

Digital Abstract Booklet / 要旨集(電子版)



Organized by / 主催

- Japan Society for the Promotion of Science / 日本学術振興会
- National Institute for Basic Biology, National Institutes of Natural Sciences / 自然科学研究機構 基礎生物学研究所

Under the auspices of / 後援

- The Japanese Society of Fisheries Science / 公益社団法人日本水産学会
- The Zoological Society of Japan / 公益社団法人日本動物学会
- Okazaki City Board of Education / 岡崎市教育委員会
- NBRP Medaka / ナショナルバイオリソースプロジェクト メダカ

The 38th International Prize for Biology is awarded to

Dr. Katsumi Tsukamoto

(Professor Emeritus, The University of Tokyo, Japan)

第 38 回 国際生物学賞 受賞者

塚本 勝巳 博士

(東京大学名誉教授)



The International Prize for Biology was instituted in April of 1985 by the Committee on the International Prize for Biology. It aims to commemorate the sixty-year reign of Emperor Showa and his longtime devotion to biological research and also to offer tribute to His Majesty the Emperor Emeritus, who has strived over many years to advance the study taxonomy of gobioid fishes while contributing continuously to the developing of this Prize. The award ceremony is held every year.

This year, the Committee on the International Prize for Biology of the Japan Society for the Promotion of Science decided to award the 38th (2022) International Prize for Biology to Dr. Katsumi Tsukamoto, Professor Emeritus, The University of Tokyo, Japan. This year's Prize is awarded in the field of the Biology of Fishes.

国際生物学賞は、昭和天皇の御在位60年と長年にわたる生物学の御研究を記念するとともに、本賞の発展に寄与されている上皇陛下の長年にわたる魚類分類学(ハゼ類)の御研究を併せて記念し、生物学の奨励を目的とした賞です。本賞は昭和 60 年に創設され、以後毎年 1 回、生物学の授賞分野を選定の上、当該分野の研究において優れた業績を挙げ、世界の学術の進歩に大きな貢献をした研究者(原則として毎年 1 人)を選考して授賞しています。今年「魚の生物学(Biology of Fishes)」分野から塚本勝巳博士(東京大学名誉教授)

が選ばれました。

塚本勝巳博士は、古来より人々の興味をかき立ててきた「動物の旅」に関心を抱き、特に海と川を行き来する「通し回遊魚」に関する研究を展開しました。塚本博士の最も偉大な功績は、海洋生物学に残された最大級の謎であったニホンウナギの産卵場の発見です。博士は 1990 年代以降、世界のウナギ研究を先導し、有史以来の謎であったウナギの産卵回遊生態の全貌を解明しました。この研究は先生ご自身が執筆された『うなぎのなぞを追って』と言うタイトルで小学校 4 年生の国語の教科書(光村図書)にも掲載されています。

以上のように、塚本博士は魚の生物学の発展に大きく寄与したばかりでなく、自身の知識や経験、哲学を提供することにより、広く調和的かつ持続的な人類社会の発展への貢献は高く評価されるものであり、第 38 回国際生物学賞の授賞対象分野「魚の生物学」に最もふさわしいと判断され、授賞が決定されました。





Organized by / 主催

- Japan Society for the Promotion of Science / 日本学術振興会
- National Institute for Basic Biology, National Institutes of Natural Sciences / 自然科学研究機構 基礎生物学研究所

Under the auspices of / 後援

- The Japanese Society of Fisheries Science / 公益社団法人日本水産学会
- The Zoological Society of Japan / 公益社団法人日本動物学会
- Okazaki City Board of Education / 岡崎市教育委員会
- NBRP Medaka / ナショナルバイオリソースプロジェクト メダカ

Speakers / 講演者

December 17th (For Researchers) in English

12月17日 研究者向け英語講演

- Jun Aoyama (The University of Tokyo, Japan)
Kurt Fausch (Colorado State University, USA)
Eric Feunteun (National Museum of Natural History, France)
Masaki Miya (Natural History Museum and Institute, Chiba, Japan)
Lynne R. Parenti (Smithsonian Institution, USA)
Catherine L. Peichel (University of Bern, Switzerland)
Manfred Scharl (University of Würzburg, Germany)
Didier Stainier (Max Planck Institute for Heart and Lung Research, Germany)
Hideaki Takeuchi (Tohoku University, Japan)
Goro Yoshizaki (Tokyo University of Marine Science and Technology, Japan)

December 18th (For General Public) in Japanese

12月18日 一般向け日本語講演

- 石川 麻乃 (東京大学)
川口 眞理 (上智大学)
神田 真司 (東京大学)
黒木 眞理 (東京大学)
佐橋 玄記 (水産研究・教育機構)
四宮 愛 (基礎生物学研究所)
竹花 佑介 (長浜バイオ大学)
津田 佐知子 (埼玉大学)
平瀬 祥太郎 (東京大学)
前田 健 (沖縄科学技術大学院大学)
横井 佐織 (北海道大学)
渡辺 佑基 (国立極地研究所)

Symposium Program / シンポジウム プログラム

December 17th (For Researchers) in English

12月17日 研究者向け英語講演

9:00-9:05 **Kiyokazu Agata** (National Institute for Basic Biology)
Opening remarks

Session 1 Chair: **Jun Kitano** (National Institute of Genetics)

9:05-9:35 **Jun Aoyama** (The University of Tokyo)
Discovery of Japanese eel spawning sites: A major scientific achievement of Dr. Katsumi Tsukamoto
*Lecture on behalf of Dr. Katsumi Tsukamoto

9:40-10:10 **Eric Feunteun** (National Museum of Natural History)
The eel syndrome: a thirty years quest to unravel the mysteries of iconic and threatened fishes

10:15-10:45 **Kurt Fausch** (Colorado State University)
Food webs in space: the influence of individual fish behavior on linked stream-riparian ecosystems

10:45-11:00 *Short break*

Session 2 Chair: **Kiyoshi Naruse** (National Institute for Basic Biology)

11:00-11:30 **Lynne R. Parenti** (Smithsonian Institution)
Phylogeny and Diversity of the Medaka and Relatives: Discoveries and Challenges

11:35-12:05 **Masaki Miya** (Natural History Museum and Institute, Chiba)
The mitogenomic contributions to molecular evolution and ecology of fishes: revealing the patterns of diversity through space and time

12:05-13:30 *Lunch break*

Session 3 Chair: **Shinji Takada** (National Institute for Basic Biology)

13:30-14:00 **Catherine L. Peichel** (University of Bern)
Replaying the tape of life: how predictable is evolution?

14:05-14:35 **Manfred Schartl** (University of Würzburg)
Structure, function and evolution of fish genomes

14:40-15:10 **Goro Yoshizaki** (Tokyo University of Marine Science and Technology)
Germ cell manipulation in fish: Little tuna produces bluefin tuna sperm

15:10-15:30 Short break

Session 4 Chair: **Shin-ichi Higashijima** (National Institute for Basic Biology)

15:30-16:00 **Hideaki Takeuchi** (Tohoku University)
Exploring the neural geography of the fish social brain

16:05-16:35 **Didier Stainier** (Max Planck Institute for Heart and Lung Research)
Genetic compensation in zebrafish, and beyond

16:35-16:40 **Hiroyuki Takeda** (The University of Tokyo)
Closing remarks

December 18th (For General Public) in Japanese

12月18日 一般向け日本語講演

9:00-9:05 **成瀬 清** (基礎生物学研究所)
開会挨拶

セッション 1 座長: **成瀬 清** (基礎生物学研究所)

9:05-9:50 **黒木 真理** (東京大学)
うなぎ博士・塚本勝巳先生の超然たる研究から学んで

9:50-10:20 **渡辺 佑基** (国立極地研究所)
マグロの速度、サメの奇妙な泳ぎ方

10:20-10:50 **石川 麻乃** (東京大学)
ゲノムから探る！海から離れたサカナたちのサバイバル術

10:50-11:00 休憩

セッション 2 座長: **中山 友哉** (名古屋大学)

11:00-11:30 **佐橋 玄記** (水産研究・教育機構)
海へ行く？それとも川に残る？—サケ科魚類にみる2つの生き方

11:30-12:00 **前田 健** (沖縄科学技術大学院大学)
海を渡る淡水魚

12:00-12:30 **平瀬 祥太郎** (東京大学)
日本海の隔離がもたらした魚の進化

12:30-13:40 昼休憩

セッション 3 座長: **矢部 泰二郎** (基礎生物学研究所)

13:40-14:10 **川口 眞理** (上智大学)
タツノオトシゴに見られる育児嚢の進化

14:10-14:40 **四宮 愛** (基礎生物学研究所)
季節の変化と生物の変化 —メダカで調べる動物の季節適応

14:40-15:10 **竹花 佑介** (長浜バイオ大学)
メダカの多様性からわかったオスメス決定のしくみと進化

15:10-15:20 休憩

セッション 4 座長: **木村 有希子** (基礎生物学研究所)

15:20-15:50 **横井 佐織** (北海道大学)
メダカの恋愛学

15:50-16:20 **神田 眞司** (東京大学)
脳から調べる魚の繁殖生理学

16:20-16:50 **津田 佐知子** (埼玉大学)
光で探る脳の発生のしくみ

16:50-16:55 **黒木 眞理** (東京大学)
閉会挨拶

Abstract / 要旨

December 17th

12月17日

Discovery of Japanese Eel Spawning Sites - A Major Scientific Achievement of Dr. Katsumi Tsukamoto -

Jun Aoyama

Otsuchi Coastal Research Center, Atmosphere and Ocean Research Institute,
The University of Tokyo, Japan



Although Dr. Katsumi Tsukamoto significantly contributed to understanding ecology and life history of many fishes during his long research career, much of his research focused on diadromous species like Ayu (*Plecoglossus altivelis altivelis*), Masu salmon (*Oncorhynchus masou*) and Japanese eels (*Anguilla japonica*). His scientific achievements in migratory ecology of fishes has led to him receiving the 38th International Prize for Biology.

