慶應義塾大学学術情報リポジトリ
Keio Associated Repository of Academic resouces

Title	メダカ頭部形態の個体差を決めるゲノム領域の絞り込み解析
Sub Title	Narrowing the quantitative trait loci susceptible for individual differences in medaka craniofacial morphology
Author	新屋, みのり(Shinya, Minori)
Publisher	慶應義塾大学
Publication year	2022
Jtitle	学事振興資金研究成果実績報告書 (2021.)
JaLC DOI	
Abstract	我々ヒトを含め、脊椎動物の頭部形態には個体差が認められる。この個体差は遺伝要因に生育環境の影響が加わって生じるが、その形成メカニズムについては不明の点が多い。そこで私は小型魚類であるメダカを材料に、この個体差形成に関わる遺伝要因の同定を試みている。L33およびD23と名付けた2つの頭部形態形質は、メダカ近交系であるHd-rR系統とHNI系統の間で差異が認められる。1つの近交系は遺伝的に同一な個体の集団であるため、1つの近交系はある遺伝的状態を持つ個体の様子を表す、と捉えることができる。従って、異なる近交系間に認められる差異は個体差として見做すことができ、L33とD23は個体差のある形質だと言える。統計遺伝学的解析を行った結果、L33に対しては6番染色体、D23に対しては15番染色体に差異を生じさせる遺伝要因のあることが判明した。そこで本研究では、Hd-rRのゲノム一部のみをHNI由来に置換した系統（コンジェニック系統）を複数用い、染色体上のどの位置に当該遺伝要因が存在するのかを明らかにしようと試みた。 L33については13種類、D23については7種類のコンジェニック系統を準備しており、これまでに19系統に対して各系統60個体ずつの頭部の撮影を完了した。残る1系統（D23用）は飼育が難しいため個体の準備が遅れており、現時点で22個体の撮影を終えている。次に、得られた頭部画像を用い、各個体における形質の数値化を行った。その数値をHd-rR系統とコンジェニック系統の間で比較し、差異の有無と各コンジェニック系統が持つHNI由来のゲノム領域との相関を調査した。L33については7系統の上記解析を完了し、その結果、6番染色体（約32.2メガ塩基対）の末端付近にある約3.6メガ塩基対の領域に遺伝要因のあることが示唆された。一方D23については2系統の解析が完了しており、15番染色体（約30.4メガ塩基対）の中央部分9.8メガ塩基対の領域にあることを示唆する結果となった。今後、残りの系統の解析を進め、領域を更に絞り込んで個体差を担う遺伝子へと迫る予定である。 In the vertebrates including human, the craniofacial morphology exhibits individual differences, which are shaped by multiple genetic factors and environmental factors. However, the mechanism has not been clear. I am trying to identify the genetic factors affecting the individual differences in the craniofacial morphology, using a small bony fish, medaka. Two craniofacial traits called L33 and D23, have been reported to show differences between the two medaka inbred lines, Hd-rR and HNI. As an inbred line is a population of genetically identical individuals, L33 and D23 can be said to show the individual differences. Furthermore, the statistical genetic studies have revealed that the genetic factors for L33 and D23 were present in somewhere on the chromosome 6 and 15, respectively. The aim of this study was to narrow the quantitative trait loci for each traits by using the congenic lines which are replaced a part of Hd-rR genome with the HNI genome. Firstly, the head region was taken photos for about 60 individuals per line. A total of 20 congenic lines (13 for L33 and 7 for D23) had been prepared for the analyses, and 19 of them have been completed to be taken photos of head region. The rest line (a congenic line for D23) was so hard to breed that only 22 individuals have been finished so far. As the next step, the traits were quantified in each fish using the photos of head region. Then, the phenotypic values were statistically compared between Hd-rR and each congenic lines, in order to look for the genomic region with association between the genomic origin and presence of the statistical differences. Seven congenic lines have been analyzed for L33, indicating that the genetic factor(s) may present within the genomic region of about 3.6 Mbp at the edge of the chromosome 6 (about 32.2 Mbp). For D23, the analysis using two congenic lines have suggested the genetic factor(s) somewhere on about 9.8 Mbp region in the middle of chromosome 15 (about 30.4 Mbp). Six congenic lines for L33 and 5 lines for D23 have not been analyzed yet. I will add those lines for further analyses, and narrow the quantitative trait loci enough to look at the candidate genes susceptible for the individual differences.
Notes	
Genre	Research Paper
URL	https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=2021000003-20210125

慶應義塾大学学術情報リポジトリ(KOARA)に掲載されているコンテンツの著作権は、それぞれの著作者、学会または出版社/発行者に帰属し、その権利は著作権法によって保護されています。引用にあたっては、著作権法を遵守してご利用ください。

The copyrights of content available on the KeiO Associated Repository of Academic resources (KOARA) belong to the respective authors, academic societies, or publishers/issuers, and these rights are protected by the Japanese Copyright Act. When quoting the content, please follow the Japanese copyright act.

