

研究成果報告書

研究テーマ (和文) AB		動物が季節温度を感知する仕組みの解明			
研究テーマ (欧文) AZ		Genetic and molecular analysis of the seasonal response to temperature changes			
研究氏 代表 者	カタカナ CC	姓)シノミヤ	名)アイ	研究期間 B	2018～ 2020年
	漢字 CB	四宮	愛	報告年度 YR	2020年
	ローマ字 CZ	Shinomiya	Ai	研究機関名	自然科学研究機構生命創成探究センター
研究代表者 CD 所属機関・職名		自然科学研究機構 生命創成探究センター 創成研究領域・特任助教			
概要 EA (600字～800字程度にまとめてください。)					
<p>日長や温度、降水量など生物をとりまく様々な外的環境の季節変化に対して、生物は季節を感知して、形態や行動、生理機能を変化させて適応している。環境因子の中でも、様々な生理反応に影響を及ぼし生命活動に必須である温度への適応は重要であるが、動物が温度の季節変化を感じ取るしくみは明らかではない。私たちは、緯度の異なる地点に由来するメダカ野生集団を使った解析から、生殖腺発達を促す繁殖の臨界温度に地理的変異があることを明らかにした。本研究では動物の季節温度感知に関わる遺伝子を同定することを目的として、メダカの地理的変異を利用した分子遺伝学的解析を行った。臨界温度が異なる青森と岩手の F2 世代の臨界温度を解析し、RAD-seq (Restriction-site Associated DNA Sequencing) 法で同定した一塩基多型 (SNP) マーカーを用いた量的形質遺伝子座 (quantitative trait locus: QTL) 解析から、臨界温度に関わる有意な QTLs をゲノム上の 2 箇所の領域にマップした。また宮崎集団 187 個体の解析から、宮崎集団では個体間の臨界温度に多様性があることを明らかにした。臨界温度が低い宮崎個体と臨界温度が高い青森との交配から得た F2 世代 293 個体の表現型を解析した。これらの集団内変異および集団間 F2 を用いて詳細な QTL 解析を行うため、臨界温度が高いおよび低いグループそれぞれの DNA をバルク化して全ゲノムシーケンス解析を行い、QTL-seq 解析を進めた。また、トランスクリプトーム (RNA-seq) 解析により臨界温度が異なる系統間で発現量が異なる遺伝子を同定し、候補遺伝子を検出した。本研究で得られた候補遺伝子について、遺伝子発現解析、遺伝子の機能解析を継続して行き、温度感知に関わる遺伝子とその役割を明らかにする。</p>					
キーワード FA					

(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>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	

欧文概要<sup>EZ</sup>

Animals living outside the tropical zone demonstrate various physiological and behavioral changes in order to adapt to seasonal changes in their environment. Although adaptation to temperature, which affects various physiological responses, is important, it remains unknown how animals measure seasonal changes in temperature. We examined critical temperature in reproduction (the temperature required to cause gonadal development) using Medaka wild populations, and geographical variation critical temperature was detected. We applied forward genetic approaches to identify the genes governing critical temperature. Quantitative trait loci (QTL) analysis was conducted using F2 offspring derived from crosses between populations experiencing different critical temperature, using Restriction-site Associated DNA (RAD) markers, and significant QTLs were identified. We also conducted a protocol of QTL-seq, an NGS-based method for bulked segregant analysis, on crosses between other populations. Comparative transcriptome analysis detected differentially expressed genes (DEGs) among populations, and some candidate genes were detected. To identify the responsible genes and to reveal its role in measuring seasonal changes in temperature, we perform functional analyses of candidate genes.