

【研究費区分】：研究センター支援

【研究代表者所属】：理学研究科 生命科学専攻

【研究代表者氏名】：田村 浩一郎

【研究代表者氏名フリガナ】：タムラ コウイチロウ

【研究代表者職】：教授

【国内研究分担者（所属,氏名,職）】

- ・東京都立大学 理学研究科 生命科学専攻, 高橋 文, 准教授
- ・東京都立大学 理学研究科 生命科学専攻, 野澤 昌文, 准教授

【国外研究分担者（所属,氏名,職）】

- ・テンプル大学ゲノム進化医学研究所, Sudhir Kumar, 所長

【研究センター名】：生命情報研究センター

【研究課題名】：ショウジョウバエ適応進化のオミックス解析

【研究実績の概要】

・生命情報センターでは、次世代シーケンシング（DNA 配列決定）技術を活用した進化生物学の研究、およびそのデータ解析技術の開発を行っている。今年度は、アカショウジョウバエの低温耐性に関するゲノム・トランスクリプトーム解析を行った。アカショウジョウバエは元来熱帯に生息していたが、1980年代に台湾から日本に分布を急速に広げた。その過程で、低温順化によって低温耐性が大きく向上する性質を獲得していることが分かっている。そこで、低温順化による低温耐性向上の遺伝機構を明らかにするため、台湾で採集された250系統のアカショウジョウバエを元にして5つの実験集団を構築し、世代ごとに低温による人為選択を50世代以上繰り返した。その結果、人為選択集団は選択を行わない対照実験集団に比べ有意に高い低温耐性を示すようになった。これら人為選択集団について11、21、31、41、51世代目のゲノム配列を次世代DNAシーケンサーによって決定し比較解析したところ、5つの人為選択集団の間で共通した遺伝子頻度の変化が観察された。現在、それらの遺伝子の機能を予想するための解析を行っている。一方、全ての人為選択集団で共通した遺伝的变化を生じたことは、低温耐性向上の進化は既存遺伝的変異に対する弱い選択的一掃によるものであることを示唆する。自然集団の解析では検出が困難な弱い選択的一掃が実験集団を用いることによって検出されたことは、本研究での成果の一つである。一方、温帯で採集され、低温順化によって低温耐性が大きく向上する5系統について、低温順化によって発現が変動する遺伝子をトランスクリプトーム解析によって調べた結果、低温順化による変化よりも系統間の差異の方が大きく、全ての系統で共通して発現が変化する遺伝子は見つからなかった。今後、人為選択集団間の共通性と野生系統間での遺伝子発現の多様性を説明する遺伝機構を明らかにする。

#### 【学会発表（発表題目，発表大会名，年月）】

- ・ Genome evolution for cold adaptation in experimental populations of *Drosophila albomicans*. Genome Concept Centennial Conference (2021年2月)
- ・ Population Genomic Analysis of *Drosophila albomicans* from Taiwan and Japan. 日本進化学会第22回大会 (2020年9月)
- ・ Comparative transcriptome analysis to reveal candidate genes for cold tolerance in *Drosophila albomicans* at different climate regions. 日本進化学会第22回大会 (2020年9月)
- ・ Evolutionary mechanisms of temperature adaptation through alternative splicing in circadian rhythmic genes. 日本進化学会第22回大会 (2020年9月)
- ・ アカショウジョウバエの低温適応の実験進化、日本進化学会第22回大会 (2020年9月)
- ・ アカショウジョウバエの温度耐性トレードオフの検証、日本進化学会第22回大会 (2020年9月)
- ・ 分散能力とハワイ諸島形成過程がショウジョウバエの種分化に及ぼす影響の解明、日本進化学会第22回大会 (2020年9月)

#### 【論文発表又は著書発行】

- ・ Evolutionary trajectories of three independent neo-sex chromosomes in *Drosophila*. Nozawa M, Minakuchi Y, Satomura K, Kondo S, Toyoda A, Tamura K. bioRxiv. (2021年3月)
- \* PathFinder: Bayesian inference of clone migration histories in cancer. Kumar S, Chroni A, Tamura K, Sanderford M, Oladeinde O, Aly V, Vu T, Miura S. Bioinformatics 36: i675-i683. (2020年12月)
- \* Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) for macOS. Mol. Stecher G, Tamura K, Kumar S. Biol. Evol. 37: 1237-1239. (2020年4月).
- ・ Efficient Methods for Dating Evolutionary Divergences. Tao Q, Tamura K, S Kumar S. The Molecular Evolutionary Clock, 197-219. (2021年1月)

(※Q1 ランク 学術誌への投稿及び EurekaAlert!への投稿等には「・」を「\*」とすること。)

#### 【外部資金への応募状況】

- ・ 挑戦的研究（萌芽）（2021年4月1日～2024年3月31日）研究代表者、応募・審査中
- ・ 基盤研究 A（2021年4月1日～2025年3月31日）研究代表者、不採択
- ・ 挑戦的研究（開拓）（2020年4月1日～2024年3月31日）研究代表者、不採択
- ・ 外国人招へい研究者（短期）（2020年4月1日～2021年3月31日）研究代表者、採択
- ・ 基盤研究 A（2017年4月1日～2021年3月31日）研究代表者、採択

#### 【科学研究費助成事業や国等の提案公募型研究費，企業からの受託研究費・共同研究費の獲得状況】

- ・ 該当なし

#### 【受賞等】

- ・ 該当なし

**【その他社会貢献】**

[公的審議会・委員会等の公的貢献, 生涯学習支援・普及啓発, 国際貢献・国際交流等]

・該当なし

(※自治体等への政策提言や知見の提供には「・」を「\*」とすること。)

**【研究成果による特許等の産業財産権の出願・取得状況】**

(産業財産権の種類, 名称, 出願番号, 出願年月日)

・該当なし

**【研究分担額】**

(研究代表者・分担者名,所属,金額 (円))

・研究代表者が総額 800 万円を代表して執行した。

(別紙)

※別紙は研究費区分が「①戦略的研究プロジェクト又は②研究センター支援」のみ、記載してください。

なお、別紙については、本学 HP 上で公表しません。

戦略的研究プロジェクト又は研究センター支援において、特任助教、PD 等の研究員の雇用をした場合には、下記について記入してください。

【雇用した研究員の氏名】

・

【雇用した研究員の研究成果】

・

【雇用期間終了後の進路】

・