T2R2 東京科学大学 リサーチリポジトリ Science Tokyo Research Repository

論文 / 著書情報 Article / Book Information

題目(和文)	 ヴィクトリア湖シクリッドにおける種多様性創出機構の解明
Title(English)	
著者(和文)	 中村遥奈
Author(English)	Haruna Nakamura
出典(和文)	学位:博士(理学), 学位授与機関:東京工業大学, 報告番号:甲第11715号, 授与年月日:2022年3月26日, 学位の種別:課程博士, 審査員:二階堂 雅人,本郷 裕一,増田 真二,立花 和則,田中 幹子
Citation(English)	Degree:Doctor (Science), Conferring organization: Tokyo Institute of Technology, Report number:甲第11715号, Conferred date:2022/3/26, Degree Type:Course doctor, Examiner:,,,,
	博士論文
Type(English)	Doctoral Thesis

令和3年度

博士論文

ヴィクトリア湖シクリッドにおける 種多様性創出機構の解明

東京工業大学 生命理工学院 生命理工学専攻 中村遥奈

指導教官 二階堂雅人准教授

第1章	『 序論	4
1.1 種名	分化と集団遺伝学	4
1.2 東江	アフリカンシクリッドの種多様化	6
1.3 ヴ-	ィクトリア湖シクリッドの進化史・・・・・	9
第2章 応放散	章 ヴィクトリア湖シクリッド3種のゲノム比較解析による〕 数をもたらした遺伝的基盤の解明	 11
2.1 背景	晃 示	11
2.2 材料	料·方法	13
2.2.1	対象種およびそのサンプリング・・・・・	13
2.2.2	ゲノムデータの抽出	14
2.2.3	遺伝的統計量の計算	15
2.2.4	集団構造解析	15
2.2.5	集団サイズ変動パターンの推定	16
2.2.6	種間で遺伝的に大きく分化している領域の特定	17
2.2.7	適応候補遺伝子が持つ分化アリルの起源の推定	18
2.2.8	分化アリルの配列決定	19
2.2.9	広範な魚類における col6a6 遺伝子の分子系統解析	20
2.3 結果	果	21
2.3.1	統計量の計算	21
2.3.2	集団構造推定	21
2.3.3	集団史推定	22
2.3.4	種間で遺伝的に大きく分化した領域の特定	23
2.3.5	検出された適応候補遺伝子	24
2.3.6	起源の古い分化アリルを持つ遺伝子の探索	26

•••••		··27
		··28
可能	6性のある遺伝子	30
		34

第3章 ヴィクトリア湖シクリッド Haplochromis chilotes の集団遺

伝解析	•••••	•••••	•••••			5
-----	-------	-------	-------	--	--	---

3.1	背景	<u></u> ₹35
3.2	材料	斗·方法
3.	2.1	対象種およびそのサンプリング
3.	2.2	多型データの入手
3.	2.3	H. chilotes および H. sp. 'short head chilotes'の集団構造解析
3.	2.4	広範なヴィクトリア湖シクリッドと比較した H. chilotes および H. sp. 'short head
ch	ilote	s'の進化系統解析40
3.	2.5	H. chilotes と H. sp. 'short head chilotes'の集団史推定
3.	2.6	H. chilotes 分集団間で自然選択の影響を受けている領域の探索42
3.	2.7	適応候補遺伝子の探索
3.	2.8	種ごとの形態のばらつきの評価45
3.3	結見	果45
3.	3.1	H. chilotes と H. sp. 'short head chilotes'の遺伝構造
3.	3.2	ヴィクトリア湖シクリッドの適応放散における唇の厚いシクリッドの進化過程·47
3.	3.3	H. chilotes と H. sp. 'short head chilotes'の適応過程
3.	3.4	H. chilotes の局所適応に関与した候補遺伝子の探索
	_	
3.4	考察	秦
3.4	4.1	ヴィクトリア湖における唇の厚いシクリッドの進化
3.4	4.2	H. chilotes の適応と形態学的多様性
3.4	4.3	H. chilotes の急速な集団分化

第4章	総論	_
-----	----	---

図表・	• • • • • • • • •	•••••	•••••		•••••	 	 63
参考文	て献 …		••••	•••••	•••••	 ••••••	 120
謝辞·	• • • • • • • • •	•••••	•••••	•••••	• • • • • • • • • •	 • • • • • • • • • •	 131
報文目	録…	•••••	•••••	••••	•••••	 • • • • • • • • • •	 132

第1章 序論

1.1 種分化と集団遺伝学

どのようにしてこの地球上に多種多様な種が誕生したのか、この種多様性創出機構の解明 は進化生物学ひいては生物学の根幹をなす課題の一つである。種多様性をもたらす種分化 という機構は「進化生物学の祖」チャールズ・ダーウィンによる自然選択説の提唱(Darwin 1859)に端を発し、現在まで生態学的調査、数学的な理論研究および実際の生物ゲノムを用 いた実証研究など幅広い手法による解明が進められてきた。生物学的種概念では、種は「自 然条件下の個体群において実際または潜在的に交配可能であり、かつ類似した他集団から 生殖的に隔離されている生物集団」であると定義される(Mayr 1942)。種分化はある集団から 何らかの要因によって分岐した集団が元の集団を含めた近縁な集団に対し生殖的隔離に至 るまでの過程を経て完了するものであり、その一連の種分化の段階は speciation continuum と 呼ばれる(Stankowski and Ravinet 2021)。種分化の初期段階ではそれぞれの集団において集団 間での生殖的隔離は完了していないが、その遺伝構造にはある程度の違いが観察される。こ の集団分化は生態的あるいは地理的な隔離障壁の出現により引き起こされ、同じ生態学的 地位(ニッチ)にある個体群内の交配の頻度が高くなることで強化される(Stankowski and Ravinet 2021)。それに伴い、遺伝的な分化の程度も大きくなることでニッチごとに遺伝的に 異なる分集団が形成され、最終的には種分化・種形成に至る。

集団遺伝学とは生物集団の遺伝構造の変化に着目し、生物の進化過程を明らかに することを目的する進化生物学の一分野である。種分化過程を明らかにする上で、集団遺伝 学はその初期段階の遺伝構造の変化にアプローチすることができる。例えば、分岐した集団 が突然変異により元の集団とは異なる変異アリルを獲得することがある。多くの場合、この 変異アリルは集団から消失するが、変異アリルが個体の生存率を上昇させたり、より多くの 子孫を残すことにつながったりする(適応度を高める)場合には変異アリルは集団内に広ま

り、固定する。このような集団内のアリル頻度を変化させる主な機構は遺伝的浮動と自然選 択である。遺伝的浮動とは子世代の集団を構成するアリルが親世代のものから無作為抽出 されることによりアリル頻度がランダムに増減することである(Wright 1931)。集団遺伝学の 中核をなす中立説やほぼ中立説では、突然変異が起きても個体の適応度は変化しない(中立) か僅かに低下する場合がほとんどであり、ごく一部の有利な変異のみが実際の適応進化に 寄与すると考えられている(Kimura 1968; Ohta 1973)。また、アリル頻度の変化は次世代に子 孫を残す個体数(集団サイズ)にも依存する(Ohta 1972)。集団サイズが大きい場合は遺伝的 浮動によるアリル頻度の変化の幅が小さいため、相対的に自然選択がアリル頻度の変化に 与える影響が大きくなるが、集団サイズが小さい場合には遺伝的浮動によるアリル頻度の 変化の幅が大きくなるため、相対的に自然選択がアリル頻度の変化に与える影響が小さく なり、たとえ適応度の低いアリルでも集団に固定する場合があることが理論研究により明 らかになっている(Ohta 1972)。すなわち、集団サイズが小さい時期を経験した集団であれば、 変異アリルが環境に対して適応的であるかにかかわらず集団に固定する確率が高いために、 元の集団に対する遺伝的分化の程度が高くなる。そのため、配列比較から適応的な変異アリ ルと適応的でない変異アリルを区別できなくなることが想定される。このように、集団サイ ズの変化や分岐年代といった過去の集団の歴史(集団史)もまた種分化を考える上で重要で ある。

