

2019年5月27日

本件の取り扱いについては、下記の解禁時間以降でお願い申し上げます。

TV・ラジオ・WEB … 日本時間 2019年5月31日(金)午前3時

新聞 … 日本時間 2019年5月31日(金)朝刊

海から川や湖へ！魚の淡水進出を支えた鍵遺伝子の発見 — DHA を自分で合成すれば、海から離れても生きられる —

■ 概要

魚は、海から川や湖などの淡水域へ何度も進出しながら、さまざまな形や性質をもつ種に進化してきました。海と淡水域は、栄養分や浸透圧などに大きな違いがあるため、一部の魚は淡水域に何度も進出する一方で、全く淡水域に進出できない魚も多くいます。しかしながら、その違いは分かっていませんでした。

この度、情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所の石川麻乃助教と北野潤教授らの国際共同研究チームは、進化生物学のモデル生物であるトゲウオ^(注1)を用いて、魚が海から淡水域へ進出する際に鍵となった遺伝子を発見しました。

鍵となった遺伝子は、必須脂肪酸「ドコサヘキサエン酸 (DHA)^(注2)」を作るのに必要な *Fads2* 遺伝子でした。DHA は、本来、海の餌には多く含まれますが、淡水域の餌にはあまり含まれていません。本研究チームは、淡水域に進出したトゲウオでは、この DHA を作るのに必要な *Fads2*^(注3) 遺伝子が増えているため、DHA の少ない淡水の餌でも生きられることを発見しました。*Fads2* 遺伝子は、他の幅広い種類の魚でも、海水に生息する種に比べ、淡水域に進出した種で増えていたことから、魚の淡水域への進出の鍵となる役割を果たしてきたと考えられます。

この成果は 2019 年 5 月 31 日 (米国東部標準時) に米国科学雑誌「Science」に掲載されます。

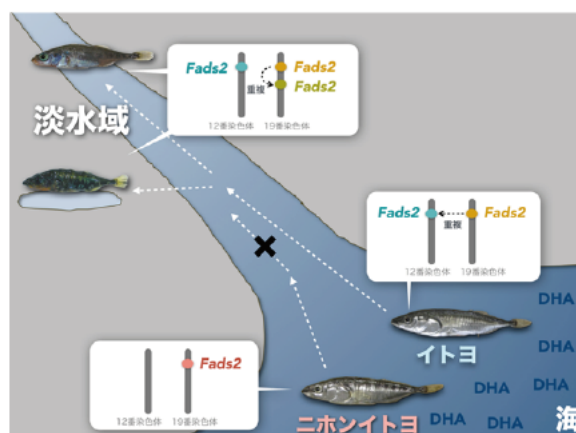


図1. イトヨの淡水域への進出とDHA合成酵素 *Fads2* 遺伝子の増加

淡水域に進出できなかったニホンイトヨは19番染色体上に *Fads2* 遺伝子を1つしか持たないのに対し、淡水域に進出したイトヨは、19番染色体上と12番染色体上に2つの *Fads2* 遺伝子を持つ。淡水域に進出し、そこで一生を過ごすようになったイトヨでは、19番染色体上の *Fads2* 遺伝子がさらに増加している。

■ 成果掲載誌

本研究成果は、米国科学雑誌「Science」に2019年5月31日(米国東部標準時)に掲載されます。

論文タイトル A key metabolic gene for recurrent freshwater colonization and radiation in fishes

(くり返し生じた魚類の淡水への進出と放散の鍵を担う代謝遺伝子)

著者 Asano Ishikawa Naoki Kabeya Kok Ikeya Ryo Kakooka Jennifer N Cech Naoki Osada Mgue C Lea Jun Inoue Manabu Kume Atsushi Toyoda Ayumi Tezuka Atsushi J Nagano Yo Y Yamasaki Yuto Suzuki Tomoyuki Koki Hiroshi Takahashi Kay Lucek David Marques Yusuke Takehana Kyoshi Naruse Seichiro Mor Oscar Monro G Nemah Ladd Carsten J Schubert Blake Matthews Catherine L Pecher Oel Seehausen Goro Yoshizaki and Jun Ktano

(石川麻乃 壁谷尚樹 池谷幸樹 柿岡諒 Jennifer N Cech 長田直樹 Mgue C Lea 井上潤 久米学 豊田敦 手塚あゆみ 永野惇 山崎曜 鈴木悠斗 小北智之 高橋洋 Kay Lucek David Marques 竹花佑介 成瀬清 森誠一 Oscar Monro G Nemah Ladd Carsten J Schubert Blake Matthews Catherine L Pecher Oel Seehausen 吉崎悟朗 北野潤)