One of the prestigious research accomplishments by Dr. Tsukamoto is the discovery of the Japanese eel spawning sites. After the spawning area of the Japanese eel was suggested based on the distribution of small larvae in the western North Pacific by a research cruise he led in 1991, the questions of exactly where and when do they spawn remained. These questions also applied to the American and European eels, whose spawning areas were historically estimated to occur over a huge area of the Sargasso Sea in the Atlantic.

To challenge this long-lasting mystery in marine biology, Dr. Tsukamoto led intensive analyses of the otolith daily increments of Japanese eel larvae collected in the ocean to have hints for determining their spawning time. He also conducted re-analysis of the larval distribution that was accumulated by past research cruises with oceanographic conditions to have hints for determining spawning sites of the Japanese eel. These approaches led him to establish the “Seamount hypothesis” and “New moon hypothesis”, which suggested that the Japanese eel spawns near the West Mariana Ridge during new moon nights in the summer season. Based on these hypotheses, Dr. Tsukamoto conducted strategically positioned and timed grid-sampling surveys using the R/V HAKUHO-MARU in the vast western North Pacific from 1998 and finally achieved the collection of Japanese eel eggs for the first time in 2009 that were genetically identified onboard. Adult spawning eels were also collected by fisheries trawls in collaboration with National Research Institute of Fisheries Science, Fisheries Research Agency, Japan. Consecutive collections of the ephemerally present eggs from new moon spawning events in 2009, 2011, 2012 and 2014 showed that spawning sites changed locations based on the positions of a salinity front along the southern part of the West Mariana Ridge.

To further learn about the spawning ecology of the Japanese eel, underwater observation systems were deployed resulting in the first video recording of an anguillid eel in their spawning area in 2017. New types of information such as depth of spawning were also investigated with eDNA.

Discovery of the spawning sites of the Japanese eel and further exploration of their ecological factors by Dr. Tsukamoto, represent a unique example of a scientific challenge for such mysterious creatures that migrate thousands of kilometers from continental waters to spawn in the seemingly featureless offshore ocean. Also important, is that Dr. Tsukamoto used his discoveries about the mysteries of the Japanese eel to educate the general public using books or TV programs etc. Recently he has been going directly to public schools to speak to children about the eels and the importance of its conservation for the future.

The Eel Syndrome: A Thirty Years Quest to Unravel the Mysteries of Iconic and Threatened Fishes

Prof. Eric Feunteun^{1,2}

¹National Museum of Natural History, Dinard, France

²École Pratique des Hautes Études – Paris Sciences et Lettres



Freshwater anguillid eels appeared about 65 My ago. They have survived through major climatic changes and the 5th extinction and have therefore shown that their extraordinary biological cycle represents an evolutionary success. Their mysterious life cycle has been the object of scientific and philosophical debates since more than 2400 years ago when Aristotle wondered about the origin of the eels. In 1922, Johannes Schmidt reported on his pioneering discovery of the spawning areas of Atlantic eels in the Sargasso Sea, and this was followed almost 70 years later by Dr. Katsumi Tsukamoto who discovered the spawning area of the Japanese eels in 1991. That discovery began his 30-year quest to increase knowledge about anguillid eels that was joined by many scientists worldwide including many in Europe.

Starting from the 1980s, a steep decline of the eel populations occurred for most of the temperate eel species, which gave rise to international concern on how to manage the populations worldwide. This also stimulated research on several key biological characteristics of anguillid to implement relevant and efficient management plans. What is the variability of the life history and behavioral traits of eels across their distribution range? How do they respond to natural and anthropogenic stressors and changes? More specifically what is the effect of sublethal contamination by organic and elemental pollutants on the fitness of eels? What controls the silver eels' catadromous migrations at the onset of their spawning migration? Where do eels spawn? How long do their migrations last, and what are the orientation mechanisms? What do eel larvae eat?

The presentation aims to unravel some of the mysteries of the ecology and biology of anguillid eels in order to build up a general framework towards efficient conservation strategies of the threatened eels. It will also be shown how Dr. Katsumi Tsukamoto has influenced and oriented international research on these fascinating and charismatic species through his involvement to raise awareness and exchange knowledge about anguillid eels and his cruises to search for the spawning areas of Indo Pacific species.

Food Webs in Space: The Influence of Individual Fish Behavior on Linked Stream-Riparian Ecosystems

Kurt D. Fausch¹

¹Department of Fish, Wildlife, and Conservation Biology, Colorado State University, Fort Collins, Colorado, USA



Movements of materials and prey across habitat boundaries create linkages that strongly affect the dynamics of recipient plant and animal communities. These “resource subsidies” are most surprising when they link organisms in aquatic and terrestrial habitats such as streams and forests. Pioneering research by Dr. Shigeru Nakano of Hokkaido University and his colleagues revealed that nearly half the annual energy budget of stream fish like Dolly Varden charr was supplied by terrestrial invertebrates that fall into streams, and a quarter of the energy budget of riparian birds came from adult aquatic insects that emerge from streams. Other predators like bats, lizards, and spiders also rely on these resource subsidies. Moreover, Nakano and others showed that cutting off these fluxes using mesh greenhouses caused half or more of these animals to leave. If prevented from leaving using enclosures, they grew slower and shifted to other food sources, which caused a series of cascading effects in the recipient food web.

Nakano predicted these cascading effects in the stream food web based on our earlier field research on native charr in a Hokkaido mountain watershed. We found that when drifting terrestrial and aquatic invertebrates on which Dolly Varden normally feed decline naturally in summer, or are experimentally depleted, they shifted to picking bottom-dwelling (benthic) insect larvae directly from the stream bed. Most of these insect larvae graze streambed algae, so a consequence is that benthic algae increases (termed a trophic cascade). In addition, when charr deplete benthic insect larvae this reduces emergence of adult insects to the riparian zone, thereby reducing food for riparian predators like spiders, birds, and bats.

Nakano also discovered that nonnative rainbow trout usurp terrestrial insects from Dolly Varden, thereby having an effect similar to cutting of terrestrial inputs with a greenhouse. Our large-scale field experiment manipulating both rainbow trout and greenhouses showed that adding either treatment alone, or both together, to a stream with Dolly Varden caused large effects. These included 35-83% declines in benthic stream invertebrates, insect emergence, and riparian spiders in the riparian zone, as well as about 50% increases in benthic algae. Additional field experiments and comparative studies have shown that various human effects on stream-riparian ecosystems, such as introducing other nonnative trout in streams and grazing cattle in riparian grasslands can cause similar reductions in flows of invertebrates that have strong effects on animals in the linked habitats.

Finally, seasonal changes in the fluxes of insects between stream and riparian habitats complement the prey that support predators like birds and fish. In the Hokkaido spring stream Nakano studied, emergence of adult aquatic insects begins in fall and peaks in spring, feeding birds throughout winter when terrestrial insects are scarce. In contrast, terrestrial invertebrates fall into the stream from summer to late fall, feeding stream fish during the period after insect emergence when primarily only tiny aquatic larvae are available. However, dominance of these terrestrial prey by rainbow trout eliminates this resource subsidy to Dolly Varden, which is likely a key mechanism explaining why these nonnative trout are displacing the native charr from many Hokkaido spring streams.

Phylogeny and Diversity of The Medaka and Relatives: Discoveries and Challenges.

