

氏 名 細木 拓也

学位(専攻分野) 博士(理学)

学位記番号 総研大甲第 2333 号

学位授与の日付 2022 年 3 月 24 日

学位授与の要件 生命科学研究科 遺伝学専攻
学位規則第6条第1項該当

学位論文題目 Purging of heterospecific genome in a hybrid stickleback
population created by the 2011 tsunamis

論文審査委員 主 査 宮城島 進也
遺伝学専攻 教授
斎藤 成也
遺伝学専攻 教授
池尾 一穂
遺伝学専攻 准教授
松本 知高
遺伝学専攻 助教
小北 智之
九州大学 大学院農学研究院 教授

(Form 3)

Summary of Doctoral Thesis

Name in full Hosoki, Takuya

Title Purging of heterospecific genome in a hybrid stickleback population created by the 2011 tsunamis

Hybridization often occurs before speciation is completed. What would be the consequences of hybridizations? 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 could be reconstructed to one of the parent genomes (i.e. purging of one species). Signatures of the purging of one species after hybridization are now found in genomes of a wide range of taxa, suggesting that this is one major outcome of hybridization. In the case of purging of one species, species that contribute to the majority of the genome of the hybrids are referred to as "major species" and species that contribute to a small fraction of hybrids are referred to as "minor species". After hybridization, most of the genome from the minor species is purged because it is often deleterious to the "major species". The negative selection against the minor species genome is hypothesized to result from ecological selection against immigrants, sexual isolation, and negative interaction between parental species alleles (i.e. hybrid incompatibility). In addition, I hypothesized that spatial isolation may play a role in the purging of the heterospecific genome. If hybridization occurs in the habitat of a major species, but the minor species have a preference for moving to other habitats, this can lead to the purging of the genome that is involved in habitat choice. While purging process is predicted to occur rapidly after hybridization, it remains unanswered: how rapidly purging can occur in nature and which factors contribute to such rapid purging.

Here, I investigated the genomic change over nine years of hybrids between two stickleback fish species, freshwater *Gasterosteus aculeatus*, and anadromous *G.*

nipponicus, in habitats created by the 2011 Tohoku earthquake and tsunamis. The huge tsunamis as well as the earthquake-induced ground subsidence created new spring water-fed ponds in a formerly urban area and sticklebacks colonized there soon after the tsunami. My ecological surveys showed that the new habitats had an environmental gradient from fresh to brackish water. Genomic analysis showed that the first generation of backcrossing (BC1) to *G. aculeatus* and the second generation of intercrossing (F2) were observed in 2012, suggesting that interspecific hybridization occurred in 2011, immediately after the tsunami. This is consistent with the hypothesis of the previous study that freshwater *G. aculeatus* brought in by the backwash of the tsunami from the Gensui River and *G. nipponicus* brought in from the sea by the tsunami formed the hybrid population. In the nine years from 2012 to 2020, I found that backcrossing towards *G. aculeatus* resulted in the purging of the *G. nipponicus* ancestry. These results suggest that *G. nipponicus* alleles have been purged from hybrid populations, even though the genome was once admixed.

Analyses of genomic changes in the hybrid population showed that chromosomes with loci that contribute to spatial isolation, sexual isolation, and hybrid incompatibility underwent rapid purging of *G. nipponicus* alleles. Faster purging rates of *G. nipponicus* alleles were detected on both ancestral and neo-sex chromosomes, which contribute to spatial isolation, sexual isolation, and hybrid incompatibility, compared to autosomes. This purging pattern was also found in an autosome with a quantitative trait locus involved in spatial isolation. These multiple species barriers might have contributed to the rapid purging of the *G. nipponicus* genome. On the other hand, although the new habitats had environmental variation from freshwater to brackish water, I could not find any evidence that ecological selection for diets contributed to this purging. These results suggest that the genomic consequences of hybridization could be determined in a few generations and that multiple isolating barriers might contribute to the rapid purging in hybrid populations.