集団が持つ遺伝的多様性は遺伝構造を評価する上で重要な指標である。集団遺伝 学では、現在の集団全体の遺伝的多様性から過去の集団動態や集団間の遺伝的分化の程度 を推定できる。その方法の一つとして塩基多様度(π)や集団分化の指標である F_{ST} をはじめ とする遺伝的統計量を用いる方法がある。塩基多様度は同一集団に属する複数個体が持つ 同じゲノム領域の塩基の多様性を示し、集団縮小を経験した集団では他の集団に比べ小さ い値をとる。絶滅の恐れがある種を遺伝的に評価することができるため、塩基多様度は保全 生物学の面からも重要視されている(Lande 1988)。また、正または負の自然選択を受けてい

る領域は他の中立な領域に対し塩基多様度が低下するため、塩基多様度は自然選択の影響 を受けている領域の検出にも用いられる。Fst は集団内と集団間でその遺伝的多様性を比較 することで求められる集団分化の指標である(Holsinger and Weir 2009)。集団間が遺伝的に大 きく分化していれば、集団内の塩基多様度に比べ集団間の塩基多様度が大きい値をとり、 Fst は1に近い値をとる。一方で、集団間が遺伝的に極めて近縁であれば、集団内の塩基多 様度と集団間の塩基多様度の差がないため、Fst は0に近い値をとる。よって、Fst は種分化 (speciation continuum)の進行の程度の評価に有効である。また、領域ごとのFst の算出は 集団間で異なるアリルに自然選択が働いた領域の検出につながる(Holsinger and Weir 2009)。 このように、集団遺伝学に根ざした解析手法は種分化の、特に初期段階の適応機構の解明に 適している。

1.2 東アフリカンシクリッドの種多様化

種分化機構の一つ、生態的種分化では個体が示す形質に対して正の自然選択が働くことに より生息環境への適応が促進される。例えば、*Heliconius*属のドクチョウが持つ鮮やかな翅 の模様は捕食者への警告シグナルであり、かつ同種認知のシグナルとしての役割を持つた めにその種分化を促進した(Jiggins et al. 2001)。種分化が進むペースはその種分化を促進す る機構に応じて様々であるが、時に単一の祖先から生じた複数の集団が急速に多様な生息 環境へ適応し、結果として爆発的な種多様化が起こる場合がある。例えば、ガラパゴス諸島 に生息する14種のダーウィンフィンチは嘴のサイズや体長といった形態的特徴の多様性が 観察されており、これらの種は約150万年前に共通祖先から分岐し、離島ごとに入手可能な 食物資源に適応した結果、種多様化が起こった(Petren et al. 2005; Lamichhaney et al. 2015)。 この現象は適応放散と名付けられ、種多様性創出機構の理解につながるとして進化生物学 研究において注目を集めている。

スズキ目カワスズメ科に属するシクリッドはその形態や生態において非常に大き

な多様性を示す熱帯魚で、世界中の湖や河川に約3,000種以上が生息している(Kocher 2004)。 中でも、東アフリカの三大湖には合わせて約2,000種が生息し、それぞれの湖で少数の種か ら短期間で爆発的に生じる適応放散を経験している(Kocher 2004)。タンガニーカ湖シクリッ ドは適応放散の時期が最も古く、約1,000万年から500万年前にかけて約240種の種が生じ (Ronco et al. 2020)、次いでマラウィ湖では約80万年前に約850種近くの種が生じた。そし て、ヴィクトリア湖では約15,000年前に適応放散が起こり、周辺の湖や河川を含めて Lake Victoria Region Superflock (LVRS)と呼ばれる700種以上のシクリッドが生じた(Verheyen et al. 2003)。ヴィクトリア湖シクリッドは種分化してからの期間が東アフリカンシクリッドの中 で最も短く、種間の遺伝的多様性が低いため、ミトコンドリア DNAを用いた分子系統解析 では種ごとに遺伝的クレードを形成せず、種の区別ができないほど近縁であることが明ら かになっている(Samonte et al. 2007)。ゲノム全体での種間の遺伝的分化の程度が低ければ、 種間で遺伝的に大きく分化しているアリルを持つ遺伝子は種分化に寄与している可能性が 高い。よって、ヴィクトリア湖シクリッドは他の湖のシクリッドと比べ種多様性を生み出す 遺伝的基盤にアプローチしやすく、生物進化のモデル生物として主に分子進化学的側面か ら研究が進められてきた。

同種認知の強化による種分化の促進、すなわち sensory drive を介した生態的種分化 はシクリッドの種多様性創出機構の議論の中心にある。視覚に関連する長波長光を受容す るオプシン遺伝子(LWS)はシクリッドにおいてアリル多様性が確認されている遺伝子の一 つである(Terai et al. 2002)。水中に届く光の波長は水深や透明度によって異なり、濁度の高 いヴィクトリア湖では透明度が低い場所には長波長光が届きやすく、透明度が高い場所に は短波長光が届きやすい。異なる光環境に生息するシクリッドの LWS 遺伝子の配列比較か ら、透明度が低い環境に生息するシクリッドは透明度が高い環境に生息するシクリッドに 比べ、長波長光を感受しやすいアリルを持っている個体が多く、異なる光環境に対する視覚 の適応が示唆されている(Terai et al. 2006)。さらに、この分化アリルの存在が異なる水深に

生息するヴィクトリア湖シクリッドの種分化に寄与したとする先行研究がある。赤い婚姻 色を呈する Pundamilia nyererei と青い婚姻色を呈する P. pundamilia はそれぞれ深場と浅場に 生息する近縁種である。これら2種の LWS 遺伝子において、P. nyererei は長波長光を感受 しやすいアリル、P. pundamilia は短波長光を感受しやすいアリルを多く持っており、それぞ れの婚姻色を認識しやすいアリルが種内に広まっていることが明らかになっている (Seehausen et al. 2008)。また、これら2種は濁度が非常に高く、視覚による認知が難しい環 境において一度種間交雑し、濁度が比較的低い環境で生息水深に応じて再び赤い婚姻色を 持つ P. sp. 'nyererei-like'と青い婚姻色を持つ P. sp. 'pundamilia-like'に分岐した(Meier, Sousa, et al. 2017)。これら2未記載種においても婚姻色に応じた LWS 遺伝子のアリルタイプが集 団内に広がっていることが明らかになっている(Meier et al. 2018)。このように、LWS 遺伝子 では近縁な種間においても生息環境に伴うアリルの分化が確認されており、シクリッドの 適応における視覚の重要性を提示している。

嗅覚もシクリッドの同種認知システムにおいて重要である。シクリッドでは、メス のオスに対する選択行動実験において、視覚のみを用いた同種認知の精度は嗅覚のみの場 合や視覚と嗅覚どちらも用いた場合に比べ低くなることが示されている(Plenderleith et al. 2005)。また、シクリッドは口内保育を行なうが、メスは交配時に稚魚期に育てられた種の オスをより選択しやすいことから、嗅覚による刷り込みが生じていると議論されている (Verzijden and Ten Cate 2007)。さらに、嗅覚に関連するフェロモン受容体の一つである1型 鋤鼻受容体(V1R)のいくつかの遺伝子コピーはシクリッドにおいてアリルの多様化を経験 している。その一つであるV1R2 遺伝子にはヴィクトリア湖シクリッドにおいて遺伝的に大 きく分化した2つのアリルが存在することが確認され、そのアリル多様性は最も適応放散 の時期が古いタンガニーカ湖シクリッドから長期間維持されていることが明らかになった (Nikaido et al. 2014)。加えて、V1R3 遺伝子やV1R6 遺伝子もタンガニーカ湖シクリッドの一 部の系統においてアリル多様化が確認されており、V1R が東アフリカンシクリッドにおけ

