をもつ7 個の遺伝子が検出された ($p<0.01$)。Molecular Function (MF) のカテゴリーでは、“chemokine activity”の GOterm をもつ20 個の遺伝子 ($p<0.01$)、“oxidoreductase activity, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen, reduced flavin or flavoprotein as one donor, and incorporation of one atom of oxygen”の GOterm をもつ18 個の遺伝子が検出された ($p<0.01$)。以上の結果から、代謝および免疫に関わる遺伝子が交雑個体の水温適応に関与していることが示唆された。今後は、得られた候補遺伝子を絞り込み、2013 年から集めているカワマス・イワナ・交雑個体の遺伝標本および生態・環境データを活用することで、適応関連候補遺伝子の時間的な分布の変動を追跡する予定である。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計0件

〔図書〕 計0件

〔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
---------	---------