Lynne R. Parenti

Division of Fishes, National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, Washington, DC, USA



Ricefishes are known best by the bony fish model organism, the Japanese Medaka, *Oryzias latipes* (Temminck & Schlegel, 1846). For over a century, the Medaka and some of its relatives have been at the center of a multitude of biological investigations. Ricefishes are classified in the family Adrianichthyidae, which ranges broadly throughout fresh and brackish waters of Central, South, and Southeast Asia and the Indo-Malay-Philippines Archipelago as far east as Timor. Forty species are recognized in two monophyletic genera, *Adrianichthys* and *Oryzias*. A third monotypic genus, *Nasutoryzias*, was described in 2021 bringing the total number of valid species to 41. Classification of ricefishes in the order Beloniformes and the monophyly of the Atherinomorpha, the larger group to which beloniforms belong, is corroborated by both morphological and molecular data. In contrast, phylogenetic relationships among the species of ricefishes as proposed by morphological and molecular data conflict. Possible explanations for this conflict are varied and include differences in the taxa sampled in each of these studies and the phenomenon of long-branch attraction.

One-half of the species of ricefishes are endemic to Sulawesi, Indonesia, a geologically and biologically complex island at the center of the Archipelago. Collections in Sulawesi over the past three decades have focused on the tectonic lakes, Lake Poso and the Malili Lakes system. Other regions of Sulawesi also harbor new species and are beginning to be explored. The number of endemic species is expected to continue to rise with further exploration and with the study of archival, museum collections. Field collections led to the astonishing discovery of an endemic species with one of the most striking live colorations of any known ricefish: adult males and females have a brilliant red and blue color pattern. Equally intriguing is the discovery and description of the novel reproductive mode known as pelvic brooding. Their unique reproductive and other morphological characters make Sulawesi's endemic ricefishes ideal model organisms. Ricefishes as a group may generate national and international interest in and encourage conservation of the endemic freshwater biota of Sulawesi. International collaborations will help train the next generation of biologists and continue to build invaluable natural history collections, our archives of biodiversity on Earth. Collections-based research can encourage continued discoveries.

The Mitogenomic Contributions to Molecular Evolution and Ecology of Fishes: Revealing the Patterns of Diversity through Space and Time

Masaki Miya

Natural History Museum and Institute, Chiba, Japan



Mitochondria harbor multiple copies of a maternally inherited, non-nuclear genome (mitogenome) that encodes 13 subunits of protein-coding genes. The mitogenome of vertebrates has been widely used for phylogenetic and population genetic analyses because of its compact size (16–17 kbp) and faster evolutionary rate than the nuclear genome.

In 1999, I published a new PCR-based approach for sequencing whole mitogenomes of fishes (Miya & Nishida 1999), which opened a new avenue toward addressing relationships among major fish lineages. Novel discoveries include the “resolution of higher teleostean relationships” (Miya *et al.* 2003), “deep-sea origin of freshwater eels” (Inoue *et al.* 2010), “discovery of living fossil eel” (Johnson *et al.* 2012), and “a Paleogene adaptive radiation of Scombridae and its allies” (Miya *et al.* 2013). Concurrently, we launched a database called “**MitoFish**” (Iwasaki *et al.* 2013), which specializes in fish mitogenomes and provides the gene-annotation function for the user’s convenience.

After the publication of a series of these novel hypotheses, they have been repeatedly tested and verified (or rarely refuted) by large-scale nuclear genomic data (Dornburg & Near 2021). I have noticed limits of the mitogenomic data in the phylogenetic analysis of fishes, and my major interest shifted to scientific investigations leading to more exciting discoveries. One of them was research using “environmental DNA” (extraorganismal DNA shed from macroorganisms), and I found that my extensive experience with fish mitogenomes could significantly change the existing eDNA studies.

After downloading a large amount of data from the MitoFish database and examining the aligned sequences, I found it possible to design a new set of PCR primers that amplify a short fragment (ca. 170 bp) from the 12S rRNA gene across diverse kinds of fish species. The new primers called “**MiFish**” were designed and tested against eDNA samples from four aquarium tanks with known fish compositions, and those primers successfully detected more than 230 species (Miya *et al.* 2015). This method, called “eDNA metabarcoding” (simultaneous detection of multiple species), coamplifies short fragments of fish eDNA across a wide variety of taxa and, coupled with high-throughput sequencing technologies, allows massively parallel sequencing to be performed simultaneously for hundreds of samples.

Recent studies demonstrated that eDNA metabarcoding could predict species richness in a given area, detect habitat segregation and biogeographic patterns from small to large spatial scales, and monitor the spatiotemporal dynamics of fish communities. In addition, it can detect an anthropogenic impact on fish communities by evaluating their functional diversity.

In conclusion, pioneering fish mitogenomic studies covering a wide range of diversity have greatly contributed to the resolution of fish phylogenies with a history of hundreds of million years. The fish mitogenomic data from more than 3500 species enabled the development of eDNA metabarcoding technologies that can tell us where and what kind of fish species from a bucket of water. These two studies with different scopes and spatio-temporal scales will continue to deepen our understanding of the evolution and ecology of fish diversity.

Replaying the Tape of Life: How Predictable is Evolution?

Catherine Peichel

Institute of Ecology and Evolution, University of Bern, Switzerland



How predictable is evolution? If we placed similar starting populations into replicated similar environments and then watched evolution happen, would each replicate population evolve in a predictable, deterministic way? Or, is evolution fundamentally unpredictable, dominated by chance events during and after colonization? Repeated evolution, often called ‘parallel evolution’, is taken as strong evidence for the role of natural selection in driving deterministic evolutionary change. I will first discuss our research identifying the factors that contribute to repeated evolution at both the phenotypic and genetic level in threespine sticklebacks, a classic system for the study of parallel evolution. One limitation of our previous studies is that we take a retrospective approach and therefore lack crucial historical data on the founding ancestral populations and ecosystem changes over time, which are contingencies that can shape subsequent evolutionary trajectories. An alternative approach is to conduct forward-in-time experimental evolution studies in which the properties of the founding populations are known. Then, we could ask whether replicate populations follow deterministic eco-evolutionary trajectories, or whether contingencies during and after colonization predominate these trajectories. I will describe just such an experiment in which we are following eco-evolutionary trajectories in real time. We stocked 8 natural lakes in Alaska with ~10,000 stickleback fish and will quantify the extent to which these replicate populations evolve in parallel, with respect to genotypes, phenotypes, and ecosystem properties, providing the first forward-in-time, highly replicated and whole-ecosystem study of parallel evolution in nature.

Structure, function, and evolution of fish genomes

Leif Andersson^{1,2}, Shawn Burgess³, Songlin Chen⁴, Peter Currie⁵, Kang Du⁶, Olivier Federico⁷, Paolo Franchini⁸, Yann Guiguen⁹, Erich Jarvis¹⁰, Susanne Kneitz¹¹, Heiner Kuhl¹², Dunja K. Lamatsch¹³, Jing Li⁸, Axel Meyer⁸, Gene Myers¹⁴, Mats Pettersson¹, Adam Phillippy⁷, Martin Pippel¹⁴, Manfred Schartl^{16,15}, Ashley T. Sendell-Price¹, Matthias Stöck¹², Frank Tulenko⁵

¹Department of Medical Biochemistry and Microbiology, Uppsala University, Sweden; ²Department of Veterinary Integrative Biosciences, Texas A&M University, College Station, USA; ³Developmental Genomics Section, National Human Genome Research Institute, National Institutes of Health Bethesda, USA; ⁴Yellow Sea Fisheries Research Institute, Qingdao, China; ⁵Australian Regenerative Medicine Institute, Monash University, Melbourne, Australia; ⁶Xiphophorus Genetic Stock Center, Texas State University, San Marcos, USA; ⁷Research Center for Genomic and Computational Biology, Duke University, Durham, USA; ⁸Department of Biology, University of Konstanz, Germany; ⁹Department of Animal Physiology and Livestock Systems, INRAE, LPGP, Rennes, France; ¹⁰Laboratory for Neurogenetics and Languages, Rockefeller University, New York, USA; ¹¹Department Cell Biology and Biochemistry, Biocenter, University of Würzburg, Germany; ¹²Leibniz-Institute of Freshwater Ecology and Inland Fisheries, Berlin, Germany; ¹³Research Department for Limnology Mondsee, University of Innsbruck, Austria; ¹⁴DRESDEN-concept Genome Center, Max-Planck Institute of Molecular Cell Biology and Genetics, Dresden, Germany; ¹⁵Developmental Biochemistry, Biocenter, University of Würzburg, Germany



Fish show a most spectacular variety in morphology, physiology and life history traits exceeding all other groups of vertebrates. For understanding the development and evolution of this diversity comparative genomics provides important information.