2022 年 3 月 31 日

2021 年度　学事振興資金（個人研究）研究成果実績報告書

研究代表者	所属	商学部	職名	准教授	補助額	1,000 （特A）千円
	氏名	新屋 みのり	氏名（英語）	Minori Shinya		

研究課題（日本語）

メダカ頭部形態の個体差を決めるゲノム領域の絞り込み解析

研究課題（英訳）

Narrowing the quantitative trait loci susceptible for individual differences in medaka craniofacial morphology

１．研究成果実績の概要

我々ヒトを含め、脊椎動物の頭部形態には個体差が認められる。この個体差は遺伝要因に生育環境の影響が加わって生じるが、その形成メカニズムについては不明の点が多い。そこで私は小型魚類であるメダカを材料に、この個体差形成に関わる遺伝要因の同定を試みている。L33 および D23 と名付けた 2 つの頭部形態形質は、メダカ近交系である Hd-rR 系統と HNI 系統の間で差異が認められる。1 つの近交系は遺伝的に同一な個体の集団であるため、1 つの近交系はある遺伝的状態を持つ個体の様子を表す、と捉えることができる。従って、異なる近交系間に認められる差異は個体差として見做すことができ、L33 と D23 は個体差のある形質だと言える。統計遺伝学的解析を行った結果、L33 に対しては 6 番染色体、D23 に対しては 15 番染色体に差異を生じさせる遺伝要因のあることが判明した。そこで本研究では、Hd-rR のゲノム一部のみを HNI 由来に置換した系統（コンジェニック系統）を複数用い、染色体上のどの位置に当該遺伝要因が存在するのかを明らかにしようと試みた。

L33 については 13 種類、D23 については 7 種類のコンジェニック系統を準備しており、これまでに 19 系統に対して各系統 60 個体ずつの頭部の撮影を完了した。残る 1 系統（D23 用）は飼育が難しいため個体の準備が遅れており、現時点で 22 個体の撮影を終えている。次に、得られた頭部画像を用い、各個体における形質の数値化を行った。その数値を Hd-rR 系統とコンジェニック系統の間で比較し、差異の有無と各コンジェニック系統が持つ HNI 由来のゲノム領域との相関を調査した。L33 については 7 系統の上記解析を完了し、その結果、6 番染色体（約 32.2 メガ塩基対）の末端付近にある約 3.6 メガ塩基対の領域に遺伝要因のあることが示唆された。一方 D23 については 2 系統の解析が完了しており、15 番染色体（約 30.4 メガ塩基対）の中央部分 9.8 メガ塩基対の領域にあることを示唆する結果となった。今後、残りの系統の解析を進め、領域を更に絞り込んで個体差を担う遺伝子へと迫る予定である。

２．研究成果実績の概要（英訳）

In the vertebrates including human, the craniofacial morphology exhibits individual differences, which are shaped by multiple genetic factors and environmental factors. However, the mechanism has not been clear. I am trying to identify the genetic factors affecting the individual differences in the craniofacial morphology, using a small bony fish, medaka. Two craniofacial traits called L33 and D23, have been reported to show differences between the two medaka inbred lines, Hd-rR and HNI. As an inbred line is a population of genetically identical individuals, L33 and D23 can be said to show the individual differences. Furthermore, the statistical genetic studies have revealed that the genetic factors for L33 and D23 were present in somewhere on the chromosome 6 and 15, respectively. The aim of this study was to narrow the quantitative trait loci for each traits by using the congenic lines which are replaced a part of Hd-rR genome with the HNI genome.

Firstly, the head region was taken photos for about 60 individuals per line. A total of 20 congenic lines (13 for L33 and 7 for D23) had been prepared for the analyses, and 19 of them have been completed to be taken photos of head region. The rest line (a congenic line for D23) was so hard to breed that only 22 individuals have been finished so far. As the next step, the traits were quantified in each fish using the photos of head region. Then, the phenotypic values were statistically compared between Hd-rR and each congenic lines, in order to look for the genomic region with association between the genomic origin and presence of the statistical differences. Seven congenic lines have been analyzed for L33, indicating that the genetic factor(s) may present within the genomic region of about 3.6 Mbp at the edge of the chromosome 6 (about 32.2 Mbp). For D23, the analysis using two congenic lines have suggested the genetic factor(s) somewhere on about 9.8 Mbp region in the middle of chromosome 15 (about 30.4 Mbp). Six congenic lines for L33 and 5 lines for D23 have not been analyzed yet. I will add those lines for further analyses, and narrow the quantitative trait loci enough to look at the candidate genes susceptible for the individual differences.

３．本研究課題に関する発表

発表者氏名 （著者・講演者）	発表課題名 （著書名・演題）	発表学術誌名 （著書発行所・講演学会）	学術誌発行年月 （著書発行年月・講演年月）