

Congress of European Society for Evolutionary Biology (ESEB) 2022 への参加報告書

総合研究大学院大学 生命科学研究科 遺伝学専攻 修了生

生態遺伝研究室

細木 拓也

海外出張期間：2022 年 8 月 13 日 - 8 月 23 日

用務先：プラハ（チェコ）

総合研究大学院大学 遺伝学専攻 海外国際学会発表の旅費支援制度のご支援に感謝申し上げますと共に、支援によって得られた成果を以下に報告する。

本渡航における目的は、自身が行なった博士課程の研究成果を、進化学分野における最大級の学会ともいえる、Congress of European Society for Evolutionary Biology (ESEB) 2022 で発表し、参加者の方々からフィードバックを得ることにあった。この点において、本渡航によって目的は達成できたと考えている。私は、博士課程を修了する過程で、東日本大震災によって新しいトゲウオ科魚類イトヨ生息地が形成され、津波直後に種間交雑が生じたこと、津波後 10 年以内に種間交雑後に一方の種のゲノムが排除されもう一方の種に回帰していること、を見出した。さらに、この迅速な回帰に関わる生態的・内因的要因を、集団遺伝学的解析や、独自に設計した実験システムによって追及した。本成果をまとめ、論文投稿のためのフィードバックを得る場として、ESEB2022 を選定した。査読の末、私の研究の発表や議論、情報収集の場として最適な分野である、ESEB2022 内のシンポジウム S05 "A combinatorial view on rapid speciation - the role of ancient genetic variants and hybridisation" に発表受理された。8/14 の発表時間や、学会期間中に成果を発表することができた。議論の結果、本分野の若手からシニアまでの参加者より、今後必要な解析や、結果に対する解釈について、建設的なコメントを得ることができた。加えて、聴衆の興味や驚きがどの点にあるのかを確認できたため、論文の売りとなる点を再確認できた。また、本シンポジウムに参加することで、ヨーロッパ圏における本分野の動向を知ることができ、自身の研究の方向性を考える上で、重要な場となった。以上から、当初の目的は達成できたと考えている。

最後に、遺伝学専攻において、集団遺伝学、進化学に関する研究を議論できる構成員が少ないという問題点を、改めて実感する場となったことを報告したい。私は 5 年一貫課程を 2022 年春に修了したが、当該分野の知識を持ち合わせ、議論ができる構成員は、限られた教員や学生を除き、非常に少なかったと感じている。これまでの国立遺伝学研究所の研究史と強みを鑑みて、これからの遺伝学専攻の発展を考えると、当該分野の研究強化が必要であると実感する渡航となった。

次項に本成果で発表した、掲載済みの要旨と、学会会場の様子を掲載する。

Title: Re-emergence of a species after the 2011 Tohoku tsunami-induced hybridization

全著者氏名 Names of all authors: Takuya K. Hosoki, Seichi Mori, Shotaro Nishida, Manabu Kume, Atsushi J. Nagano, Hiyu Kanbe, Ryo Kakioka, Kenta Nakamoto, Yuki Iino, Masafumi Kodama, Satoki Oba, Asano Ishikawa, Yo Y Yamasaki, Jun Kitano

要旨 Abstract:

Hybridization often occurs before speciation is completed. What would be the consequence of hybridization? Hybridization may lead to the emergence of a panmictic population, hybrid speciation, or extinction of one species. It is also possible that the mixed genome is reorganized such that the hybrid population reverts to one parental species with the other parental species genome being purged. Despite the presence of a few examples of such purging after hybridization, it remains unanswered how rapidly purging can occur in nature and what factors contribute to the purging. Here, we investigated the genomic change over nine years of a hybrid population between two stickleback species, freshwater *Gasterosteus aculeatus* and anadromous *G. nipponicus*, whose hybridization was induced by the devastating 2011 Tohoku earthquake and tsunamis. Genomic analysis of 2606 individuals showed that the second generation of hybrids were observed in 2012, suggesting that interspecific hybridization occurred in 2011, the year of the tsunami. Over the nine years from 2012 to 2020, the *G. nipponicus* genome was purged and the hybrid population reverted to *G. aculeatus*. Surprisingly, the majority of purging occurred in the first few generations. Faster purging occurred in an autosome with a newly identified quantitative trait locus for seaward migration. Both ancestral and neo-sex chromosomes, which contribute to seaward migration, sexual isolation, and hybrid incompatibility, also showed higher purging rates of *G. nipponicus* alleles compared to autosomes. These results demonstrate that purging of heterospecific genome can occur within a few generations and barrier loci contribute to this process.



学会会場の様子 未発表データとプライバシーの観点から、低画質化した。