

令和 6 年 5 月 11 日現在

機関番号：82626

研究種目：若手研究

研究期間：2021～2023

課題番号：21K14898

研究課題名（和文）ミドリイシサンゴの環境ストレス耐性の遺伝的基盤：ゲノムの種内多型から探る

研究課題名（英文）A genetic basis for differences in environmental stress tolerance in Acropora species

研究代表者

仮屋園 志帆（Kariyazono, Shiho）

国立研究開発法人産業技術総合研究所・地質調査総合センター・学振特別研究員

研究者番号：00815334

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 1,700,000円

研究成果の概要（和文）：本研究では、琉球列島に生息するコユビミドリイシと、その隠蔽種とも報告されている、水深が少しだけ深く波あたりの強い場所に生息する集団に着目し、そのような生息環境の違いに関わる遺伝子を探索した。リシークエンスデータの解析により、熱ショックタンパク質の一種である一遺伝子の存在の有無が2集団間で異なる可能性があること、また多くの動物種で高温の受容に関わることが知られているタンパク質の一遺伝子が2集団間で異なる可能性があることが示唆された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

ミドリイシ属サンゴ（以下サンゴ）は、環境変動により減少している。サンゴの生息環境への適応にはゲノム情報が関連すると考えられるが、具体的にどのような遺伝子に関わるのかという知見は少ない。本研究では熱ショックタンパク質をコードする一遺伝子と、多くの動物種で高温の受容に関わることが知られているタンパク質をコードする一遺伝子が生息環境の違いに関わる可能性が示された。これらの結果は、サンゴの生息環境へのゲノム情報の関与を理解する手がかりになると考えられる。

研究成果の概要（英文）：In this study, I focused on the *Acropora digitifera*, which inhabits the Ryukyu Archipelago, and a population that is reported to be a cryptic species, inhabiting slightly deeper water and stronger waves, and searched for genes involved in such differences in habitat. Analysis of the resequencing data suggested that the presence or absence of a gene for a type of heat shock protein differs between the two populations and that a gene for a protein known to be involved in the receptor of high temperature in many animal species may differ between the two populations.

研究分野：ゲノム科学

キーワード：ゲノム

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

サンゴ礁は生物多様性が最も豊かな生態系のひとつである。このサンゴ礁生態系を支えるミドリイシ属サンゴ(以下サンゴ)は、環境変動により減少している。サンゴの個体が、生息環境から受ける影響には、個体差があること、この個体差にはそれぞれの個体のゲノム情報の違いが関与することがわかってきている (Sekizawa *et al.* 2017)。先行研究では、高温ストレス耐性に関連するゲノム領域が示されている (Dixon *et al.* 2015)。このことから、サンゴが生息できる環境の制約にはゲノム情報が関係すると思われる。だが、具体的にどのような遺伝子が関わるのかという知見は少ない。

申請者は、サンゴゲノムの特徴に「同種の中に、ある遺伝子をもつ個体ともたない個体が存在する」という遺伝子有無の多型があることを示した (Takahashi-Kariyazono *et al.* 2020)。この多型は遺伝子の機能があるかないかにつながる。そこで、このような遺伝子有無の多型の中に、生息環境の違いに関わる遺伝子が存在するかどうかを明らかにしたいと考えた。

2. 研究の目的

琉球列島に生息するココビミドリイシ (*Acropora digitifera*)には、水深が少しだけ深く波あたりの強い場所に生息する集団が存在し、隠蔽種とも報告されている (Hayashibara and Shimoike 2002)。そのような生息環境の違いに関わる遺伝子を特定することを目的とした。

3. 研究の方法

(1)ココビミドリイシゲノムを参照配列とした遺伝子有無の多型の探索

本解析には申請者が取得したリシークエンスデータと公共データベース (DNA Data Bank of Japan: DDBJ)で公開されているココビミドリイシと、その隠蔽種とも報告されている水深が少しだけ深く波あたりの強い場所に生息する集団 (Hayashibara and Shimoike 2002)のリシークエンスデータを用いて「ある遺伝子をもつ個体ともたない個体が存在する」という遺伝子有無の多型を探索した。