■ 研究の詳細

● 研究の背景

生物は、新しい環境へ進出し、その環境に適応しながら、さまざまな形や性質を進化させてきました。生物の中には、新しい環境に何度も進出する種がいる一方で、新しい環境に全く進出しない種もあります。この代表的な例が、魚の淡水域への進出です。魚はもともと海で生まれた生物ですが、進化の過程で、何度も川や湖などの淡水域に進出してきました。ところが、実は、全ての魚が淡水域へ進出できたわけではなく、一部の魚が川や湖に何度も進出する一方で、他の魚は淡水域に進出できず、海にとどまっていることが知られています。では、淡水域に進出できた魚と進出できなかった魚は、何が違うのでしょうか？本研究では、進化生物学のモデル生物であるトゲウオを調べることで、この違いを生み出す遺伝子を発見しました。

● 本研究の成果

トゲウオ科の1種イトヨは、海から淡水域へくりかえし進出し、適応した種として知られています。一方、イトヨと非常に近縁なニホンイトヨは、全く淡水域に進出せず、海にとどまっています。この2種のトゲウオを飼育し、調べると、この違いの鍵は、DHAを作る能力であることが判明しました。DHAは、稚魚の成長に必須な脂肪酸で、海の餌に多く含まれる一方、淡水域の餌にはあまり含まれません。DHAを含まない餌で飼育すると、ニホンイトヨの稚魚はイトヨに比べて、高い死亡率を示しました。この違いの原因は、DHA合成酵素 *Fads2* 遺伝子の数の違いでした。ニホンイトヨは *Fads2* 遺伝子を19番染色体にたった1つしか持たない一方、イトヨはこの遺伝子を他の染色体上にも持っていることがわかったのです(図1)。この *Fads2* 遺伝子をニホンイトヨで強く働かせると、DHA合成量が増え、DHAを含まない餌で飼育したときの生存率も上昇しました(図2)。また、淡水域で一生を過ごすようになったイトヨでは、この遺伝子の数が更に増加していました(図1)。このことから、トゲウオは *Fads2* 遺伝子の数を増やすことで、DHAの少ない淡水域へ進出できたと考えられます。

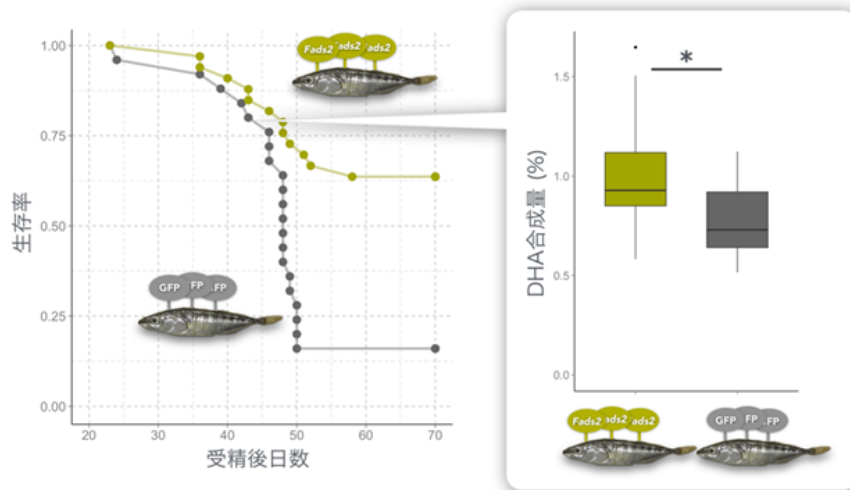


図2 *Fads2* 遺伝子の大量発現による生存率とDHA 合成量の上昇
 遺伝子組換え技術により、ニホニイトヨに *Fads2* 遺伝子を大量に発現させると(黄色)、コントロール(灰色)に比べ、DHA 合成量が上がり、DHA を含まない淡水の餌で飼育した時の生存率が上昇する。

さらに、現在までにゲノムが解読されている魚を調べると、トゲウオ以外でも、淡水に進出した魚種は、進出していない魚種に比べて、*Fads2* 遺伝子の数が多いことがわかりました(図3)。つまり、*Fads2* 遺伝子は、トゲウオだけでなく、これまで何度も起こってきた魚の海から淡水域への進出の鍵となる役割を果たしていたと考えられます。

