

令和 3 年 6 月 21 日現在

機関番号：84202

研究種目：若手研究

研究期間：2018～2020

課題番号：18K14802

研究課題名（和文）淘汰・浸透を経験したミトゲノムと核ゲノム内関連遺伝子の共進化プロセスの解明

研究課題名（英文）Elucidation of the co-evolution process of mitogenome that experienced natural selection or introgression and the relevant genes in nuclear genome

研究代表者

田畑 諒一（Tabata, Ryoichi）

滋賀県立琵琶湖博物館・研究部・学芸員

研究者番号：00793308

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,200,000円

研究成果の概要（和文）：本研究では、自然淘汰の痕跡があった、もしくは浸透交雑を経験したミトコンドリアゲノムとミトコンドリア関連の核ゲノムの相互作用を見るため、日本淡水魚各種を対象に、核ゲノム解析（MIG-seqおよびRAD-seq、ゲノムリシーケンシングなど）、全ゲノム決定を行った。現在、ミトコンドリア関連遺伝子の抽出作業などは引き続き行っている最中であるが、本研究の中で、ヒナモロコの国内個体群における遺伝的攪乱による絶滅、ニゴイ類やナマズ類における地域個体群間での交雑、一部淡水魚での交雑による選択的な遺伝子流動の可能性が見いだされた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究で得られた最終的に得られる成果は、種間（もしくは種内の離れた系統間）交雑が起きた際や種が進化した際に生じる遺伝子の挙動という生物進化の重要なメカニズムを知ることができると期待される。また、これまでに得られた核ゲノム情報から、既に多くの種類で絶滅が危惧されている日本産淡水魚類において、種間もしくは種内系統間での交雑の実態を明らかにし、保護されているような種類、逆に身近な種類のいずれでも遺伝的攪乱における絶滅など危機的な状況が現在も迫っていることを明らかにした。

研究成果の概要（英文）：In this study, in order to examine the interaction between the mitochondrial genome which have had the sign of natural selection or experienced introgression and the nuclear genome which is related to mitochondria of Japanese freshwater fishes, various nuclear genome analyzes (MIG-seq and RAD-seq, genome resequencing) and the whole genome sequencing were conducted. Currently, I am continuing to analyze to extract mitochondrial-related genes. In this study, the possibility of extinction of the domestic population of *Aphyocypris chinensis* due to genetic disturbance, hybridization between the regional populations of catfish or *Hemibarbus* fish, and selectively introgression of the nuclear genome which is related to mitochondria in some freshwater fish were found.

研究分野：進化生物学

キーワード：自然淘汰 浸透交雑 集団遺伝 進化 ゲノム不和合 琵琶湖 淡水魚

1. 研究開始当初の背景

生物多様性の創出・維持機構の遺伝的基盤の解明は、進化生態学の最重要課題のひとつである。その中で、集団の分化や生殖隔離の発達に関連して、「ゲノム不適合」の問題は、極めて重要な課題である。申請者はこれまで、琵琶湖の魚類群集の歴史について、固有種を中心にその複層的な起源や、琵琶湖の固有魚類の一部におけるミトゲノムに生じた自然淘汰の可能性を明らかにしてきた。一方で、ミトコンドリアの機能に関連する遺伝子は核ゲノムにも多数存在しており、それらはミトゲノム中の遺伝子および核ゲノム中の他の関連遺伝子と密接に関係し合っており、生命活動の維持に寄与している。しかし、ミトゲノムに自然淘汰が生じていた場合や異種間での遺伝子浸透が生じた場合における、核ゲノムとミトゲノムの協調性は不明である。核—ミトゲノム間の協調性に関する問題は、集団分化や生殖隔離の発達など異所的種分化に関連した重要な課題であるゲノム不和合問題の一つである。これらを明らかにすることは、その分子進化プロセスを解明するモデルケースになるとされる (Burton & Barreto 2012 Mol Ecol 21.20)。この問題がいまだ明らかにされていない理由として、ミトコンドリア関連の核遺伝子は非常に多く、それらを網羅することの困難さから、多種で分子進化パターンや、交雑による遺伝子浸透、発現量のパターンの比較が難しいことがあげられる (Hill 2015 Mol Biol Evol 32.8)。また、二次的接触や交雑など、進化や種分化の途上で伴う現象に付随するミトゲノム—核ゲノムの共進化の比較には、mtDNA 以外に、多数の核 DNA 配列情報を用いた強固な系統樹・集団データに基づく検討が必要である。