With the availability of a growing number of high-quality chromosome-level genome assemblies of fish species from many phylogenetic lineages we can also study how the genomes itself have evolved. While most fish species have a modal genome size around 1 Gb, some groups underwent contractions or expansions of the cellular DNA content. In particular, lungfishes are famous for their enormous genome size. Sequencing of the Australian, African, and South American lungfish genomes revealed that the expansion is not due to polyploidy, but to a massive propagation of transposable elements. Mechanisms, which led to transposon multiplication driving total genome size to about 90 Gb, 30 times larger than the human genome and 100 times that of an average teleost genome, will be discussed, and if and how the structural arrangements of exons, promoters, enhancers and conserved non-coding elements impact on appropriate gene expression control.

Some fish lineages evolve amazingly fast with new adaptations occurring in short periods. On the contrary, others are characterized by a kind of relative morphological stasis if compared to their fossil ancestors. This is attributed to a slow evolutionary rate. Using high precision whole genome sequencing of parents and their offspring the lowest mutation rate reported so far for a vertebrate was determined in a cartilaginous fish. The question arises how - with such a low rate - evolution can generate enough genetic diversity as a basis for adaptation and radiation.

The most peculiar constituents of genomes are the sex chromosomes. They follow a specific evolutionary trajectory, which is uncoupled from the rest of the genome. Again, fish show the greatest plasticity of sex determination mechanisms and sex chromosome structures. Even with the most advanced technologies of long-range sequencing and scaffold assembly

methods, sex chromosomes often remain fragmented as few large pieces and many small unassigned scaffolds. Despite, reference genome sequencing together with re-sequencing or pool-sequencing of several males and females has provided us with lots of information on the structure of X, Y, W, Z, neo-Y chromosomes, and B-chromosomes that act as sex determining chromosomes. Their variety does not follow any phylogenetic pattern, and different ancestral linkage groups gave rise to the sex chromosome pair. They arose repeatedly and independently, and sex chromosome turnover is frequently observed. While the majority of the so far studied sex chromosomes are relatively young, ranging from a few hundred thousand to several million years of age, others are much older, tens of millions of years, or can be traced back even to the origin of a certain taxonomic group as in sturgeons. The molecular differentiation between the homogametic and the heterogametic sex chromosome can be only a few nucleotide changes or in the extreme case manifest in a massive degeneration and gene loss like the W of birds and the Y of mammals. The extent of molecular differentiation and the speed with which this occurs is another lineage-specific feature, but as a common phenomenon, the accumulation of transposable elements is a most effective driver of sex chromosome structural diversification.

Germ cell manipulation in fish: Little tuna produces bluefin tuna sperm

Goro Yoshizaki

Institute for Reproductive Biotechnology for Aquatic Species,
Tokyo University of Marine Science and Technology, Japan

If parent fish producing eggs and sperm derived from another species could be produced, they would have many biotechnological applications. Bluefin tuna is a very popular high-end fish used as an ingredient in sushi and sashimi, but its parent fish are very large and take 3-5 years to mature. Thus, the collection of fertilized eggs is time-consuming, expensive, and requires extensive breeding facilities. If a closely related species with a smaller size and shorter maturation period could be used as a surrogate parent to produce bluefin tuna gametes, the fertilized egg supply for this species would be greatly simplified.

Regarding fishes, a hatchling has an immature immune system and is therefore significantly less capable of rejecting cells derived from other species. Furthermore, during embryonic development, germ cells emerge outside of the gonadal anlagen and migrate to the gonadal anlagen by amoebic movement induced by chemokines secreted from the gonadal anlagen. Therefore, we transplanted germ-line stem cells (GSCs) collected from the gonads of rainbow trout into the abdominal cavity of masu salmon larvae soon after hatching. We found that rainbow trout-derived GSCs survived in the masu salmon recipients without immune rejection and were incorporated into the gonadal anlagen of the recipients through amoebic movements, where they initiated gametogenesis. We confirmed that the masu salmon recipients thus produced rainbow trout eggs and sperm when they matured. Furthermore, when these masu salmon recipients were sterilized by triploidization, they produced only gametes derived from donor rainbow trout.

Therefore, using small Scombrid species as a recipient, we attempted to use this technology to produce eggs and sperm of bluefin tuna. We transplanted bluefin tuna GSCs into the body cavities of recipient hatchlings using various small Scombrid species and found that eastern little tuna, a subtropical species whose spawning area overlaps significantly with that of bluefin tuna, most efficiently incorporated bluefin tuna GSCs into the recipient gonadal anlagen. However, the early survival of this species was extremely low, and few transplanted recipients survived. Therefore, we produced a hybrid with Atlantic little tuna and used it as a recipient to achieve hybrid vigor. The resulting hybrids showed a very high survival rate and survived well even after the transplantation of bluefin tuna GSC. Furthermore, after continuous rearing of these hybrid recipients, they produced bluefin tuna sperm in eight months. In the future, our research will focus on the goal of producing bluefin tuna eggs. These techniques not only greatly simplify the production of bluefin tuna seedlings but also shorten the generation time, which, when combined with marker-assisted selection breeding, is expected to greatly shorten the establishment of valuable strains. We have also established a technique to cryopreserve GSCs for transplantation in liquid nitrogen. This technique can be applied to the long-term preservation of the genetic resources of any fish species.

Exploring the Neural Geography of the Fish Social Brain

Hideaki Takeuchi¹

Graduate School of Life Sciences, Tohoku University, Japan²



Within group-living animals, individuals appropriately tailor attitudes and responses to other group members according to the social context and external environment. At the simplest level, the behavioral output can be described as approach and affiliation (positive response) versus agonistic behavior and avoidance (negative response). The neural substrate that works between sensory input and behavioral output, or the integrative circuits underlying decision-making processes, however, is vast and mysterious. To address this issue, we have focused on medaka fish, a model animal used mainly in the field of molecular genetics.

First, we demonstrated that medaka females recognize familiar males following prior visual exposure, and social familiarity influences female mating receptivity. Medaka females exhibit a positive response (high receptivity) to familiar males and a negative response (low receptivity) to unfamiliar males. Further, we demonstrated the essential role of a subpopulation of gonadotropin-releasing hormone-producing neurons (GnRH3 neurons) in regulating the female receptivity (Okuyama et al., 2014).

Next, we found that medaka use faces (head parts) for individual recognition. Females can discriminate between two male faces and two objects, but the upside-down of faces made it more difficult to discriminate between them. When discriminating between two non-face objects, upside-down did not affect it. Thus, faces may be special for fish, just as humans (Wang and Takeuchi 2017). This is the first study that shows the face inversion effect in animals other than mammals.

Finally, we revealed the involvement of an oxytocin homolog (isotocin, referred herein as OT) in mate choice in medaka fish. Females prefer to mate with familiar mates, whereas males court indiscriminately, irrespective of familiarity. The OT system was essential for eliciting female mate preference for familiar males, while it was also required for unrestricted and indiscriminate mating strategy in males. Our findings showed that the OT system plays a role in the mate choice for familiar individuals in a sex-specific manner in medaka fish (Yokoi et al 2020).

1) A neural mechanism underlying mating preferences for familiar individuals in medaka fish T. Okuyama, S. Yokoi, H. Abe, Y. Suehiro, H. Imada, M. Tanaka, T. Kawasaki, S. Yuba, Y. Taniguchi, Y. Kamei, K. Okubo, A. Shimada, K. Naruse, H. Takeda, Y. Oka, T. Kubo, and H. Takeuchi, *Science* **343**, 91-94 (2014).

2) Individual recognition and the 'face inversion effect' in medaka fish (*Oryzias latipes*). M.Y. Wang and H. Takeuchi, *eLife*, **6**, 24728 (2017).

3) Sexually dimorphic role of oxytocin in medaka mate choice. S. Yokoi, K. Naruse, Y. Kamei, S. Ansai, M. Kinoshita, M. Mito, S. Iwasaki, S. Inoue, T. Okuyama, S. Nakagawa, L.J. Young, and H. Takeuchi, *Proc. Natl. Acad. Sci.* **117**, 201921446 (2020).

Transcriptional Adaptation, a Newly Discovered Mode of Genetic Compensation.

Didier Stainier¹ and lab

Max Planck Institute for Heart and Lung Research, Bad Nauheim, Germany



Each human genome has been reported to contain approximately 100 loss-of-function (LoF) variants, with roughly 20 genes completely inactivated. Some of these completely inactivated genes are essential genes, and yet they are present in a homozygous state in apparently healthy individuals. This totally unexpected lack of phenotype has also been observed in commonly studied model organisms including yeast, flies, worms, plants, fish, and mice. Various hypotheses have been proposed to explain these findings including Genetic Compensation (GC). GC manifests itself as altered gene/protein expression, or function, which leads to a wild-type-like phenotype in homozygous mutant or heterozygous individuals who would be predicted to exhibit clear defects (reviewed by El-Brolosy and Stainier, *PLoS Genetics*, 2017). Traditionally, GC has been thought to involve protein feedback loops such that if one component of a regulatory pathway is deficient, a compensatory rewiring within a network or the activation of a functionally redundant gene occurs. However, not every major regulatory network has evolved to incorporate such complex features. Another mechanism of GC is the newly identified process of Transcriptional Adaptation (TA): some deleterious mutations, but not all, trigger the transcriptional modulation of so-called adapting genes. In some cases, e.g., when one (or more) of the upregulated adapting genes is functionally redundant with the mutated gene, this process compensates for the loss of the mutated gene's product. Notably, unlike other mechanisms underlying genetic robustness, TA is not triggered by the loss of protein function. This unexpected observation has prompted studies into the machinery of TA and the contexts in which it functions.