For further understanding the role of intrinsic, ecological, and demographic factors in the outcome of hybridization, a long-term analysis should be conducted on other hybrid populations, and comparison among different systems will help to predict the fate of hybrid populations. In addition, manipulating the environments and population dynamics of hybrid populations in an artificial condition and monitoring these populations would allow us to better understand how predictable the consequence of hybridization is.

博士論文審査結果

Name in Full
氏 名 細木 拓也

Title
論文題目 Purging of heterospecific genome in a hybrid stickleback population created
by the 2011 tsunamis

近年のゲノム情報の蓄積の結果、自然界では種間交雑が度々起きており、一度生じた雑種集団はその後、絶滅、新たな雑種集団の誕生、元の二種への再種分化、または片方の種のゲノムの排除 (**purging**) という 4 種類の運命のうちどれかを辿ることも示されてきた。しかし、どのような条件でどの運命を辿るのかなどの詳細は明らかになっていない。またこれらの中で **purging** は、シミュレーション解析や人為的に作出された雑種を用いた実験から、数世代から数十世代という短期間で急速に進行することが予想されており、その初期状態を捉えるのは通常困難であるため、**purging** が実際にどのように、またどのような要因により起こるのかは不明であった。

細木さん (出願者) は上記の問題を解明することを目的として、2011 年の東北地方太平洋沖地震および津波により岩手県大槌町に新たに形成された多数の湧水池においてトゲウオ科魚類イトヨ集団の経年分析を行い以下の結果を得た。

(1) まず、各年に採集された個体群のゲノム解析により、2011 年に淡水性のイトヨ (*Gasterosteus aculeatus*) と溯河性のニホンイトヨ (*G. nipponicus*) の雑種第 1 世代集団が生じたことが示された。またその後 2020 年までの 9 年間 (9 世代に相当) に、雑種集団からニホンイトヨに由来するゲノムの大部分が **purge** されたことも示された。

(2) 性的隔離、雑種不和合性 (イトヨの場合は雄性不稔) に関わることが知られていた染色体群の **purging** が最も速く進行した。これらは、一般に **purging** の原因として可能性が考慮されていた要素である。

(3) 一方で、**purging** の原因としてその可能性が考慮されていた生態適応の関与について、鰓耙数 (ベントスを主に食べる淡水性のイトヨに比べ、プランクトンを主に食べる溯河性のニホンイトヨの方が多く) と、それに相関する染色体領域 (細木さんが新たに特定した領域)、長鎖不飽和脂肪酸合成の鍵遺伝子 *FADS2* (淡水性のイトヨは餌から不飽和脂肪酸を得ることができないため、そのコピー数が多いことが知られていた) を調べた結果、これらの経年変化は認められなかったことから、生態適応は **purging** の主要な原因ではないことがわかった。

(4) 新たに空間的隔離という仮説 (溯河性のニホンイトヨのゲノムを持つ個体が海水濃度が高い側に移動したがる結果、当該ゲノムを持つ個体が湧水池からいなくなっていく) を考え、屋外実験によりその行動と相関する染色体領域を 2 箇所特定した。その情報を基に自然集団の経年変化を調べたところ、これら染色体群の **purging** も他の多くの染色体に比して速く進行したことがわかった。

これらの結果は、自然界における **purging** 過程をリアルタイムで初めて捉えたものであり、理論的に予想されていたとおりに **purging** が急速に進むことが示された。また雑種イトヨ集団に見られた急速な **purging** の主要要因は、交配隔離、雑種不和合性に加え、

今回始めて見つかった空間的隔離であることが示唆された。一方で、生態適応の影響は調べた限りにおいては見つからなかった。

これら一連の研究成果は、雑種形成、種分化およびその維持を理解する上で、非常に重要な知見を与えるものである。以上の理由により、審査委員会は、本論文が学位の授与に値すると判断した。