る同種認知システムひいては種分化に対して重要な役割を担っている可能性がある (Nikaido et al. 2014)。

1.3 ヴィクトリア湖シクリッドの進化史

地質学的にヴィクトリア湖は40万年前に形成され、現在に至るまで大規模な水位の変動を 繰り返してきた(Johnson et al. 2000)。約 14,600 年前にヴィクトリア湖は一度干上がったため、 現在ヴィクトリア湖で観察される種の多くはその後の水位上昇に伴い誕生したと考えられ る(Johnson et al. 2000)。一方で、ヴィクトリア湖シクリッドの種分化に寄与したと考えられ る遺伝子のアリル多様性がいつどのようにして獲得されたかは地質学的解析や形態学的記 述だけでは説明できない。そこで、ヴィクトリア湖シクリッドの進化的起源の探索を介して、 その種多様性をもたらした遺伝的基盤の獲得メカニズムの解明が進められている。ミトコ ンドリア DNA の配列解析により、ヴィクトリア湖シクリッドは三大湖の中で最も古いタン ガニーカ湖シクリッドの中で、本湖に定着した後に河川に進出した族である Haplochromini にその起源を持つことが分かっている(Salzburger et al. 2005)。Haplochromini はタンガニーカ 湖の水位が上昇した 300 万~200 万年前に周辺河川へ進出し、その後、マラウィ湖やヴィク トリア湖で独立に適応放散を遂げた(Salzburger et al. 2005)。特に、ヴィクトリア湖シクリッ ドの直接の祖先は近傍にある小規模な湖に生息するキブ湖シクリッドであると考えられて いた(Verheyen et al. 2003; Salzburger et al. 2005)。しかし、近年のゲノムワイド解析により、 キブ湖に生息する種を含むナイル水系シクリッドとコンゴ水系シクリッドの2つの祖先系 統が約 10 万~20 万年前に交雑し、現在のヴィクトリア湖シクリッドの種多様性をもたらし た遺伝的基盤が獲得されたという説が提唱された(Meier, Marques, et al. 2017)。急速な種分化 において祖先系統間での交雑の重要性はヴィクトリア湖シクリッド以外の東アフリカンシ クリッドにおいても議論されている。例えば、タンガニーカ湖シクリッドでは、"melting pot Tanganyika "仮説と呼ばれるタンガニーカ湖の lake basin 形成前に存在していた複数の祖先

系統の交雑がその後の種分化を促進したのではないかという説が提唱されている(Weiss et al. 2015)。また、マラウィ湖シクリッドはタンガニーカ湖の河川系統 Haplochromini の中で も Ruaha 川に生息するシクリッドとその適応放散前に交雑を経験している(Svardal et al. 2019)。一方で、ヴィクトリア湖シクリッドで見られるアリル多様性の獲得はその祖先系統 間の交雑より古くに起こったことが示唆された。ヴィクトリア湖シクリッド種間で大きく 分化している一塩基多型 (SNP)の起源はその適応放散の時期より古く、マラウィ湖シクリ ッドやタンガニーカ湖シクリッドまでさかのぼるものがあることが示されている(Brawand et al. 2014; Takuno et al. 2019)。したがって、ヴィクトリア湖シクリッドの適応放散は祖先多 型が交雑により新たな組み合わせに再構成され、その結果獲得された複雑な遺伝的基盤に よって引き起こされたと考えられている(Marques et al. 2019)。

本研究では以上の序論を踏まえ、ヴィクトリア湖シクリッドの種多様性創出機構の解明を 目的として、全ゲノム配列を用いた集団遺伝解析を行なった。第2章では、3種のヴィクト リア湖シクリッドのゲノム比較解析により祖先多型由来の分化アリルを有する遺伝子の網 羅的探索を行なった結果について記述する。第3章では、より遺伝的に近縁な同一種内の分 集団の存在に着目し、種分化の萌芽段階における分集団形成過程と表現型の多様性をもた らす遺伝的基盤について記述する。

第2章 ヴィクトリア湖シクリッド3種のゲノム比較解析による適応放散を もたらした遺伝的基盤の解明

2.1 背景

約 15,000 年前に少数の種から短期間で爆発的な種分化を経験したヴィクトリア湖シクリッ ドは 700 以上の形態や生態において多様な種から構成され、進化のモデル生物として注目 されている(Brawand et al. 2014; Salzburger 2018)。ヴィクトリア湖シクリッドをはじめとする 適応放散を経験した種の大規模ゲノム解析により、適応放散を可能にした進化的要因が明 らかになりつつある(Marques et al. 2019)。その一つとして集団内にある程度の頻度で維持さ れている塩基多型 (Standing Genetic Variation、SGV) に対する正の自然選択が挙げられる (Hermisson and Pennings 2005; Barrett and Schluter 2008)。集団が環境の変化に晒されると、集 団を構成する個体ごとにその環境に対する生存率、すなわち適応度の変化が起こる。この時、 環境に適応的な変異を持つ個体は次世代に子孫を多く残すことになるため、集団内に適応 的な変異が広まり、最終的には固定する。適応的な変異が SGV として集団内に維持されて いた場合、突然変異による適応的な変異の出現を待つ必要がなく、環境の変化に対して急速 な適応が可能となる(Matuszewski et al. 2015)。適応放散では祖先種が急速に生息地を拡大し、 生息地ごとに異なる環境への適応に伴って遺伝的な分化が起きた結果、多数の種が形成さ れる。そのため、祖先集団が SGV を獲得していることが適応放散を促進させる要因の一つ として重要視されている。

種内で確認される SGV はその獲得プロセスにより二分できる。一つは祖先集団か らそのまま集団中に維持されてきた祖先多型であり、もう一つは過去の種間交雑により獲 得された多型である。東アフリカの三大湖、タンガニーカ湖、マラウィ湖、ヴィクトリア湖

に生息するシクリッドはそれぞれ単系統であるが、湖間で共有している一塩基多型(SNP) があることが報告されている(Loh et al. 2013; Brawand et al. 2014; Svardal et al. 2021)。東アフ リカンシクリッドの突然変異率は 3.5×10⁻⁹ mutations (サイト・世代あたり)であり、ヒト の 2.5×10⁻⁸ mutations (サイト・世代あたり)に比べて小さいことが分かっている(Malinsky et al. 2018; Marques et al. 2019)。ゲノム中の同一サイトに何度も突然変異が起こったとは考 えにくく、湖間での明らかな遺伝子流動の痕跡も確認されていない。したがって、何らかの 維持機構により祖先多型がタンガニーカ湖からヴィクトリア湖シクリッドまで受け継がれ たと推察される(Svardal et al. 2021)。さらに、一塩基レベルの祖先多型だけでなく、より長 い領域の分化アリルが SGV として維持された例もある。嗅覚関連遺伝子の V1R2 では、ヴ ィクトリア湖シクリッドで最大 14 アミノ酸の違いがある主に 2 つの分化アリルが確認され ているが、この分化アリルはタンガニーカ湖シクリッドやマラウィ湖シクリッドでも観察 されている(Nikaido et al. 2014)。また、広範なヴィクトリア湖シクリッド 92 種を用いた全ゲ ノム解析により、ヴィクトリア湖シクリッドで食性の違いに関与していると考えられる配 列挿入や欠失を含む大規模な分化アリルがタンガニーカ湖シクリッドまで共有されている ことが明らかになった(McGee et al. 2020)。

このように、東アフリカンシクリッドにおいて適応放散における祖先多型の重要 性は議論されているが、実際に祖先多型由来のアリルを持つ遺伝子を示した例は少ない。そ こで本研究では、生息環境が異なり、異なる適応過程を経験したと考えられるヴィクトリア 湖シクリッド3種の全ゲノム解析により種分化・種形成に寄与した祖先多型、特に VIR2 の 分化アリルに代表される大規模な祖先多型アリルを持つ遺伝子の探索を行なった。まず、集 団遺伝解析による3種の集団史推定を行ない、種間の交雑の有無や種ごとの適応過程を明 らかにした。次に、種間のゲノム比較から遺伝的に大きく分化したアリルを持つ適応候補遺 伝子を単離した。最後に、適応候補遺伝子の中から分子系統解析により祖先多型由来の分化 アリルを持つ遺伝子を同定した。