We discovered TA while trying to understand the phenotypic differences between knockout (mutant) and knockdown (antisense treated) zebrafish embryos (Rossi et al., *Nature*, 2015). Further studies identified additional examples of TA in zebrafish as well as examples in mouse and human cell lines. By generating and analyzing several mutant alleles for these genes, including non-transcribing alleles, we found that mutant mRNA degradation is required to trigger TA (El-Brolosy et al., *Nature*, 2019). Based on these and other data, we hypothesize that all mutations that cause mutant mRNA degradation can trigger TA. We have also observed TA in *C. elegans*, and through a targeted RNAi screen followed by genetic analysis, found a role for small RNA biogenesis in this process (Serobyant et al., *eLife*, 2020). This presentation will also go over our unpublished data on TA including the transgenerational inheritance of this process.

Abstract / 要旨

December 18th

12月18日

うなぎ博士・塚本勝巳先生の超然たる研究に学んで

黒木 真理

東京大学大学院情報学環/大学院農学生命科学研究科



第38回国際生物学賞の授賞対象分野は「魚の生物学」で、東京大学名誉教授の塚本勝巳先生が受賞された。塚本先生は、古来より人々の興味をかき立ててきた「動物の旅」に関心を抱き、海と川を行き来する魚類の回遊現象の基本法則や回遊行動の進化に関する学術基盤を構築し、回遊魚の生物学を大きく進展させた。1970年代にニホンウナギの産卵場調査を開始した塚本先生らの研究チームは、ニホンウナギは夏の新月に西マリアナ海嶺周辺で産卵するという仮説を立て、主に学術研究船「白鳳丸」を用いて新たな手法を導入した航海戦略を立案し、2009年に世界初のウナギ卵の採集に成功した。有史以来の謎であったウナギの産卵場を発見したことは、科学史に残る金字塔として世界の研究者が認めるところである。また、塚本先生はウナギ資源の安定供給を目指して養殖用のシラスウナギ種苗を人工的に大量生産する技術開発の研究統括も長く務められ、教育、社会及び国際的な課題の解決に向けて主導的役割を担い、多大な貢献を果たした。さらに、小学校4年生の国語の教科書（光村図書）に『うなぎのなぞを追って』を執筆され、自ら全国の小学校へ赴き、自然との共生を考える授業を実施してきた。“うなぎキャラバン”と銘打たれたこの活動は、日本全国で計300回近くに及ぶ。国内外の科学者のみならず、一般市民や子どもたちの関心を高めてきたことは、塚本先生の卓越した功績といえる。

私は2002年から当時東京大学海洋研究所の教授であった塚本勝巳先生のもとで、主に熱帯に生息するウナギ（以下、熱帯ウナギ）の初期生活史と回遊の進化に関する研究に行ってきた。それまでのウナギの研究は、ニホンウナギやヨーロッパウナギなど高緯度域に生息する種が中心で、種数では3分の2に及ぶ熱帯ウナギの研究は立ち遅れていた。そこで、インド・太平洋における調査航海でウナギの仔魚を採集し、それらの初期生活史を調べた結果、成長パターンや仔魚期間は種特異的な回遊規模に依存して異なることがわかった。そして、ウナギの回遊は熱帯域の局所回遊に原型があり、その中から高緯度まで仔魚が輸送される大回遊タイプが出現し、地理分布が拡大する方向に進化してきたものと推察された。塚本先生の研究室で恵まれた環境を与えていただいたからこそ、壮大な海を舞台とした研究課題に没頭できた。ウナギの蒲焼きは多くの日本人がこよなく愛する食文化のひとつだが、その資源は世界規模で減少の一途を辿り、現在はニホンウナギを含む数種が絶滅危惧種に指定されている。一方、多くの熱帯ウナギは科学的知見が不十分で、資源評価さえできない状況にある。古くから食資源として利用されているウナギと末長く共存していくためには、次世代の子供たちへの教育が大切である。そこで、次世代の子どもたちに海洋生物の魅力を伝え、地球環境に関心を抱ききっかけを創出するため、展示活動や絵本・図鑑の制作にも取り組んでいる。

マグロの速度、サメの奇妙な泳ぎ方

渡辺 佑基¹

国立極地研究所¹



広い海を自由に泳ぎまわる魚たちは、どんなふうに生活し、食べ物を探し、次世代に命を繋いでいるのでしょうか。魚を海の中で長期間にわたって観察することは難しく、これまでは生態を詳しく調べることができませんでした。近年、動物の体に小型の機器を取り付け、自然のままの行動や周りの環境を計測する「バイオロギング」と呼ばれる技術が急速に発展しました。そして、過去には想像すらできなかった魚たちの本当の姿が次々と明らかになってきました。本講演では、マグロとサメを中心にして、バイオロギングが明らかにした海の魚たちの姿をお話します。

ゲノムから探る！海から離れたサカナたちのサバイバル術

石川 麻乃

東京大学 大学院新領域創成科学研究科



生物は新しい環境へ進出し、新たな種や集団に分かれることで、多様化してきた。一方で、この新しい環境への進出能力には生物間で違いがあり、新しい環境に何度もくりかえし進出する種がいる一方で、それらに全く進出しない種もいる。しかし、この違いがどのような遺伝子やゲノムの違いによって生じているのかは分かっていなかった。この代表的な例が、魚の淡水進出である。魚は、海から淡水域へ繰り返し進出したが、この進出能力は、魚によって異なり、何度も淡水進出する魚がいる一方、全く進出できない魚もいる。では、この違いはどのように生まれるのだろうか？

私たちは、この謎を解くために、進化生物学のモデル生物であるトゲウオに着目した。トゲウオ科のイトヨ *Gasterosteus aculeatus* は北半球に広く棲む冷水性の魚で、氷河期以降、海から淡水域へ何度も進出し、それぞれの生息地で多種多様な形や性質を進化させてきた。それに対して、イトヨと約 80 万年前に分岐したニホンイトヨ *G. nipponicus* は、全く淡水域に進出していないことが私たちの研究から分かってきた。そこで、非常に近縁でありながら異なる淡水進出能力をもつこの 2 種を比較することで、この違いを生む遺伝子を発見できると考えた。

鍵となると考えられたのが魚の成長や生存に必要なある脂肪酸を作る能力だった。長鎖不飽和脂肪酸ドコサヘキサエン酸 (DHA) は、海産餌に多く含まれる一方、淡水餌にはほとんど含まれない。DHA を含まない淡水餌を給餌すると、ニホンイトヨの稚魚はイトヨに比べ、高い死亡率を示すが、これらは DHA 強化餌の給餌で回復した。つまり、イトヨはニホンイトヨに比べて高い DHA 合成能を持ち、それが淡水環境での稚魚の高い生存率に寄与していると考えられた。

私たちは更に、この DHA 合成能の違いの原因となっている遺伝子を発見した。それは、DHA 合成酵素をコードする *Fads2* 遺伝子である。ニホンイトヨは *Fads2* を 1 つだけ持つ一方で、イトヨは *Fads2* のコピーを複数持っていた。この *Fads2* をニホンイトヨで過剰発現させると、淡水餌飼育下での DHA 合成量が増加し、死亡率も回復した。これは、*Fads2* 遺伝子の増加が淡水環境での稚魚の生存率の上昇に寄与していることを示している。また、イトヨでは、淡水域に進出した以降も、*Fads2* のコピー数が更に増加していた。これらの結果から、*Fads2* 遺伝子の増加が、餌中に DHA が少ない淡水域へのイトヨの進出と適応に寄与したと考えられた。

Fads2 遺伝子は、トゲウオだけでなく、より幅広い魚種でも淡水進出に重要であった可能性が高い。全ゲノムが解読された魚種 48 種を解析すると、淡水域に進出していない魚種に比べ、進出した魚種は *Fads2* 遺伝子を多く持っていた。つまり、私たちが発見した *Fads2* 遺伝子はこれまで何度も起こってきた魚の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る。

