

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		イトヨの回遊性生活史の多様化とその分子遺伝基盤の解明			
研究テーマ (欧文) AZ		Molecular and genetic mechanisms underlying variation in migratory life cycle in sticklebacks			
研究氏 代表 表名 者	カタカナ CC	姓)イシカワ	名)アサノ	研究期間 B	2016 ~ 2018 年
	漢字 CB	石川	麻乃	報告年度 YR	2018 年
	ローマ字 CZ	Ishikawa	Asano	研究機関名	国立遺伝学研究所
研究代表者 CD 所属機関・職名	情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 集団遺伝研究系 生態遺伝学研究部門・助教				
概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)					
<p>魚の回遊や、鳥や蝶の渡り、大型草食哺乳類の大移動など、遠く離れた生息地を行き来する季節性大移動は、その獲得や喪失、移動パターンの変異が、鳥類などで見られる爆発的な種分化と適応放散、そしてその多様性の維持に大きく寄与する。これまで、幾つかの動物種で、回遊や渡りを誘導する環境要因やそれに関連する生理的変化を引き起こすホルモンが明らかになる一方、「どのような遺伝子発現が回遊や渡りを制御するのか」や「どのような遺伝的変異が、回遊や渡りの多様性に寄与するのか」はほとんど分かっていない。そこで、我々は、進化生物学のモデル生物であるトゲウオ科魚類イトヨ <i>Gasterosteus aculeatus</i> とその近縁種ニホンイトヨ <i>G. nipponicus</i> が示す多様な回遊性生活史をモデルにこの問いに取り組んだ。イトヨやニホンイトヨの生活史は、遼河回遊型と淡水残留型、回遊多型に分けられる。ニホンイトヨや祖先的なイトヨ集団は、川で生まれ降海する遼河回遊型であるが、世界各地の川や湖に進出したイトヨの中からは、一生を淡水域で過ごす淡水残留型が繰り返し出現している。また、北海道東部の一部のイトヨ集団は、体サイズに応じて残留するか、降海するかを可塑的に切り替える回遊多型を示す。これらの集団は交配可能であり、時に野外でも交雑するため、これらを用いて回遊パターンの違いをもたらす遺伝基盤を同定できる。遼河回遊型と回遊多型の交雑集団を用いた集団ゲノム解析により、これらの間で見られる降海行動に関わる8つのゲノム領域が見つかった。これらは複数の染色体にまたがっており、降海行動の違いは多遺伝子座によって支配されている (polygenic である) ことが示唆される。また、ニホンイトヨ、イトヨ、淡水型の全ゲノム解析により、このうち3つの遺伝子座で発見された降海行動を司る遺伝子座の非降海アリルは、独立に生じた複数の淡水型集団内に高い頻度で存在することが分かった。さらに、野外で採取した降海前と降海中の個体のトランスクリプトーム解析により、この遺伝子座近傍に存在し、降海前と降海中で発現が異なる候補遺伝子を発見した。これらは成長や生殖に関わる下垂体ホルモン遺伝子であり、これらの集団間変異により、降海パターンの違いが生じている可能性がある。</p> <p>またこれ以外にも、降海行動に非常に重要な役割を果たす塩分耐性や脳トランスクリプトーム、淡水域への進出能力の違いを生む遺伝基盤について明らかにした。</p>					
キーワード FA	回遊	多様性	多遺伝子座		

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA				研究課題番号 AA									
研究機関番号 AC				シート番号									

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 <sup>G</sup> <sub>B</sub>	A key metabolic gene for recurrent freshwater colonization and radiation in fishes							
	著者名 <sup>GA</sup>	<u>Ishikawa A.</u> et al.	雑誌名 <sup>GC</sup>	Science					
	ページ <sup>GF</sup>	In press	発行年 <sup>GE</sup>	2	0	1	9	巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>G</sup> <sub>B</sub>	Parallel transcriptome evolution in stream threespine sticklebacks.							
	著者名 <sup>GA</sup>	Kitano J, <u>Ishikawa, A</u> et al.	雑誌名 <sup>GC</sup>	Development, Growth & Differentiation					
	ページ <sup>GF</sup>	104~113	発行年 <sup>GE</sup>	2	0	1	9	巻号 <sup>GD</sup>	61
雑誌	論文標題 <sup>G</sup> <sub>B</sub>	Functional divergence of a heterochromatin-binding protein during stickleback speciation.							
	著者名 <sup>GA</sup>	Yoshida K, <u>Ishikawa A.</u> et al.	雑誌名 <sup>GC</sup>	Molecular Ecology					
	ページ <sup>GF</sup>	1563~1578	発行年 <sup>GE</sup>	2	0	1	9	巻号 <sup>GD</sup>	28
雑誌	論文標題 <sup>G</sup> <sub>B</sub>	Different contributions of local- and distant-regulatory changes to transcriptome divergence between stickleback ecotypes.							
	著者名 <sup>GA</sup>	<u>Ishikawa A.</u> et al.	雑誌名 <sup>GC</sup>	Evolution					
	ページ <sup>GF</sup>	565~581	発行年 <sup>GE</sup>	2	0	1	7	巻号 <sup>GD</sup>	71(3)
雑誌	論文標題 <sup>G</sup> <sub>B</sub>	Genetic basis for variation in salinity tolerance between stickleback ecotypes.							
	著者名 <sup>GA</sup>	Kusakabe M, <u>Ishikawa A</u> et al.	雑誌名 <sup>GC</sup>	Molecular Ecology					
	ページ <sup>GF</sup>	304~319	発行年 <sup>GE</sup>	2	0	1	6	巻号 <sup>GD</sup>	26

#### 欧文概要 EZ

Seasonal migration is a behavior shared across a wide variety of vertebrate and invertebrate taxa. Since even closely related species often exhibit different migration patterns, the seasonal migration has been thought to facilitate or sometimes retard speciation and diversification. However, compared to the theoretical and ecological studies, the genetic basis underlying variations of migratory life-cycle is largely unknown. To address this question, we used the threespine sticklebacks *Gasterosteus aculeatus*, and the closely related species *G. nipponicus* as a model system. The ancestral forms of *G. aculeatus* are considered anadromous, whereas freshwater-resident forms have evolved independently from the anadromous forms in multiple lineages. Partial anadromous migration (i.e., part of population migrates, while the other part does not) is also found in *G. aculeatus*. In contrast, all of the population of *G. nipponicus* are considered anadromous. Our genome-wide association study (GWAS) by using a natural hybrid population between *G. nipponicus* and the partial anadromous form of *G. aculeatus* revealed eight loci that associate with the migration pattern. Whole genome resequencing of multiple anadromous, partial anadromous and freshwater-resident populations demonstrated that non-migrant alleles on two of the loci were dominant or fixed in the freshwater-resident populations. By using further RNAseq for the hybrid population during premigration and migration periods, we found several candidate genes in this locus, which involve with growth and reproduction in pituitary and may contribute to the variation in migration pattern.