各個体のリシークエンスデータを、ココビミドリイシの全ゲノム塩基配列 (Shinzato *et al.* 2020)にマッピング(リシークエンスデータの塩基配列と参照ゲノム塩基配列を比較し、リシークエンスデータの塩基配列がゲノムのどこに由来するかを決定すること)した。このマッピング結果より、全遺伝子の中から、各遺伝子配列のうちアミノ酸に翻訳される塩基配列 (Coding sequences : CDSs)が、リシークエンスデータに存在しないと予想される遺伝子を抽出した。その結果を2集団間で比較し、一方の集団ではある遺伝子をもつ個体が多いが、もう一方の集団ではその遺伝子を持たない個体が多い遺伝子を抽出した。

(2)集団ゲノム比較による2集団間で異なる遺伝子の探索

次に集団ゲノム比較解析により、2 集団で塩基配列が大きく異なるゲノム領域を特定した。そのような領域に含まれる遺伝子について、遺伝子の塩基配列およびアミノ酸配列の相同性を用いた遺伝子の機能予測を行った。相同性検索には、National Center for Biotechnology Information (NCBI)の塩基配列データベースと Universal Protein resource (UniProt)のデータベースを用いた。相同性より予測される機能から、どのような形質が生息環境の違いに關与する可能性があるのかを調べた。

(3)RNA-sequencing による遺伝子の発現解析

mRNA の配列を次世代シーケンスで決定する RNA-sequencing のデータから、上述の (1) (2) で絞り込んだ遺伝子の遺伝子発現量を解析した。

4 . 研究成果

(1)コユビミドリイシゲノムを参照配列とした遺伝子有無の多型の探索

コユビミドリイシ 9 個体と、その隠蔽種とも報告されている水深が少しだけ深く波あたりの強い場所に生息する集団 (Hayashibara and Shimoike 2002) 1 4 個体のリシーケンスデータを解析したところ、低分子量熱ショックタンパク質の一種をコードする一遺伝子が、コユビミドリイシ 9 個体には存在するが、その隠蔽種とも報告されている集団に属する 14 個体のうち 1 2 個体には存在しなかった。解析した個体数が少ないため、断定することはできないが、この低分子量熱ショックタンパク質の一種をコードする一遺伝子はコユビミドリイシの隠蔽種と報告されている集団において欠落している個体が多いと考えられる。

(2)集団ゲノム比較による 2 集団間で異なる遺伝子の探索

集団ゲノム比較解析により、2 集団で塩基配列が大きく異なるゲノム領域を特定したところ、多くの動物種で高温の受容に關わることが知られているタンパク質の一遺伝子を含むゲノム領域が、2 集団で異なっていた。この遺伝子は、海産無脊椎動物であるイトマキヒトデで高温を受容するセンサーをコードすることが知られており、イトマキヒトデの幼生が高温を感知し温度の高い環境へ誘引される行動に關係することが知られている (Saito *et al.* 2017) 遺伝子であった。

(3)RNA-sequencing による遺伝子の発現解析

mRNA の配列を次世代シーケンスで決定する RNA-sequencing のデータから、上述の (1) (2) で絞り込んだ遺伝子の遺伝子発現量を解析した。コユビミドリイシ の成体と幼生の RNA-sequencing のデータを解析したところ、コユビミドリイシの隠蔽種と報告されている集団において欠落している個体が多いと考えられた低分子量熱ショックタンパク質の一種をコードする一遺伝子は、コユビミドリイシの成体と幼生で発現が確認された。また高温の受容に關わることが知られているタンパク質の一遺伝子は、コユビミドリイシの成体と幼生で発現が確認

された。遺伝子発現が確認されたことから、これらの遺伝子は機能を持っていると予想された。

上述の本研究で得られた知見は、サンゴの生息環境の違いに低分子量熱ショックタンパク質をコードする遺伝子や、高温の受容に関わることが知られているタンパク質をコードする遺伝子に関わる可能性を示唆している。高温の受容に関わることが知られているタンパク質をコードする遺伝子は、サンゴと同じ浮遊性の幼生期をもつイトマキヒトデにおいて、幼生の温度走性に関わる遺伝子で、サンゴの幼生でも遺伝子発現が確認された。サンゴでは幼生の選択的な固着場所の選択が、サンゴの生息場所に関係することが示されている(Suzuki *et al.* 2008)。今後、この遺伝子がサンゴにおいても温度受容に関わるのか、また幼生の温度走性に関係するのかを明らかにすることができれば、サンゴの生息場所の違いに関する遺伝的な要因の理解につながると期待している。またサンゴの生息場所の選択についての理解は、環境変動により変わっていく生息環境に、サンゴが適応できるのか理解する助けになると期待している。

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