海へ行く？それとも川に残る？—サケ科魚類にみる2つの生き方

佐橋 玄記

水産研究・教育機構さけます部門



魚類の中には一生を同じ場所で過ごす種もありますが、中には川から海へ、または海から川へ、あるいは広い海の中で住んでいる場所を自分で移動して変える、「回遊」をする種もあります。こうした魚類の回遊は、その不思議さや美しさによって古くから人々を夢中にしてきました。同時に、なぜ魚類は回遊するのか、その謎の解明に、これまで多くの研究者が挑んできました。回遊に関わる謎を解明することは、魚の一生における回遊の役割や回遊に関わる進化を理解するために重要です。

しかし、必ずしも同じ種の集団内の全ての魚が回遊を行う生き方を選ぶというわけでもありません。同じ種の集団内に「回遊を行う生き方」と「回遊を行わない生き方」の2つの生き方が生じる部分回遊は、多くの魚類に見られる回遊のあり方の1つです。さらに、不思議なことに、たとえ同じ種の魚であっても、ある集団では「回遊を行う生き方」を選ぶ魚が多いのに対し、別の集団では「回遊を行わない生き方」を選ぶ魚が多い、というような場合が結構あるのです。しかし、なぜ2つの生き方の割合は集団間で違うのだろうか、という謎を調べた研究は多くはありませんでした。

そこで、私と共同研究者は、「回遊を行う生き方」と「回遊を行わない生き方」という2つの生き方の割合はなぜ同じ種の集団間で違うのだろうか、という謎を明らかにすることを目的として、北海道に暮らしているサケのなかまに注目して野外で研究を行ってみることにしました。注目したサケのなかまのオスは、川で生まれた後に海へ行く生き方と、生まれた川で一生を過ごす生き方の2つの生き方のどちらかを選びます。さらに、研究を行った川では、異なる2種のサケのなかまがどこでも一緒に暮らしていました。この川の特徴を活かし、同時に2種に注目することで、回遊を行うたくさんの種に広く当てはまるような同じ考え方を見つけてみよう、とも思いました。研究の結果、住んでいる場所が海から遠い集団ほど、つまり回遊の距離が長い集団ほど海に回遊しない生き方を選ぶ、という同じ傾向が2種の魚で認められました。これは、2種の魚が共に、回遊が大変（＝今回は川と海の行き来が大変）であるほど、海に回遊しない生き方を選ぶようになった結果であると考えられました。

それぞれの種で、回遊に関わる生き方がどう分かれるのか、を理解しようとする研究はこれまで魚類でも数多く行われてきました。一方で、回遊を行うたくさんの種に広く当てはまるような考え方を見つける研究は多くはありませんでした。私たちの研究は、回遊をする際に必ず生じる、回遊の大変さによって回遊に関わる生き方が分かれる、という考え方を示しており、今後同じような部分回遊が見られる多くの種の生き方の謎の解明に貢献できるかもしれないと考えています。

海を渡る淡水魚

前田 健

沖縄科学技術大学院大学 海洋生態進化発生生物学ユニット



沖縄といえば、サンゴ礁の海と白いビーチのイメージが強いかもしれないが、小さいながら多くの川があり、さまざまな魚が住んでいる。例えば、沖縄島の汀間川は全長 7 km に満たない小河川であるが、そこではこれまでに 250 種を超える魚類が確認されている。しかし、川の中で一生を過ごす種はほとんどいない。多くの種は、生活史の初期にあたる仔魚期を海で過ごし、川と海の間を回遊する。

沖縄の川に住む魚種の 30~40% を占めるのがハゼの仲間である。それらの卵は石の下や巣穴の壁などに産み付けられ、孵化するまで親魚が世話をする。孵化仔魚は、体長 1~4 mm で、鰭や骨格が未発達であるため遊泳力が弱く、すぐに海へ流下する。海で一定期間の浮遊期を過ごした後、仔魚は河川に加入し、底生生活に移行する。成魚と同じような姿に変態した魚は、川の中でさらに成長し、成熟すると産卵する。

サケなどの回遊では、生まれた川に戻る「母川回帰」が有名であるが、ハゼ類の場合は必ずしも同じ川に戻るわけではない。それどころか、海を越えてはるかかなたの川に入ることも多い。沖縄の川でハゼ類を観察していると、見慣れない新顔の魚に出会うことがある。それらは、熱帯域で生まれた仔魚が、浮遊期に海流などによって運ばれてきたものと考えられる。海外からも報告のない種が見つかる場合もあるが、沖縄での個体数の少なさから、それらも未知の生息地から海を越えて運ばれて来た可能性が高い。このような魚たちの個体群は不安定で、同じ場所で数年以上継続して観察されることは少ない。

普通種も同様に旅をする。例えば、チチブモドキは、沖縄の川に普遍的に分布し、繁殖するハゼ類の 1 種である。沖縄島における産卵期は 5~12 月であるが、仔魚は一年中加入する。さらに、耳石の輪紋数から、沖縄島の川に加入する仔魚に冬生まれの個体が含まれることが推測される。沖縄より暖かい地域で生まれた個体が海を越え、毎年多数運ばれて来るのだろう。このような魚たちは仔魚期に広く「分散」し、新天地へたどり着く機会を持つ。

その一方で、浮遊期に河口から遠く離れずあまり分散しない種もいると考えられる。そのような種は、遠隔地間の交流が乏しく、分布域が狭い。分散の程度は種によって異なると考えられる。

このように川に住む「淡水魚」であっても、生活史の初期を海で過ごし、その間に分散する機会を持つ種は多い。それらはどこからどこへ、どのように、どのくらい運ばれるのだろうか？ 分散の実態と分散機構を解明することは、生態系を理解し、生物多様性を保全する上で重要であるが、いまだ謎に包まれている部分が多い。さらなる研究の進展を期待したい。

日本海の隔離がもたらした魚の進化

平瀬 祥太郎

東京大学水産実験所



今から約 260 万年前から始まった更新世（こうしんせい）。それは寒い氷期と暖かい間氷期が交互にやってくる、まさに激動の時代でした。氷期には海水面が今より 120 メートル程度下がり、浅い海峡で外海とつながった世界各地の閉鎖的な海は隔離されました。私たちがよく知っている日本海も、氷期には隔離され、海流の流入が止まった今とは異なる環境でした。では、日本の沿岸に広く分布する海の魚たちは、この激動の時代を経てどのように今の分布域を形成したので

しょうか？

種内の個体群間における DNA 配列の違いは、そのような歴史を推定する上で重要な手がかりとなります。例えば、ある魚種の太平洋側の個体群と日本海側の個体群が大きく異なる DNA 配列を持っていた場合、これらの海域間では長期間にわたって個体の移動が少なく、移動を制限する何らかの地理的な障壁があったことが推測されます。「分子系統地理学（ぶんしけいとうちりがく）」は、こういった種内における「遺伝的分化」のパターンを明らかにすることで、種がたどってきた進化の歴史を明らかにする研究分野です。

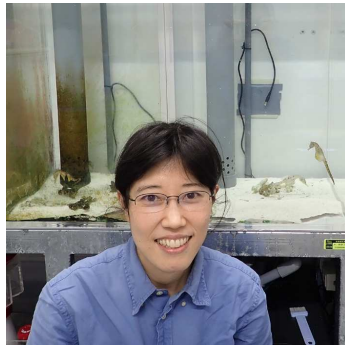
遺伝的分化は、各個体群で異なる DNA の変異（mutation）が生じ、長い時間をかけて異なる変異が蓄積することで大きくなっていきます。一般的に海の魚においては、卵や稚仔魚、成魚の移動が広い範囲で起こって、こうした変異が混ざり合うため、個体群間の遺伝的分化が小さく、そこから種の過去の歴史を推測することが困難な場合が多いです。しかし、一部の沿岸の魚においては、個体の移動がほとんど起こらないことが明らかになってきました。このような生態を持つ海の魚の場合には、遠い昔の環境変動がもたらした種内の遺伝的分化のパターンが、現在まで保持されていると考えられます。

私は、大学生の頃からアゴハゼというハゼ科の魚の分子系統地理研究を行ってきました。皆さんは、この種名こそ知らないかもしれませんが、本種は日本沿岸の潮溜まり（タイドプール）で普通に見られる身近な魚で、子供たちの磯遊びの格好の遊び相手となっています。実は、アゴハゼの DNA 配列には、日本海の隔離といった更新世における環境変動の痕跡が刻みこまれていることがわかりました。今回の講演では、このアゴハゼを中心に、日本沿岸における更新世の環境変動が引き金となった海の魚の進化の歴史についてお話ししたいと思います。

タツノオトシゴに見られる育児囊の進化

川口 眞理

上智大学理工学部物質生命理工学科



タツノオトシゴのオスは、腹側に「育児囊」と呼ばれる子育て器官を持っています。オスはメスから卵を受け取ると、稚魚になるまで育児囊内で保護し、出産します。このように、タツノオトシゴは私たちヒトとは性の役割が逆転しているように見える不思議な生態をしています。