2.2 材料·方法

2.2.1 対象種およびそのサンプリング

本研究を行なうにあたり、ヴィクトリア湖において異なる環境に生息している Haplochromis chilotes (Boulenger 1911)、H. sauvagei (Pfeffer 1896, sensu Seegers 2008)、そして Lithochromis rufus (Seehausen et al. 1998)の3種を選択した (Fig. 1)。H. chilotes はヴィクトリア湖の広域 分布種で浅場から岩場の砂地近くの岩場に生息する。H. chilotes の食性は雑食であり、特徴 的な厚い唇を岩の隙間に押しつけエビや幼虫を捕食する。H. sauvagei もヴィクトリア湖の 広域分布種であり、主に水深の浅い岩場に生息している。H. sauvagei の食性も雑食である が、H. chilotes と異なり、岩の表面の幼虫や薬を捕食する。H. sauvagei の食性も雑食である が、H. chilotes と異なり、岩の表面の幼虫や薬を捕食する。H. sauvagei は適応放散を経験し た他のヴィクトリア湖シクリッドに比べて種形成の年代が古い祖先的な種である(Samonte et al. 2007; Takeda et al. 2013)。これら2種はどちらも主な生息環境が岩場に限定され、体表 面に格子状模様を呈する種である。L. rufus はヴィクトリア湖の中でもムワンザ湾にのみ生 息が確認されている種の一つであり、特にオスでは極めて赤い婚姻色を示すことで知られ ている(Seehausen et al. 1998)。L. rufus はガイクトリア湖の中でもムワンザ湾にのみ生

個体は全てヴィクトリア湖のムワンザ湾とその周辺から所属研究室の研究員および現地の 研究員が採取し、種同定を行なった (Fig. 1)。*H. chilotes* はムワンザ湾内の Nyegezi (n=1)、 Kilimo Island (n=1)、ムワンザ湾外の Makobe Island (n=1)、Chamagati Island (n=1) で採 取された。*H. sauvagei* はムワンザ湾内の Nyegezi (n=1)、ムワンザ湾外の Bwiru Peninsula (n

= 1)、Chamagati Island (n = 4) で採取された。*L. rufus* はムワンザ湾内の Nyegezi (n = 1)、 Kilimo Island (n = 2)、Nyaruwambu (n = 3) で採取された。DNA は TruSeq DNA PCR-Free LT sample Prep Kit のプロトコルに則り、鰭から抽出した。続いて、国立遺伝学研究所の豊田敦 特任教授の協力のもと Illumina HiSeq 2500 を用いたシーケンシングが行なわれ、150bp から なるペアエンドリードが得られた。以上のサンプル採集、ゲノム抽出および配列決定は所属 研究室の研究員や他の学生により行なわれた。

2.2.2 ゲノムデータの抽出

まず、FastQC(Andrews 2010)により得られたリードの精度を確認し、続いて、参照配列に対 し、bwa-mem(version 0.7.17-r1188)(Li 2013)を用いて個体ごとにマッピングを行なった。参照 配列には東京工業大学・生命理工学院・伊藤研究室で決定された H. chilotes の de novo アセ ンブリゲノム(N50=1,540,223 bp)を用いた。シクリッドにはゲノム中に多くの繰り返し配 列が存在することが知られており(Brawand et al. 2014)、これによりマッピングの精度が低下 する可能性がある。よって、マッピングに際し、参照配列の繰り返し配列を RepeatMasker(Churakov et al. 2005)を用いて N で置き換え、マッピングができない状態にし た。マッピングの結果得られた bam 形式の配列データに対し、samtools (version 1.8)(Li et al. 2009)のオプション"-f 2 -F 2052"を用いてゲノム上の複数の場所にマッピングされたリード を取り除き、forward read と reverse read が同じ位置に適切にマッピングされたリードのみを 抽出した。同時にオプション"-q30"を用いて精度が低いリードを除外した。samtoolsのオプ ション"depth"を用いてゲノム領域あたりマップされたリードの数、mapping coverage を計算 した。その平均は最小で 19.2、最大で 30.8 となった(Table 1)。次に、参照配列に対する変異 抽出を bcftools (version 1.8)(Li 2011)を用いて行なった。繰り返し配列がある領域にマップさ れたサイトは変異抽出後の depth が大きくなることが予想されるため、vcflib(Garrison et al. 2021)のツールである vcffilter を用いて minimum depth = 10、maximum depth = 60 を満たす

SNP を抽出し、さらに mapping quality が 60 以上の SNP を vcftools(Danecek et al. 2011)によ り抽出した。個体ごとの SNP のフィルタリング後、全個体の変異データを samtools(Li et al. 2009)を用いて結合し、vcftools (Danecek et al. 2011)により、オプション"--max-missing 1"で欠 損データがある変異サイトを全て取り除き、"--remove-indels"および"--max-alleles 2 --minalleles 2"で biallelic SNP のみを抽出した。また、ヘテロ接合度が非常に高い変異サイトを除 外するために"--hwe 0.001"でハーディー・ワインベルグ平衡 (HWE) から有意に逸脱してい る SNP(p 値<0.001)も取り除いた。最終的に 1,879,895 biallelic SNP を入手し、その後の解析 に用いた。

2.2.3 遺伝的統計量の計算

集団遺伝解析における統計量は集団の遺伝構造の評価や自然選択が働いた可能性のある領 域を検出する上で重要な指標となる。本研究では、ゲノム領域を scaffold の始点から終点ま で 2kb ずつずらしながら (step_size = 2kb)、10kb からなる領域 (window_size = 10kb) に分 け、vcftools(Danecek et al. 2011)を用いて種ごとの遺伝的多様性を評価する塩基多様度(π)を 計算した。また、集団分化の相対的な指標である F_{st} (Weir and Cockerham 1984)についても種 のペアごとに同様の方法で計算した。集団間の塩基の違いの絶対的な指標である d_{XY} は PopGenome(Pfeifer et al. 2014)を用いて同じく 10kb からなる領域に区切り、2kb ずつずらし て計算した。最近の種間交雑の有無を確認するために、vcftools を用いた近交係数の計算に より、個体ごとにヘテロ接合度を評価した。

2.2.4 集団構造解析

集団構造解析には自然選択の影響を受けていない中立な SNP のみを用いた。全 1,879,895 biallelic SNPs のうちマイナーアリル頻度が 5%以上のものを vcftools により抽出し、さらに 連鎖不平衡状態にある SNP を plink(version 1.9)(Purcell et al. 2007)のオプション"--indeppairwise 50 5 0.1"により取り除くことで、61,461 SNP を入手した。得られた中立 SNP データ に対し、主成分分析(PCA)を smartpca プログラムに含まれる EIGENSOFT(Patterson et al. 2006) により行なった。PCA では個体ごとの SNP のアリルタイプを変数として、個体間の遺伝的 な違いを表す。EIGENSOFT 専用のファイル形式への変更には PGDSpider(version 2.1.1.5)(Lischer and Excoffier 2012)を用いた。また、個体を構成する遺伝的要素を最尤法によ り推定する ADMIXTURE 解析を実行した(Alexander et al. 2009)。ADMIXTURE 解析では全 体が K 個の遺伝的要素から構成されていると仮定し、そのアリル頻度から個体ごとの遺伝 子型が観察される確率が最も高くなるように、構成する遺伝的要素の割合を個体ごとに最 尤法を用いて推定する(Alexander et al. 2009)。本解析では全 18 個体が K=1~6 個の遺伝的要 素で構成されることを仮定し、それぞれで error rate を算出した。

2.2.5 集団サイズ変動パターンの推定

Sequentially Markovian coalescent (SMC)とは recombination が起こる状態を想定して現在の個 体が持つ連鎖不平衡ブロックにおける多型情報から遺伝子系図を推定するアルゴリズムで ある(Schiffels and Durbin 2014; Schiffels and Wang 2020)。Coalescent とは現在から過去に遡っ たとき、2つのアリルが共通祖先に辿り着く事象を指す(Hudson 1990)。Coalescent 理論では 遺伝子系図上の coalescent が起こるまでの枝の長さをもとに集団サイズを算出できる。SMC を元にした解析手法ではこれを利用し、推定した遺伝子系図の分布および突然変異率と組 換え率の情報を用いて過去の集団サイズの変動パターンを推定する。自然選択の影響を受 けている多型が解析に含まれることが推定精度の低下につながることが報告されている (Ewing and Jensen 2016)ため、本解析では集団分化の指標である $F_{ST} と d_{XY}$ の両方の分布で上 位 0.5%の値を示す領域を持つ scaffold を含まない全長 500kb 以上の 383 個の scaffold を解析 に用いた。入力ファイルはフィルタリングした bam 形式の配列データか ら http://github.com/stschiff/msmc-tools で示されている手順に従い、作成した。まず、反復配