2. 研究の目的

本研究では、湖沼適応や浸透交雑を経験した琵琶湖産魚類や日本産淡水魚を対象とし、ミトコンドリア関連の核遺伝子とミトゲノムの相互作用に注目する。ミトゲノムで自然淘汰や遺伝子浸透が生じた際の、核ゲノム内ミトコンドリア関連遺伝子における分子進化や発現量の変化を複数の種で明らかにすることで、集団分化や交雑、適応などの進化的現象下での核—ミトゲノム間の共進化プロセスやそこで生じる可能性がある遺伝的不和合回避（緩和）の一般則を推定することを目的とする。この課題は、生物多様性の創出・維持機構の遺伝的基盤の解明という進化生態学の最重要課題につながるものであり、成果はゲノム進化学の分野に大きなインパクトを与えることができると考えている。

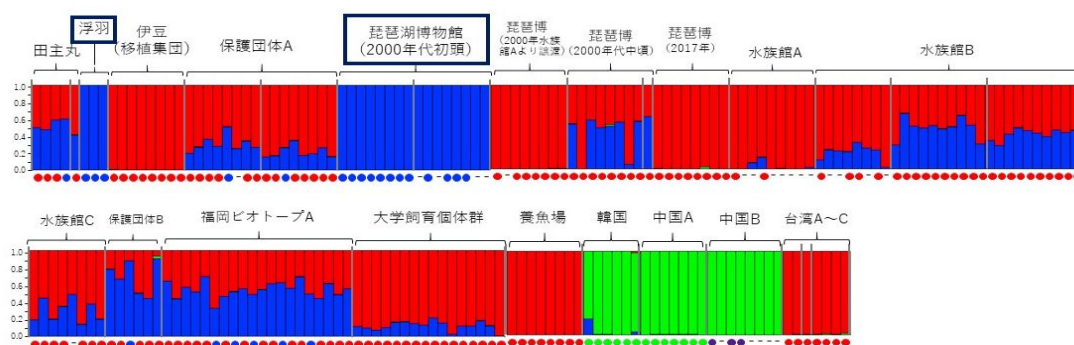
3. 研究の方法

一般的に、mtDNA は核 DNA と比べて変異率が高いと考えられているため、ミトゲノムとそれに対応する核ゲノムの間で変異が大きすぎることは不和合の原因となる可能性がある。そのため、ミトゲノムでのアミノ酸置換速度が上昇した場合には、補償的な置換により核ゲノム中の関連遺伝子の置換速度も上昇していると予想される。そこでミトゲノム、核ゲノム中のミトコンドリア関連遺伝子、中立（と想定される）遺伝子について、分子進化パターンを比較する。

また、mtDNA は核 DNA に比べ、組換えがないために異種間や同種の異集団間で浸透しやすく、野外でもしばしば確認されている。一方で、異集団の mtDNA を人為的に浸透交雑させると、遺伝的不和合によると思われる子孫のミトコンドリア関連遺伝子の発現量低下の事例も報告されている (Pereira et al. 2014 Evolution 68.1)。そこで、浸透交雑や二次的接触に伴うミトコンドリア関連のゲノム交流のパターンや中立が想定される遺伝子群の交流パターンを明らかにし、遺伝的不和合の発生条件やその回避プロセスを推定する。

4. 研究成果

本研究において、比較データとなる中立(と推定される)遺伝子座の遺伝情報を集めるために、MIG-seq 法や RAD-seq 法による DNA 配列データの取得を対象としている複数の分類群に対して行った。MIG-seq 法では、本研究期間中に、1000 個体以上、RAD-seq 法では約 300 個体の DNA 配列情報を得た。また、主要な固有種の一部個体については、リファレンスおよび今後の系統解析・分子進化解析のために、ドラフトゲノムの決定を別プロジェクトの研究グループと共に行った。これらのデータは、ミトゲノム、核ゲノム中のミトコンドリア関連遺伝子の共進化プロセス、パターンを把握するために不可欠なものである。その中で一部種群については、遺伝的集団構造・系統地理的結果から新たな知見が得られたため、論文を公表した。また他にも論文執筆の準備に入っているものもある。例えば、集団分化や交雑、適応などの進化的現象をもつ種として、主に九州北部に生息する希少淡水魚・ヒナモロコや東海地方のナマズおよびタニガワナマズを中心とした日本産ナマズ属魚類に関する核ゲノムおよび mtDNA 部分塩基配列を用いた集団遺伝解析を行った。その結果、ヒナモロコでは、既に純粋な日本系統の遺伝子をもつ集団は絶滅している可能性が高いことがわかった(図)。この研究成果は琵琶湖博物館 2020 年度企画展示でも紹介された。