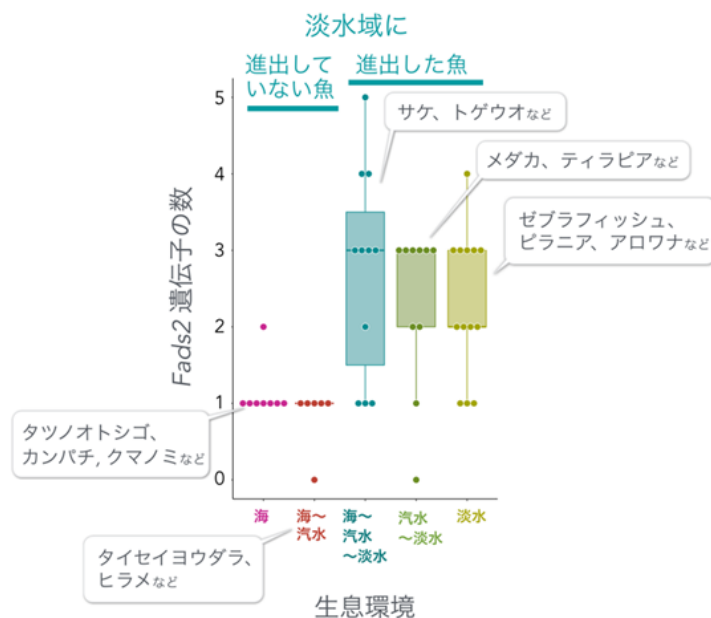


図3. さまざまな魚種の生息環境と *Fads2* 遺伝子の数
 淡水域に進出していない魚に比べて、進出した魚では *Fads2* 遺伝子の数が多い。

● 今後の期待

本研究成果から、生物が新しい環境で生存できるかどうかを、特定の遺伝子を調べることで推測できることが分かってきました。このような技術は、新しい環境に定着しやすい生物が引き起こす社会問題である外来種の侵入のリスク評価や、本来とは異なる生息環境で魚を飼育する必要のある養殖などの分野で有用だと考えられます。

今後は、*Fasd2* 遺伝子の数が増えていない淡水魚の淡水における生存戦略、淡水適応の鍵となる他の遺伝子の同定、遺伝子の数が増えるメカニズムなどに迫ります。

■ 用語解説

(注 1) トゲウオ

北半球の様々な地域に棲む体長 3-9 センチほどの冷水を好む魚で、イトヨ属やトミヨ属が含まれる。海に住んでいた祖先種が、氷河サイクルなどで形成された川・湖・沼などの淡水環境に進出し、定着して多様化を遂げたことから、進化生物学のモデル生物として世界中で広く研究されている。また、オランダのティンバーゲン博士が動物行動学の研究に利用してノーベル賞を受賞したことで知られる。100 名余りの世界のトゲウオ研究者が集まる国際トゲウオ会議も 3 年に一度、開催されており、昨年度は本研究チームが京都でこの会議を主催した。

<https://sites.google.com/view/st.ck.eback2018/>

(注 2) DHA(ドコサヘキサエン酸)

二重結合を多く持つ多価不飽和脂肪酸の一つで、多くの動物の成長や生存に必須である。この理由は、DHA が細胞膜の流動性を保つことや、脂質メディエーターと呼ばれる生理活性物質の前駆体となりえるからである。海洋性の植物性プランクトンは、DHA を多く合成するので、海の魚は食物連鎖を介して DHA を大量に摂取できる。一方で、淡水の生態系では、生物中の DHA 量が全体的に少ない。

(注 3) *Fads2*(Fatty acid desaturase 2)

多価不飽和脂肪酸の合成に重要な酵素。ヒトでも、海の魚を多く食べるイヌイットなどでは、*Fads* 遺伝子の特別な遺伝型を持っていることが知られつつある。

■ 研究体制と支援

本研究は、国立遺伝学研究所の生態遺伝学研究室の石川麻乃助教と北野潤教授らが中心となって、東京海洋大学(壁谷尚樹助教・吉崎悟朗教授)、アクアト岐阜(池谷幸樹館長)、国立遺伝学研究所生態遺伝学研究室(柿岡諒研究員、山崎曜研究員)、フレッドハッチンソン癌研究所(Jennifer Gech 博士、Catherine L. Peichel 博士)、北海道大学(長田直樹准教授)、スイス連邦水科学技術研究所(Miguel C. Leal 博士、Nemiah Ladd 博士、Carsten J. Schubert 博士、Blake Matthews 博士、Ole Seehausen 博士)、沖縄科学技術大学院大学(井上潤博士)、京都大学(久米学博士)、国立遺伝学研究所比較ゲノム解析研究室(豊田敦特任教授)、龍谷大学(手塚あゆみ博士、永野惇准教授)、福井県立大学(鈴木悠斗氏、小北智之准教授)、水産大学校(高橋洋准教授)、ベルン大学(Kay Lucek 博士、David Marques 博士)、基礎生物学研究所(竹花佑介博士、成瀬清特任教授)、岐阜協立大学(森誠一教授)、スペイン水産養殖研究所(Oscar Monroig 博士)らと実施した共同研究成果です。

本成果は科研費(15H02418, 23113007, 16H06279, 26870824, 16K07469)、旭硝子財団助成金、住友財団助成金、学術振興会特別研究員奨励費(11J04816, 16J06812)、スイス連邦水科学技術研究所内部資金、スイス連邦科学基金などの助成のもと実施されました。

■ 問い合わせ先

<研究に関すること>

- 情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系 生態遺伝学研究室
教授 北野 潤 (きたの じゅん)

<報道担当>

- 国立遺伝学研究所 リサーチ・アドミニストレーター室広報チーム