列由来ではない多型データを用いるために、最小で scaffold 全体の depth の半分、最大で2 倍の depth を示す SNP を抽出した。次に、アリルがどちらの親に由来するか推定するハプ ロタイプフェージングを BEAGLE 4(version 4.1)(Browning and Browning 2007)で行なった。さ らに、SNPable(http://lh3lh3.users.sourceforge.net/snpable.shtml)を用いて、参照配列を overlapping 50 k-mers に分け、BWA で再びマップし直すことに成功した、すなわち繰り返し 配列にマップされていない精度の高い SNP のみを用いた mappablity データを scaffiold ごと に作成した。最後に、各種において2個体(4ハプロタイプ)の組み合わせごとに msmc2(Schiffels and Durbin 2014; Malaspinas et al. 2016)を100 iterations で実行した。また、 SMC にサイトごとの変異アリルの数の分布 (SFS)の情報を加味して集団動態や集団間の分 岐年代を推定する smc++(Terhorst et al. 2017)を用いた解析も行なった。smc++はその計算コ ストの削減により msmc に比べて非常に多くのハプロタイプデータを扱うことができ、より 最近の集団サイズの変動を正確に検出しやすいという特徴を持つ(Terhorst et al. 2017)。まず、 msmc2 解析で用いた scaffold ごとに各種全6個体(12 ハプロタイプ)の unphased data に対 し vcf2smc プログラムを実行し、入力データを作成した。さらに、ブートストラップ解析の ために 500kb からなる配列データに細分し、それぞれで 100 回 smc++を実行した。両方の 解析において突然変異率として 3.5×10⁻⁹ mutations (サイト・世代あたり) を用いた(Malinsky et al. 2018).

2.2.6 種間で遺伝的に大きく分化している領域の特定

自然選択を受けている領域を特定するために、種のペアごとに算出した F_{ST}の分布から上位 0.5%の値を示すゲノム領域を遺伝的に大きく分化している領域(Highly Differentiated Region、 HDR)であるとした。次に、参照配列として用いた *H. chilotes* では遺伝子アノテーションが 行なわれていないため、HDR 上にどのような遺伝子が含まれているか調べた。まず、 Ensembl(Cunningham et al. 2019)で HDR をクエリとした blastn 検索を行なった。このとき、

東アフリカの河川に生息するシクリッド Oreochromis niloticus (Orenil1.0 または O_niloticus_UMD_NMBU) とマラウィ湖シクリッド Maylandia zebra (M_zebra_UMD2a) の アセンブリ配列において同定された遺伝子を検索先のデータベースとして指定した。次に、 取得した候補遺伝子のアミノ酸配列をクエリとして NCBI データベース(https://blast.ncbi.nlm. nih.gov)で tblastn 検索し、遺伝子のアミノ酸配列、UTR 領域の塩基配列を改めて取得した。 続いて、参照配列に対し、取得した配列をそれぞれ tblastn 検索あるいは blastn 検索するこ とで候補遺伝子のゲノム上の位置を特定した。最後に、参照配列から候補遺伝子のコーディ ング領域の配列を単離し、EMBL-EBI (https://www.ebi.ac.uk)の GeneWise(Birney et al. 2004)に よりエキソン・イントロン構造を予測し、得られた遺伝子配列の質を踏まえて候補遺伝子を 同定した。ゲノムデータの抽出の際は HWE から有意に逸脱しているかどうかで SNP のフ イルタリングを行なったが、この方法では種間で異なるアリルがそれぞれ固定している SNP が取り除かれてしまう可能性がある。よって、HWE によるフィルタリングを実施した多型 データとフィルタリング無しの多型データの両方で同様の方法で HDR の特定を行なった。

GO enrichment 解析は WebGestalt(Liao et al. 2019)により行なった。全ての種間の HDR 上に位置する適応候補遺伝子に対し、functional database として"gene ontology" と"pathway"カテゴリーを選択し、ヒトの"protein-coding data"をもとに適応候補遺伝子の機能 を調べた。

2.2.7 適応候補遺伝子が持つ分化アリルの起源の推定

アリル多様性がヴィクトリア湖以外の東アフリカンシクリッドで観察されるかを分子系統 解析により調べることで、ヴィクトリア湖シクリッドの適応放散より古い SGV 由来の分化 アリルを探索した。解析に用いた9種を Table 2 に示す。河川種である O. niloticus (Orenil1.0)、 タンガニーカ湖に生息する Neolamprologus brichardi (NeoBri1.0)、タンガニーカ湖周辺の河 川に生息する H. burtoni (AstBur1.0)、マラウィ湖に生息する Astatotilapia calliptera (fAstCal1.2) および M. zebra (M_zebra_UMD2a)、ヴィクトリア湖に生息する P. nyererei (PunNye1.0) は Ensembl に公開されているアセンブリ配列を用いた(Brawand et al. 2014; Malinsky et al. 2018)。 さらに、参照配列として用いた H. chilotes とともに東京工業大学・生命理工学院・伊藤研究 室において新規にアセンブリ配列が決定されたヴィクトリア湖に生息する H. sauvagei およ び*L. rufus* を用いた。 これらのアセンブリ配列に対し、 候補遺伝子のアミノ酸配列と UTR 配 列をクエリとして tblastn 検索および blastn 検索を行なった。それぞれのアセンブリゲノム から適応候補遺伝子の塩基配列を単離し、GeneWise(Birney et al. 2004) でエキソン・イント ロン構造を推定することでコーディング領域を特定した。 続いて、 得られたコーディング領 域の配列に対して、MEGA7(Kumar et al. 2016)に内蔵されているアラインメントソフトウェ ア ClustalW または MUSCLE で候補遺伝子ごとにアミノ酸レベルで多重配列アラインメン トを実行した。イントロンや UTR を含む遺伝子領域の塩基配列に対しても同様の操作を行 なった。最後に、1)コーディング領域のアミノ酸配列、2)コーディング領域の塩基配列、3) イントロンや UTR を含めた塩基配列、これら3パターンで、候補遺伝子ごとに MEGA7(Kumar et al. 2016)によりブートストラップ 100 回で最尤法による分子系統解析を行 なった。このとき、多重配列アラインメント後に欠失が確認されたサイトは解析から除外し た。また、アセンブリ配列の精度が低く、解析結果の信頼性を低下させると判断した種は遺 伝子ごとに解析から除外した。東アフリカに生息する河川種である O. niloticus をアウトグ ループとし、ブートストラップ値が 60 以上でヴィクトリア湖シクリッド種のみで単系統と ならなかった遺伝子についてのみ SGV 由来の分化アリルを持つとした。

2.2.8 分化アリルの配列決定

多型データに対し、bcftools(Li 2011)の"consensus"を用いてハプロタイプごとの配列を抽出し、 EMBL-EBI (https://www.ebi.ac.uk)の GeneWise(Birney et al. 2004)を用いてエキソン・イントロ ン構造を推定することで、LWS 遺伝子と RH1 遺伝子の配列決定を行なった。分化アリルが 確認された LWS 遺伝子では先行研究において triallelic site を持つことが確認されているため(Terai et al. 2006; Miyagi et al. 2012; Terai et al. 2017)、HWE や欠損データによるフィルタリングをしていない triallelic 以上の変異アリルを含めた多型データを用いた。