図：ヒナモロコ類の遺伝的集団構造。青色がヒナモロコ日本系統，緑色がヒナモロコ大陸系統，赤色がキクチヒナモロコ(台湾産の別種)を示している。青色のみの純粋な日本系統は 2000 年代を最後に見つかっていない。

また特定の条件下で、ナマズとタニガワナマズの交雑個体が多く発見されることがわかった。リシーケンシングによる配列取得は、先行研究にてミトコンドリアの浸透交雑を経験し、なおかつ琵琶湖固有種でミトゲノムでの自然淘汰の痕跡が見られるスゴモロコ属魚類 10 個体以上について(共同研究機関を通じて入手した朝鮮半島の近縁種も含む)行った。比較のための中立遺伝子座のデータを MIG-seq 法および RAD-seq 法から得るこ

とは当初目標を超えてできたと考えている。ミトゲノムおよび核ゲノム中のミトゲノム関連遺伝子の共進化パターンのためのデータ取得については、ドラフトゲノム配列取得は当初以上の種について行えた。ゲノムリシーケンシングはスゴモロコ属魚類、ヒガイ属魚類に対して行ったが、今後は、ゲノム決定された種を中心に更なる解析を行う予定である。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計2件（うち査読付論文 2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 Watanabe Katsutoshi, Tabata Ryoichi, Nakajima Jun, Kobayakawa Midori, Matsuda Masanari, Takaku Kosuke, Hosoya Kazumi, Ohara Kenichi, Takagi Motohiro, Jang-Liaw Nian-Hong	4. 巻 in press
2. 論文標題 Large-scale hybridization of Japanese populations of <i>Hinamoroko</i> , <i>Aphyocypris chinensis</i> , with <i>A. kikuchii</i> introduced from Taiwan	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Ichthyological Research	6. 最初と最後の頁 in press
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s10228-019-00730-9	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

1. 著者名 HIBINO YUSUKE, TABATA RYOICHI	4. 巻 4459
2. 論文標題 Description of a new catfish, <i>Silurus tomodai</i> (Siluriformes: Siluridae) from central Japan	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Zootaxa	6. 最初と最後の頁 507 ~ 507
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.11646/zootaxa.4459.3.5	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 -

〔学会発表〕 計8件（うち招待講演 1件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 田畑諒一・富永浩史・中島淳・鬼倉徳雄・Sang-Ki KIM・Jeong-Nam YU・日比野友亮・柿岡諒・渡辺勝敏. 2019
2. 発表標題 ニゴイとコウライニゴイの遺伝的集団構造と系統地理
3. 学会等名 日本魚類学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 岸本 友・奥山 永・田畑諒一・伊知地 稔・勝又啓史・川内智裕・中野江一郎・高橋純一
2. 発表標題 日本産ナマズ属魚類の種判定およびマイクロサテライトDNAマーカーの開発
3. 学会等名 第28回日本DNA多型学会学術集会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 田畑諒一
2. 発表標題 分子遺伝解析に基づく固有種を中心とした琵琶湖産魚類の起源
3. 学会等名 日本魚類学会年会（シンポジウム：古代湖における魚類の適応進化と種多様性創出）（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 田畑諒一・渡辺勝敏
2. 発表標題 MIG-seq 法から推定された琵琶湖産魚類の遺伝的集団構造
3. 学会等名 日本魚類学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 渡辺勝敏・田畑諒一・中島淳・小早川みどり・高久宏佑・細谷和海・張廖年鴻
2. 発表標題 日本産ヒナモロコにおける遺伝的攪乱
3. 学会等名 日本魚類学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 福家悠介・Prachya Musikasinthorn・鹿野雄一・田畑諒一・松井彰子・渡辺勝敏
2. 発表標題 ミャンマーの古代湖・インレー湖固有の淡水魚類Channa harcourtbutleriの起源
3. 学会等名 日本魚類学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 田畑諒一・日比野友亮・福家悠介・西村俊明・渡辺勝敏・山崎曜
2. 発表標題 タニガワナマズと東海地方産のナマズの遺伝的隔離と遺伝子流動
3. 学会等名 日本魚類学会年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 国松翔太・田畑諒一・佐藤健介・山崎曜・渡辺勝敏
2. 発表標題 シマヒレヨシノボリ種群における遺伝的・形態的分化と遺伝子流動
3. 学会等名 日本魚類学会年会
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 前畑 政善、田畑 諒一	4. 発行年 2020年
2. 出版社 サンライズ出版	5. 総ページ数 128
3. 書名 ナマズの世界へようこそ	

〔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
---------	---------