

2024 年度年次報告書

ゲノムスケールの DNA 設計・合成による細胞制御技術の創出

2020 年度採択研究代表者

北野 潤

情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所
教授

種分化を規定するゲノム構造

主たる共同研究者：

安齋 賢（岡山大学 学術研究院環境生命自然科学学域 教授）

安藤 俊哉（京都大学 白眉センター 特定准教授）

山平 寿智（琉球大学 熱帯生物圏研究センター 教授）

研究成果の概要

北野グループでは、逆位が TAD 構造を変換しうること、TAD 境界では染色体逆位が生じやすいこと、染色体逆位がある領域では同所種間での遺伝子流動が低下することを見出した。また、種分化に関与する遺伝子の数や効果がどのように種分化に貢献するのかのシミュレーションを実施した。山平グループでは、スラウェシ島のマタノ湖に生息するマタネンシスメダカ (*Oryzias latipes*) には 2 種類のミトコンドリアを有するヘテロプラズミー個体からなる集団が存在し、ホモプラズミー集団と生殖的に隔離していることを見いだした。また、両集団間で完全分化しているゲノム領域を特定し種分化の責任遺伝子の探索を行った。安齋グループでは、染色体逆位系統を複数樹立し、組換え率や形態/遺伝子発現など表現型への影響を解析できる段階にきた。また、Cre-loxP システムを用いた染色体融合系の試験に向けた遺伝子組換え系統の樹立を進めた。さらにメダカ初期胚において、Cas9 nickase と塩基除去修復系の抑制を組み合わせた相同組換えの効率化に成功した。安藤グループでは、生殖隔離が成立してもなお、類似した斑紋多型を集団内に維持しているナミテントウ (ナミ) とクリサキテントウ (クリサキ) に着目し、テントウムシの斑紋の起源解明を目指した。新たに、クリサキ・ヤホシテントウ (外群) のゲノム解読、ナミ・クリサキの集団ゲノム情報を取得し、集団遺伝学の統計数理の手法を駆使して全ゲノムレベルで交雑の可能性を検討した。その結果、種間交雑の痕跡を示すゲノム領域が見出された。さらに、種分化を経てもなお、種間で斑紋制御遺伝子 *pannier* の対立遺伝子が共有されていることを見出され、斑紋多型制御遺伝子が単一起源であることを明らかとした。

【代表的な原著論文情報】

- 1) Okude, G., Yamasaki, Y. Y., Toyoda, A., Mori, S., and Kitano, J. (2024) Genome-wide analysis of histone modifications can contribute to the identification of candidate cis-regulatory regions in the threespine stickleback fish. *BMC Genomics* 25: 685
- 2) Kitano, J. and Okude, G. (2024) Causative genes of intrinsic hybrid incompatibility in animals and plants: What we have learned about speciation from the molecular perspective. *Evolutionary Journal of the Linnean Society* 3: kzae022
- 3) Wilhoit, K., Yamanouchi, S., Chen, B.J., Yamasaki, Y.Y., Ishikawa, A., Inoue, J., Iwasaki, W., and Kitano, J. (2025) Convergent evolution and predictability of gene copy numbers associated with diets in mammals. *Genome Biology and Evolution* 17: evaf008
- 4) Kanbe, H., Mori, S., and Kitano, J. (2025) Divergent developmental trajectories of body depth and head length among stickleback populations. *Ichthyological Research* in press
- 5) Utama, I.V., . Mandagi, I.F., Lawelle, S.A., Masengi, K.W.A., Nagano, A.J., Kusumi, J., and Yamahira, K. (2025) Allopatric divergence and secondary contact within a single river system in a freshwater fish group. *Freshwater Biology* 70: e70004