2.2.9 広範な魚類における col6a6 遺伝子の分子系統解析

シクリッドで観察される2つの col6a6 遺伝子が進化過程でいつ獲得されたかを調べるため に、軟骨魚類から棘鰭上目までの広範な魚類での遺伝子の分子系統解析を行なった。本解析 には NCBI データベース(https://blast.ncbi.nlm.nih.gov)に登録されたハナカケトラザメ (Scyliorhinus canicala)、シーラカンス(Latimeria chalumnae)、アミメウナギ(Erpetoichthys calabaricus)、スポッテッドガー (Lepisosteus ocalatus)、アジアアロワナ (Scleropuges formosus)、 イセゴイ (Megalops cyprinoides)、ヨーロッパウナギ (Anguilla anguilla)、タイセイヨウニシ ン (Clupea harengus)、アフリカ淡水ニシン (Denticepts clupeoides)、ゼブラフィッシュ (Danio rerio)、コイ (Cyprinus carpio)、コロソマ (Colosoma macropmum)、メキシカンテトラ (Astynax mexicanus)、アメリカナマズ (Ictalurus punctatus)、カイヤン (Pangasianodon hypophthalmus)、 デンキウナギ (Electrophorus electricus)、ニジマス (Oncorhynchus mykiss)、ノーザンパイク (Esox lucius)、タイセイヨウダラ (Gadus morhua)、ストーンフィッシュ (Thalassophryne amazonica)、イトヨ (Pungitius pungitius)、キノボリウオ (Anabas testudineus)、ヒラマサ (Seriola lalandi dorsalis)、アカメ(Lates calcarifer)、シクリッド(Oreochromis niloticus)、キリフィッ シュ(Nothobranchius furzeri)の全26種のアミノ酸配列を用いた分子系統解析を行なった。 配列は全てシクリッドである O. niloticus における col6a6 a 遺伝子のアミノ配列 (XP 019219953.1 collagen alpha-6(VI) chain isoform X1 [Oreochromis niloticus])および zebrafish における col6a4a 遺伝子(Ramanoudjame et al. 2015)のアミノ酸配列(XP 017207020.1 collagen alpha-6(VI) chain [Danio rerio])をクエリとし、NCBI データベース(https://blast.ncbi.nlm. nih.gov) で tblastn 検索し、取得した。得られた配列に対して、mafft によるアラインメントを実行し、

続いて RAxML(Stamatakis 2014)を用いてブートストラップ 1,000 回で分子系統推定を行なった。

2.3 結果

2.3.1 統計量の計算

ヴィクトリア湖の異なる環境に生息するシクリッド3種各6個体の全ゲノム配列データから抽出した 1,879,895 biallelic SNP データに対し、種ごとのゲノム全体の遺伝的特徴を調べるために統計量を計算した(Fig. 2)。種内の塩基多様度(π)のサイトあたりの平均は*L. rufus* で最も大きく ($p=5.63 \times 10^4$)、次いで*H. chilotes* ($p=5.01 \times 10^4$)、*H. sauvagei* ($p=4.03 \times 10^4$) で最も小さかった (Fig. 2a)。また、同類交配の傾向を調べるため、近交係数を個体ごとに算出した結果、*L. rufus* 個体のみが負の値を示し、種全体としてヘテロ接合頻度が高いことが分かった (Fig. 2b)。集団分化の指標である *F*_{ST} は集団間の遺伝的な距離を評価し、その値が1のとき完全に遺伝的に分化していることを意味する。3種のペアで算出したその加重平均は*H. chilotes* と *L. rufus* 間(*F*_{ST} = 0.21848)、次いで*H. sauvagei* と *L. rufus* 間(*F*_{ST} = 0.16926)、*H. chilotes* と *L. rufus* 間(*F*_{ST} = 0.09060)で最も小さかった。

2.3.2 集団構造推定

ヴィクトリア湖シクリッドは種間の遺伝的分化の程度が低いことが示唆されており (Samonte et al. 2007; Takeda et al. 2013)、本研究で用いる *H. chilotes、H. sauvagei、L. rufus* の 3種においても種間交雑を最近経験している可能性を無視できない。そこで、変異アリル頻 度 5%以上で連鎖不平衡の関係にない 61,461 biallelic SNPs を用いた集団構造推定を行なっ た。PCA の結果、第一主成分(PC1)と第二主成分(PC2)の両方で全ての個体がその種ご

とに遺伝的クラスターを形成した(Fig. 3a)。特に PC1 の結果は H. sauvagei が他の2種と遺 伝的に大きく異なることを示した。第三主成分(PC3)では、H. chilotes が生息場所ごとに 異なる遺伝的クラスターに分かれ、これは H. chilotes が生息場所ごとに遺伝的に異なる分集 団から構成されていることを示唆している(Fig. 3b)。ADMIXTURE 解析においても同様の 結果が得られた(Fig. 4)。K = 2 では、H. chilotes と H. sauvagei は種特異的な遺伝的要素か ら構成され、L. rufus がその遺伝的要素が混在した遺伝構造を持つことが示唆された。K=3 では、主に3種がそれぞれ種特異的な遺伝的要素のみで構成されていた。さらに、K=4で は、H. chilotes のそれぞれの個体はサンプリングポイントに応じて異なる遺伝的要素から構 成されることが推定された。中でも、Makobe Island からサンプリングされた個体(03)は 他の個体と異なり、*L. rufus* の遺伝的要素を約 15%有していた。本解析における error rate は 全個体が同じ遺伝的要素から構成されると仮定した K=1 での値が最も低かった (Fig. 4b)。 Kの値が大きくなるにつれて、error rate も高くなったことはヴィクトリア湖シクリッドが遺 伝的に極めて近縁であることを暗示している。PCA と ADMIXTURE 解析の両方で H. sauvagei は他の2種と異なる遺伝的要素を持つことが示された。Fst の結果を考慮すると、 H. sauvagei が3種の中で最も古くに分岐した祖先種である可能性が示唆され、これは先行 研究での結果とも一致していた(Samonte et al. 2007; Takeda et al. 2013)。

2.3.3 集団史推定

smc++による種の分岐年代推定の結果、世代時間2年を仮定すると、*H. sauvagei*は*L. rufus* とは約 15,600 年前に分岐し、*H. chilotes* とは約 14,700 年前に分岐したと推定された(Fig. 5)。*H. sauvagei*が他の2種より早くに分岐したという推定結果は F_{ST} の結果や先行研究とも 一致していた(Samonte et al. 2007; Takeda et al. 2013)。*H. chilotes* と*L. rufus* は約 8,800 年前に 分岐したと推定された(Fig. 5)。集団サイズの変動パターンの推定はmsmc2(Malaspinas et al. 2016)とsmc++(Terhorst et al. 2017)の両方で行なった。msmc2 は4個体以下の少数個体のデー

タから連鎖不平衡ブロックにおける多型情報から遺伝子系図を推定し、そのパターンから 集団サイズの推定を行なう(Schiffels and Durbin 2014; Schiffels and Wang 2020)。一方で、smc++ では連鎖不平衡ブロックにおける多型情報にサイトごとの変異アリルの数の分布 (SFS)の 情報を加味して遺伝子系図を推定することで大量の個体の多型データを扱うことができる (Terhorst et al. 2017)。4 ハプロタイプを用いた msmc2 での解析の結果、集団サイズの変動パ ターンは生息環境の違いに応じて大きく違っていた(Fig. 6a)。主に岩場に生息する H. *chilotes* と *H. sauvagei* は約 20,000 年前からの集団サイズの縮小と約 4,000 年前からの拡大を 経験しているのに対し、*L. rufus* は約 8,000 年前から大規模な集団拡大を経験し、集団サイ ズが大きいまま維持されていた。6個体(12 ハプロタイプ)を用いた smc++での解析結果 は msmc2 を用いた推定結果と類似しており、生息環境に応じて最近の集団サイズに差が確 認された(Fig. 6b)。主に岩場に生息する H. chilotes と H. sauvagei 間にも集団サイズの変動 パターンに違いがあり、H. chilotes に比べ H. sauvagei の集団サイズの縮小は速く進行してい た (Fig. 6)。これは H. sauvagei がヴィクトリア湖シクリッドの中で早くに種分化したこと を反映している可能性がある。本研究に用いたヴィクトリア湖シクリッド3種において、そ れぞれ種特異的な集団サイズの変動パターンが推定されたことは3種が種ごとに異なる適 応過程を経て種分化したことを示唆している。

2.3.4 種間で遺伝的に大きく分化した領域の特定

適応候補遺伝子の探索を行なうために、まず、10kbのゲノム領域に対し種のペアごとに F_{st}の加重平均を計算することで、種間で遺伝的に大きく分化している領域を特定した(Fig.7)。 それぞれの F_{st}の分布において上位 0.5%の値を示すゲノム領域を種間で遺伝的に大きく分 化している領域(HDR)とみなした。この閾値は厳密には種ごとの分岐年代や集団サイズの 変動パターンを含めた集団史を推定し、中立条件下で得られる F_{st} との比較において設定す る必要があるが、*H. chilotes* が分集団を持つ可能性があることや *L. rufus* が未知の集団との

