

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

2022 年度  
年次報告書

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 (京都大学 大学院農学研究科 特定准教授)

竹内 秀明 (東北大学 大学院生命科学研究科 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、トゲウオの15集団・種のデノボゲノムアセンブリを実施し、順次、染色体構造の変異を解析中である。これまでに分岐年代が深いほど、集団・種のペア間での染色体構造の変異の数が大きいことが確認できている。また、染色体構造の変異がある部位では、集団・種間の遺伝的分化の度合いも高いことが示唆されている。安齋グループと共同で、トゲウオにおいて染色体逆位の導入実験を行い、1Mb までの染色体逆位の導入に成功している。今後は、生殖隔離に関与する遺伝子を同定しつつ、それと染色体構造の関連を解析していく。山平グループでは、スラウエシ島のマリリ湖群に生息する *Oryzias profundicola* 種群およびポソ湖の *O. nigrimas* 種群のメダカ科魚類を対象に、各種群における全ゲノムレベルでの遺伝的分化のパターンと交雑との関係を明らかにすべく、それぞれ 179 個体および 107 個体の全ゲノムリシーケンスを行い、ゲノム上の浸透領域と分化領域の特定を行った。マリリ種群では、*O. marmoratus* から *O. profundicola* に浸透したゲノム領域において有意に遺伝的分化係数が高くなる傾向にあることがわかった。また、長鎖シーケンサーと短鎖シーケンサーを併用して、マリリ種群の *O. profundicola* およびポソ種群の全3種について、全ゲノムのデノボアセンブリも行った。ポソ種群については、3種の種分化の過程で染色体構造がどう変化したかを明らかにすべく、アセンブリのアライメントを進めている。安齋グループでは、日本のメダカを対象に 1Mb までの逆位の導入、15Mb までの欠失の導入に成功している。また、メダカの種間での逆位、融合などのパターンを解析した。今後はさらなる効率の改善や表現型に影響のある遺伝子座の改変を行っていく。

### 【代表的な原著論文情報】

- 1) Kitano, J., Ishikawa, A., Ravinet, M., and Courtier-Orgogozo, V. (2022) Genetics basis of speciation and adaptation: From loci to causative mutations. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 377: 20200503
- 2) Montenegro, J., Fujimoto, S., Ansai, S., Nagano, A. J., Sato, M., Maeda, Y., Tanaka, R., Masengi, K. W. A., Kimura, R., Kitano, J., and Yamahira, K. (2022) Genetic basis for the evolution of pelvic-fin brooding, a new mode of reproduction, in a Sulawesi fish. *Molecular Ecology* 31: 3798-3811
- 3) Ansai, S., Montenegro, J., Masengi, K. W. A., Nagano, A. J., Yamahira, K., and Kitano, J. (2022) Diversity of sex chromosomes in Sulawesi medaka fishes. *Journal of Evolutionary Biology* 35: 1751-1764
- 4) Ansai, S., and Kitano, J. (2022) Speciation and adaptation research meets genome editing. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 377: 20200516
- 5) Kayo, D., Kimura, S., Yamazaki, T., Naruse, K., Takeuchi, H., and Ansai, S. (2023). Spatio-temporal control of targeted gene expression in combination with CRISPR/Cas and Tet-On systems in Medaka. *Genesis* in press