育児囊は成熟したオスには見られませんが、未成熟なオスには見られません。そこでまず、タツノオトシゴを用いて、成長過程を通してどのようにして育児囊ができるのかを調べました。未成熟なオスの将来育児囊ができる部分の腹側を観察していると、左右2本の線のような形の盛り上がりが見え始めます。これが育児囊の原基です。この盛り上がった部分が体の中心線（正中線）に向かって伸びていき、正中線まで到達すると融合し、育児囊の入り口の穴を残して袋状になりました。その後、タツノオトシゴの成長とともに育児囊が膨らんでいくことがわかりました。

タツノオトシゴが属するヨウジウオ科にはたくさんの魚種が含まれますが、そのすべてのオスに育児囊が見られます。その多くの魚種は、藻場やサンゴ礁に生息していて外敵も多く、そのような環境に適応して、卵を保護する育児囊を獲得したと考えられています。しかしながら、育児囊の形態は多様で、体表に卵を付着させるだけの単純なもの（開放型）から、両脇から伸びた表皮で卵を覆い隠す閉鎖型の育児囊、さらに最も発達した袋状のものはタツノオトシゴに見られます。

異なる形態の育児囊をもつ5種類のヨウジウオ科魚種を用いて、育児囊が進化過程でどのように複雑化してきたのかを考察しました。その結果、すべての魚種の育児囊は、抱卵中には血管が発達し、未抱卵の時と比べると、抱卵時の育児囊の内腔の上皮が非常に薄くなっていました。この結果は、抱卵時には父親と子の間で栄養や老廃物などの物質交換が行われていることを示唆しています。このことから、これらの魚種の育児囊には胎盤があることが明らかになりました。特に、タツノオトシゴやヨウジウオに見られる閉鎖型の育児囊は、胎盤がとても柔らかい特殊な構造をもっています。これらのことから、ヨウジウオ科の進化過程で、閉鎖型の育児囊の獲得とともに、卵の保護の役割がより発達した胎盤をもつようになったと考えられています。

季節の変化と生物の変化 —メダカで調べる動物の季節適応

四宮 愛

基礎生物学研究所 バイオリソース研究室



地球上には様々な自然環境がありますが、昼と夜、温度、湿度、日長や日射量、降水量といった環境をつくる要素は、毎日、また季節に応じて周期的に変化しています。1日の変化は地球の自転、また1年の季節変化は、地球が自転軸の傾きをもったまま太陽の周りを公転していることから生じています。赤道から離れた地域では季節の変化は大きく、厳しい冬があります。野生の動物たちは、繁殖、換毛、渡りや冬眠など、生理機能や行動を調節して季節変化に適応していますが、動物の環境適応のしくみはまだ十分に理解されていません。私たちは、動物が季節の変化をどのように感知して、どのように適応しているのか、そのメカニズムを探っています。

自然環境に生息するメダカは、季節の移り変わりを敏感に感じ取り、日が長くなり暖くなる春に卵を産み始め、夏の終わり頃には産卵を終えます。また、冬の間は水の底であまり動かずにじっとしていますが、春から夏は活発に泳ぎ、子孫を残すための配偶行動を行います。これらの行動の違いはどのようにもたらされているのでしょうか？面白いことに、メダカは季節に応じて視覚や色覚を変化させ、色覚の季節変化が行動に影響を及ぼしていることがわかってきました。

メダカは日本人にとって非常になじみ深い「田んぼや小川でよく見る(見た)小魚」です。飼育に場所を取らず容易に卵を産ませることができ、また卵が透明で観察しやすい、成熟するまでの期間が短く世代交代が早い、などの研究材料としての優れた特徴から、100年以上も前から実験動物として使われてきました。近年は、ゲノム情報が詳しく調べられ、また遺伝子を操作する様々な技術が発展してきたことから、ますます多くの研究に使われるようになっていきます。日本各地の地域集団を使って、性質や形質を比較する研究ができることも大きな利点ですが、残念なことに、メダカの生息地は減少しており、人為的な放流による遺伝的かく乱も問題になっています。

本講演では、メダカを使った動物の季節適応の研究、また研究における生物遺伝資源(バイオリソース)としてのメダカについて紹介します。

メダカの多様性からわかったオスメス決定のしくみと進化。

竹花 佑介

長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部



メダカは日本在来の野生動物であるだけでなく、日本人が江戸時代から飼育してきた日本初の観賞魚でもあります。誰でも簡単に飼育や繁殖ができるという観賞魚としての利点は、実は実験動物としても重要な特徴です。明治以降の生物学者は、ヒメダカなどの突然変異体（いわゆる改良品種）を、遺伝学や発生生物学をはじめとした多岐にわたる生物学研究に利用することで、日本のメダカを世界中で使われる実験動物 Medaka へと発展させてきました。しかし、私たちはこの「飼い慣らされた」日本のメダカではなく、「ちょっとクセがある」海外のメダカ近縁種を研究に使っています。

あまり知られていませんが、東南アジアにはメダカの近縁種が 35 種以上も生息し、驚くほど多様化を遂げています。彼らは日本のメダカほど飼いやすくはありませんが、メダカで培われた実験ノウハウを利用することができます。私たちはこれらメダカの近縁種を使って、オス・メスという性別の違いを生み出すしくみと、その進化について研究しています。これまでの研究から、メダカはヒトと同じように遺伝で性別が決まるものの、そのしくみは種ごとに違うことがわかってきました。メダカでは、性別を決定する染色体（性染色体）にも著しい多様性があるのです。

性染色体には性別決定のマスター遺伝子（性決定遺伝子）があり、それがオス・メスどちらになるかという、スイッチの役割をしています。私たちの研究室では、それぞれのメダカの性染色体からこのマスター遺伝子の候補を探し、それが本当に性別決定に関わっているのかをゲノム編集実験で確かめようとしています。これにより、どのような遺伝子の、どのような変化によって多様な性染色体が進化してきたのか、その謎を解明したいと考えています。

メダカの恋愛学

横井佐織

北海道大学大学院薬学研究院



「彼氏、彼女にするならどんな人がいい？」と聞かれたら、「優しい人」「背が高い人」「お金持ち」「美人/イケメン」などなど、いろんな答えがあると思います。では、メダカの世界ではどうなのでしょう？

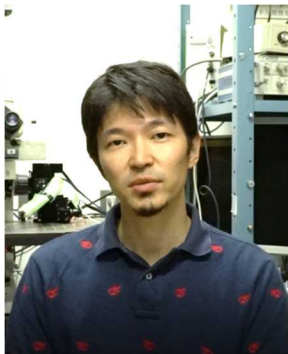
メダカの世界でもカップル成立には色々苦勞があるようで、メスは気に入ったオスの求愛はすぐに受け入れますが、気に入らないオスは完全拒否。そして気に入ったオスというのは、どうやらずっと自分のそばにいてくれたオス。なので、オスはメスに気に入られるために奔走します。

本講演では、カップル成立までのメダカのオスとメスの行動を紹介し、その行動の制御や、そもそもの異性の好みを制御するメカニズムについて最新の研究結果を交え、お話しします。そして、メダカのカップル成立には、私たちヒトも持ち合わせているホルモンが関係しているなど、メダカとヒトとの意外な共通点についてご紹介します。

脳から調べる魚の繁殖生理学

神田真司

東京大学大気海洋研究所 海洋生命科学部門



「親子丼」を思い浮かべて欲しい。鶏の親子丼を思い浮かべた方は、卵がひとつ、鮭の親子丼を思い浮かべた方は、たくさんのイクラを想像されたはずだ。このように、動物によって作り出す卵の数は異なっている。つまり、我々哺乳類は少産少死の戦略を採っている一方、多くの真骨魚類（いわゆる魚）たちは多産多死の戦略を採っている。脊椎動物一般において、性成熟がおこり、繁殖期の到来とともに「卵を育て、排卵させる」しくみ（配偶子形成）は、視床下部ニューロン・脳下垂体のホルモンによって担われている。これらの詳細なメカニズムは、主に哺乳類を用いた研究によって明らかにされてきたが、これほどまでに異なる数の卵をつくる哺乳類と魚、本当に同じ制御システムで制御可能なのだろうか？

そのような疑問をもとに、魚の視床下部・脳下垂体を研究していると、共通点と相違点がはっきり見えてくる。特に興味深いのが、脳下垂体のホルモン、濾胞刺激ホルモン(FSH)と黄体形成ホルモン(LH)の使われ方である。これらの脳下垂体2つともが配偶子形成に重要な役割を示すことは、哺乳類・魚ともに明らかになっていた。しかし、その後のさまざまな研究の結果から、魚においてはFSHが卵胞を育て、LHが排卵を促すのに対し、哺乳類ではLHがその両方に関わっていることがわかってきた。さらに、その違いは、視床下部による脳下垂体制御メカニズムの違いに起因することも示唆されてきた。また、興味深いことに、哺乳類ではFSHとLHを、ひとつの細胞が巧みに出し分けているのに対し、魚では、FSH細胞、LH細胞という2種類の別の細胞に分化しており、シンプルに考えて、それぞれを独立に調節しやすい形態になっていることもわかっている。進化での保存性が高いと考えられる視床下部・脳下垂体の、しかも同じホルモンを使った制御においても、その制御方法が異なるということは、様々な手法・観点から検証することが大切であることを教えてくれる。