種間交雑を経験した可能性があるために精度の高い集団史の推定が厳しく、本研究では恣意的に決定した。種のペアごとの F_{ST} の閾値は H. chilotes と H. sauvagei 間で 0.754386、H. chilotes と L. rufus 間で 0.584615、H. sauvagei と L. rufus 間で 0.671233 であった。また、HDR では種特有に分化していると考えられる領域が確認された。例えば、H. chilotes と H. sauvagei 間と H. chilotes と L. rufus 間の両方で HDR となった領域に関しては"chilotes-specific"な領域とみなした。さらに、強い正の自然選択が働いている領域を検出するため、 F_{ST} に加え、同一の site window に対して d_{XY} を計算した (Fig. 8)。 F_{ST} は種間の遺伝的な分化の程度を種内の塩基多様度との比較で相対的に評価するが、 d_{XY} は種間の塩基サイトの違いを数えることで遺伝的な分化の程度を評価する。 d_{XY} は領域内の SNP 数との正の相関があり、 F_{ST} の値が小さい場合でも SNP 数が多ければ高い d_{XY} の値を示すことがある。そのため、 F_{ST} および d_{XY} が高い値を示すゲノム領域は種間でアリル頻度が大きく異なる SNP を多く持つことを意味する。興味深いことに、L. rufus と他の 2 種間での比較において、HDR に極めて高い d_{XY} の値を示す領域が多いことが確認された (Fig. 8b-c)。したがって、L. rufus に対して強い正の自然選択が働いている可能性がある。

2.3.5 検出された適応候補遺伝子

HDR 上の候補遺伝子を探索したところ、計 679 個の遺伝子が検出された(Fig. 9)。このう ち *chilotes*-specific な遺伝子が 43 個、*sauvagei*-specific な遺伝子が 54 個、*rufus*-specific な遺 伝子が 63 個含まれていた。適応候補遺伝子において、種間でアリル頻度の差が 0.5 以上の SNP は 401 個の遺伝子においてコーディング領域ではなくイントロン領域や非翻訳領域 (UTRs) のみに位置していた。例えば、*chilotes*-specific HDR に存在する inhibin beta B chain (*inhbb*)遺伝子は多くの分化 SNP がイントロン領域に存在していた(Fig. 10a)。*rufus*-specific な HDR に位置する 4-aminobutyrate aminotransferase (*abat*)遺伝子では、分化した SNP が非翻 訳領域を含めた遺伝子領域に集中して存在していた(Fig. 10b)。シクリッド研究において機 能の解明が進められている遺伝子も本解析により検出された。*rufus*-specific HDR に存在す る agouti-signaling protein 2 (*asip2b*)遺伝子は、そのイントロン領域への変異が *asip2b* の発現 量を低下させ、ヴィクトリア湖シクリッドの縦縞模様の有無を決定づける遺伝子である (Kratochwil et al. 2018; Urban et al. 2020)。本研究で用いた3種のうち *L. rufus* のみが縦縞模様 が観察されない種であり、HDR のゲノム上の位置は先行研究で報告されたイントロン領域 を含んでいた (Fig. 10c)。また、*H. chilotes と H. sauvagei* 間での HDR に存在する Cathepsin L (*ctsl*) 遺伝子 (Fig. 10d) は *H. chilotes と H. sauvagei* 間での HDR に存在する Cathepsin et al. 2006)。したがって、本ゲノム解析の結果はこれまでのシクリッド研究で得られた知見 と一致しており、解析の信頼性が保証されるものである。

どのような機能を持っている遺伝子が HDR 上に多いかを GO enrichment 解析によ り調べた。その結果、概日リズムや運動行動、感覚システムといった生物の行動に関わる遺 伝子が含まれていることが分かった (Fig. 11)。*chilotes*-specific HDR に位置する SLIT and NTRK Like Family Member 6 (*slitrk6*)遺伝子 (Fig. 10e)はヒトやマウスでは神経の発達を制 御し、視覚や聴覚といった感覚認知に関与している(Tekin et al. 2013)。嗅覚受容体遺伝子フ ァミリーの一つである trace amine-associated receptors (*TAARs*)のいくつかの遺伝子コピーは *H. sauvagei と L. rufus*間での HDR 上に位置し、特に *H. sauvagei*で強い正の自然選択(選択 的一掃)を受けた痕跡が確認された (Fig. 10f)。これは、種特異的な適応に化学物質の受容 が役割を担っていた可能性を示している。また、免疫系に関わる遺伝子も検出された。 fibrinogen alpha chain (*fga*)遺伝子や fibrinogen beta chain (*fgb*)遺伝子は血液凝固に関わる遺 伝子であり、どちらも *rufus*-specific HDR 上に位置していた (Fig. 10g)。transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 (*trpm4*)遺伝子は *H. chilotes*と *H. sauvagei*間の HDR 上に位置しており (Fig. 10h)、この遺伝子は嗅覚神経を介し検出された化学刺激に対 する免疫反応に関与していることが分かっている(Kastenhuber et al. 2013; Ellison et al. 2018; Sepahi et al. 2019)。また、生体防御機構に関わる粘液の主成分であるムチンをコードする複 数の遺伝子(Rose and Voynow 2006; Pérez-Sánchez et al. 2013; Yamashita and Melo 2018)も検出 された(Fig. 10i)。さらに、ヴィクトリア湖シクリッドでアリル多様性が確認されている視 覚関連遺伝子 *LWS* (*opn11w1*)および rhodopsin (*rho*)遺伝子も検出された(Fig. 10j-k)。

2.3.6 起源の古い分化アリルを持つ遺伝子の探索

集団内に維持されてきた多型(SGV)を持つ遺伝子のアリルが強い正の自然選択により集団 に広がる場合、アリルが生じてからの時間が長く、変異が蓄積しているため、分化アリルを 構成する SNP も多くなることが期待される。さらに、SGV 由来の分化アリルを有する遺伝 子ではその系統樹が種系統樹と一致しないことが確認される(Barrett and Schluter 2008)。し たがって、起源がヴィクトリア湖シクリッドの適応放散より古い分化アリルを持つ遺伝子 を探索するために、まず種間でアリル頻度が大きく異なる SNP を多く蓄積している分化ア リルを持つ遺伝子を Fsr と dxy の2種類の統計量の値から精査し、東アフリカに生息する広 範なシクリッド9種の遺伝子配列を用いた分子系統解析によりヴィクトリア湖シクリッド で確認されたアリルが他の河川や湖のシクリッドと共有されているかどうか調べた。その 結果、解析した 304 遺伝子のうち、99 遺伝子で遺伝子系統樹と種系統樹が一致せず、ヴィ クトリア湖の適応放散より前に生じた SGV 由来の分化アリルを持つことが分かった (Fig. 12a; Table 3)。また、ヴィクトリア湖シクリッドの適応放散より起源が古い SGV 由来の分化 アリルを持つ遺伝子が存在する HDR は適応放散後に生じた new mutation 由来の分化アリル を持つ遺伝子が存在する HDR に比べてその dxy の値が有意に高く、Fsr と dxy の統計量に 基づいた本手法の有用性が示された (Fig. 12b)。

SGV 由来の分化アリルが確認された遺伝子について述べる。シクリッドではパラ ログな関係にある 2 つの Collagen alpha-6 (VI) chain (*COL6A6*)遺伝子がタンデムに並んでお り、本研究では上流にある *COL6A6* 遺伝子を *col6a6*_a 遺伝子、下流にある *COL6A6* 遺伝子 を *col6a6*_b 遺伝子とした。分子系統解析の結果、両方の *COL6A6* 遺伝子でそれぞれ SGV 由