こういった魚の進化や、我々との違いを研究するために、我々はモデル魚類としてメダカを使って研究を進めている。メダカを用いた研究では、遺伝子を改変し、特定のニューロンを蛍光標識することや、簡単な手術などを行うことができ、魚一般でのメカニズムの理解、さらには、脊椎動物の進化に繋がるヒントを与えてくれる。本講演では、さまざまな手法にも触れながら、魚と我々の視床下部・脳下垂体による配偶子形成制御の作り方の違いについて紹介する。

光で探る脳の発生のしくみ

津田 佐知子

埼玉大学大学院理工学研究科



私達は日々様々な刺激を受け、行動といった出力を出して暮らしていますが、これらを司る脳はどのように作られるのでしょうか。発生過程で、脳の機能に重要な神経細胞（ニューロン）がどのように生まれ、集団をなしてネットワーク（神経回路）を作り機能するのか、そのしくみを明らかにするため、小型熱帯魚ゼブラフィッシュに光技術を用いて取り組んでいます。ゼブラフィッシュは、体が小さく透明で、生きたまま個々の細胞のふるまいや、脳全体の活動を観察しやすいなど、発生学・神経科学などに広く用いられるモデル動物です。本発表では、進化的に広く保存された脳領域であり、感覚・運動情報の統合や社会性などをなす「小脳」に注目し、細胞の動きや活動を蛍光タンパク質により光標識することで見えてきた、脳の細胞集団のダイナミックな挙動についてご紹介します。

さらに、魚が見せる興味深い性質として、イワシの群れなどで知られるように、群れをなして泳ぐ、時に海洋を長距離にわたり遊泳することが知られます。こういった群れ行動がどのように生まれ、制御されているのか、これについて現在私達が進めているゼブラフィッシュの集団を用いた研究についてもご紹介します。

第38回 国際生物学賞記念シンポジウム

魚の生物学 その生態、進化と発生

Commemorative Symposium for the 38th International Prize for Biology
"Biology of Fishes: Ecology, Evolution and Development"

2022. 12. 17^土・18^日

会場

岡崎コンファレンスセンター

〒444-0864 愛知県岡崎市明大寺町伝馬8-1

※オンライン同時開催



国際生物学賞 記念シンポジウム

塚本博士の受賞を記念し、国際および国内向けシンポジウムを開催します。
最新情報はウェブサイトをご覧ください。(参加申し込み必要、参加費無料)

<https://www.nibb.ac.jp/ipbsympo38/>



第38回 国際生物学賞受賞者

塚本 勝巳 博士

Dr. Katsumi Tsukamoto

東京大学名誉教授

Professor Emeritus, The University of Tokyo

「ニホンウナギ産卵場の発見」

塚本勝巳博士は、古来より人々の興味をかき立ててきた「動物の旅」に関心を抱き、特に海と川を行き来する「通し回遊魚」に関する研究を展開しました。塚本博士の最も偉大な功績は、海洋生物学に残された最大級の謎であったニホンウナギの産卵場の発見です。博士は1990年代以降、世界のウナギ研究を先導し、有史以来の謎であったウナギの産卵回遊生態の全貌を解明しました。この研究は先生ご自身が執筆された「うなぎのなぞを追って」と言うタイトルで小学校4年生の国語の教科書(光村図書)にも掲載されています。

以上のように、塚本博士は魚の生物学の発展に大きく寄与したばかりでなく、自身の知識や経験、哲学を提供することにより、広く調和的かつ持続的な人類社会の発展への貢献は高く評価されるものであり、第38回国際生物学賞の授賞対象分野「魚の生物学」に最もふさわしいと判断され、授賞が決定されました。

国際生物学賞は、昭和天皇の御在位60年と長年にわたる生物学の御研究を記念するとともに、本賞の発展に寄与されている上皇陛下の長年にわたる魚類分類学(ハゼ類)の御研究を併せて記念し、生物学の奨励を目的とした賞です。

主催：日本学術振興会／自然科学研究機構 基礎生物学研究所

後援：公益社団法人日本水産学会／公益社団法人日本動物学会／岡崎市教育委員会／NBRP×ダカ

問い合わせ：第38回国際生物学賞記念シンポジウム実行委員会

(TEL) 0564-55-7596 (E-mail) ipbsympo38@nibb.ac.jp



シンポジウム 1 12月17日(土) 研究者向け英語講演

※会場・オンライン同時開催(参加登録、詳細はウェブサイトをご覧ください。)

<https://www.nibb.ac.jp/ipbsympo38/> 参加費無料



- 9:05~9:35 Jun Aoyama (The University of Tokyo, Japan)
Discovery of Japanese eel spawning sites: A major scientific achievement of Dr. Katsumi Tsukamoto
*Lecture on behalf of Dr. Katsumi Tsukamoto
- 9:40~10:10 Eric Feunteun (National Museum of Natural History, France)
The eel syndrome: a thirty years quest to unravel the mysteries of iconic and threatened fishes
- 10:15~10:45 Kurt Fausch (Colorado State University, USA)
Food webs in space: the influence of individual fish behavior on linked stream-riparian ecosystems
- 11:00~11:30 Lynne R. Parenti (Smithsonian Institution, USA)
Phylogeny and Diversity of the Medaka and Relatives: Discoveries and Challenges
- 11:35~12:05 Masaki Miya (Natural History Museum and Institute, Chiba, Japan)
The mitogenomic contributions to molecular evolution and ecology of fishes: revealing the patterns of diversity through space and time
- 13:30~14:00 Catherine L. Peichel (University of Bern, Switzerland)
Replaying the tape of life: how predictable is evolution?
- 14:05~14:35 Manfred Schartl (University of Würzburg, Germany)
Structure, function and evolution of fish genomes
- 14:40~15:10 Goro Yoshizaki (Tokyo University of Marine Science and Technology, Japan)
Germ cell manipulation in fish: Little tuna produces bluefin tuna sperm
- 15:30~16:00 Hideaki Takeuchi (Tohoku University, Japan)
Exploring the neural geography of the fish social brain
- 16:05~16:35 Didier Stainier (Max Planck Institute for Heart and Lung Research, Germany)
Genetic compensation in zebrafish, and beyond

シンポジウム 2 12月18日(日) 一般向け日本語講演

※会場・オンライン同時開催(参加登録、詳細はウェブサイトをご覧ください。)

<https://www.nibb.ac.jp/ipbsympo38/> 参加費無料



- | | | |
|-------------|--------------------|---------------------------------|
| 9:05~ 9:50 | 黒木 真理 (東京大学) | うなぎ博士・塚本勝巳先生の超然たる研究から学んで |
| 9:50~10:20 | 渡辺 佑基 (国立極地研究所) | マグロの速度、サメの奇妙な泳ぎ方 |
| 10:20~10:50 | 石川 麻乃 (東京大学) | ゲノムから探る! 海から離れたサカナたちのサバイバル術 |
| 11:00~11:30 | 佐橋 玄記 (水産研究・教育機構) | 海へ行く? それとも川に残る? —サケ科魚類にみる2つの生き方 |
| 11:30~12:00 | 前田 健 (沖縄科学技術大学院大学) | 海を渡る淡水魚 |
| 12:00~12:30 | 平瀬祥太郎 (東京大学) | 日本海の隔離がもたらした魚の進化 |
| 13:40~14:10 | 川口 眞理 (上智大学) | タツノオトシゴに見られる育児嚢の進化 |
| 14:10~14:40 | 四宮 愛 (基礎生物学研究所) | 季節の変化と生物の変化 —メダカで調べる動物の季節適応 |
| 14:40~15:10 | 竹花 佑介 (長浜バイオ大学) | メダカの多様性からわかったオスメス決定のしくみと進化 |
| 15:20~15:50 | 横井 佐織 (北海道大学) | メダカの恋愛学 |
| 15:50~16:20 | 神田 真司 (東京大学) | 脳から調べる魚の繁殖生理学 |
| 16:20~16:50 | 津田佐知子 (埼玉大学) | 光で探る脳の発生のしくみ |



キービジュアル:「散櫻花」中島千波 (うなよし 所蔵)



2012年5月 The 6th World Fisheries Congress Edinburgh 2012にて

第38回国際生物学賞記念シンポジウム
Digital Abstract Booklet / 要旨集(電子版)
作成: 第38回国際生物学賞記念シンポジウム実行委員会