来の 50kb 以上に及ぶ大規模な分化アリルを持つことが確認された(Fig. 10l)。col6a6_b 遺 伝子が持つアリルは H. chilotes と H. sauvagei が主に持つアリルタイプと L. rufus が持つアリ ルタイプに二分できる。対して、col6a6 a 遺伝子では H. chilotes と L. rufus の個体のほとん どがそれぞれ異なるアリルタイプをホモ接合で持つが、H. sauvagei ではそれぞれのアリル タイプをホモ接合で持つ個体とヘテロ接合で持つ個体が混在していた。これは H. sauvagei でアリル多様性を維持している可能性を示唆する。分化アリルの起源に関して、col6a6 aで はタンガニーカ湖シクリッドの適応放散より前にさかのぼり、*col6a6*b ではタンガニーカ 湖シクリッドの中で河川進出したシクリッドより前にさかのぼることが分かった。そのた め、2つの COL6A6 遺伝子のアリル多様性は協調して維持されてきたのではなく、個々の 遺伝子が持つアリルタイプの適応度に対して独立して自然選択が働いたと考えられる。免 疫系に関与するムチン(Rose and Voynow 2006; Pérez-Sánchez et al. 2013; Yamashita and Melo 2018)をコードする適応候補遺伝子の中で mucin-2 (ENSONIG00000034479)遺伝子、mucin-5AC-like (ENSONIG00000015606)遺伝子は同じ遺伝子クラスターに属しており、両方の遺伝 子ともが SGV 由来の分化アリルを持つことが確認された(Fig. 10i)。免疫系に関わる遺伝 子では他にも transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 (trpm4) 遺伝子の 2コピーで SGV 由来の分化アリルを持つことが分かった (Fig. 10h)。

2.4 考察

本研究では、主に岩場に生息する H. chilotes、H. sauvagei および岩場から砂地、植生帯まで 幅広い環境で観察される L. rufus という異なる環境に生息する3種のヴィクトリア湖シクリ ッドに着目し、その種特有な進化史の推定と適応に寄与した候補遺伝子の同定に取り組ん だ。さらに、適応候補遺伝子の中で、古くから維持されてきた多型(SGV)に対して正の自 然選択が働いた結果得られた分化アリルを有する遺伝子を特定し、少なくとも 99 個の遺伝 子がヴィクトリア湖シクリッドの種分化および生息環境への急速な適応に寄与していた可 能性を示した。

2.4.1 生態学的背景に基づく種特有の集団史

ヴィクトリア湖シクリッドの祖先集団は約 20 万年~10 万年前のナイル水系とコンゴ水系 シクリッドの交雑によって形成された(Meier, Marques, et al. 2017)。ヴィクトリア湖が約 14,600 年前に一度干上がっていることから、現在確認されるヴィクトリア湖シクリッドは その後の急激な水位の上昇に伴いヴィクトリア湖に侵入したもしくはヴィクトリア湖で生 存したシクリッドが生息域を広げ環境に適応した結果生じたと考えられる(Johnson et al. 2000)。水位低下による生息域の分断化後の水位上昇は地理的に細分化された集団間の遺伝 的交雑を引き起こすため、交雑集団は新しい分化アリルを獲得しやすくなる。このような新 規アリルの獲得は新規の環境に対する適応を促進し、適応放散の引き金となりうる (Salzburger 2018)。また、交雑した種からの新規アリルの獲得により種分化が促進された可 能性がマラウィ湖シクリッド研究により示されている(Malinsky et al. 2018)。 ヴィクトリア湖 シクリッドは極めて遺伝的に近縁であり、種多様化後の種間交雑を経験している可能性が 予想されたが、本研究で用いた3種では少なくとも適応放散後の introgression の明白な痕跡 は確認されなかった(Fig. 2b, Fig. 3)。集団構造推定により、主に岩場に生息する H. chilotes では種内で集団構造を持つ可能性が示唆された(Fig. 3, Fig. 4)。H. chilotes では体色に関す る地理的多様性が報告されている(Seehausen 1996)。岩場種の集団分化はミトコンドリアや マイクロサテライトを用いた解析でも確認されており、地理的距離に応じて遺伝的距離が 大きくなることが示されている(Takeda et al. 2013)。H. chilotes と同様に岩場種である H. sauvagei においても H. chilotes と比較してその程度は小さいが、生息場所に応じた集団間で の遺伝的分化が確認されており(Fig. 4)、また、この傾向は Takeda et al. (2013)でも報告され

ている。したがって、岩場種の H. chilotes と H. sauvagei は生息場所に応じたいくつかの遺 伝的分集団を持つと考えられる。また、2つの岩場種が集団縮小を経験しているのに対し、 L. rufus は集団サイズが大きいままであった(Fig. 6)。これらの結果は生息範囲の広さとい った種の生態学的特徴を反映した結果であると考えられる。

ヴィクトリア湖シクリッドの種分化の時期の推定は過去の種間交雑による遺伝的 分化の程度の低さからシクリッドの進化史を明らかにする上で困難な課題の一つである。 本研究では H. sauvagei が他の2種と最初に分岐したことが示され、この結果は Samonte et al. (2007)や Takeda et al. (2013)と一致していた。その推定分岐年代は世代時間2年を仮定し た場合、約 15,000 年前であり、Samonte et al. (2007)で推定された 41,300 年前に比べてより 最近の年代を示していた。この不一致は仮定した世代時間や突然変異率の違い、あるいは本 研究で用いた種が集団構造を持つことが原因として考えられる。集団構造とは地理的ある いは生態学的に異なる個体群内での同類交配によって異なる遺伝的基盤を獲得した個体群 (分集団)が種内に含まれることを意味する。異なる遺伝的基盤を持つ複数個体を同一集団 とみなすことで、集団内で算出される遺伝的多様度が実際より高くなるため、集団間比較に おいてその遺伝的分化の程度が小さくなり、分岐年代の過小評価につながる。本研究におい て、種内での集団構造は H. chilotes と H. sauvagei で確認されている。 したがって、H. sauvagei はヴィクトリア湖シクリッドの適応放散より前に分岐した可能性が高いと推察する。smc++ による推定では、世代時間を2年と仮定すると、H. chilotes は約15,000年前から集団サイズ の大きな減少を経験しており、msmc2 を用いた推定でも同様の傾向が確認された。この集 団サイズの減少が始まった時期は H. chilotes と H. sauvagei の分岐年代と近いことから、H. chilotes は水位の変化に伴う新たな生息域を獲得したことが、地理的に分断された少数個体 から構成される創始者集団の形成につながり、局所適応が促進された可能性がある (Salzburger 2009)。したがって、2つの岩場種 H. chilotes および H. sauvagei のそれぞれの祖 先集団は小集団からの適応を遂げた例であるかもしれない。本研究の集団史推定では、生息

環境におけるスペシャリスト(岩場種)が集団縮小を経験しているのに対し、ジェネラリス トは集団サイズが大きいまま維持されているという明らかな適応過程の違いが示唆された。 しかし、この解釈が他の種にも当てはまるかどうかは、今後の分析において、さらにスペシ ャリストとジェネラリストの種を加えたデータで確認する必要がある。

2.4.2 ヴィクトリア湖シクリッドの適応に寄与した可能性のある遺伝子

本研究では、計679個の適応候補遺伝子を同定した。そのうち議論すべき興味深い機能を持 つ遺伝子について述べる。Cathepsin L (ctsl) 遺伝子は H. chilotes と H. sauvagei 間での HDR に位置し、H. chilotes は H. sauvagei に対して孵化 15 日目の顎での発現レベルが高いことが 分かっている(Kobayashi et al. 2006)。Cathepsin L がコラーゲンやエラスチンなどの細胞外マ トリックスタンパク質の分解に関与していることを考えると(Kirschke 1998; Mort 1998)、H. chilotes と H. sauvagei 間で観察される顎や唇の大きな形態差において重要な役割を持つこ とが期待される。特に、H. chilotes の発生段階における Cathepsin L の発現量の多さがその肥 厚した唇の形成に関与している可能性がある。視覚関連遺伝子 LWS のヴィクトリア湖シク リッドにおけるアリル多様性はその種多様化の基盤となったとされる(Terai et al. 2002)。 ヴ ィクトリア湖シクリッドにおいて多様なアリルが存在することで、種・集団は生息地の濁度 に応じた光環境への適応が可能になり、雄の婚姻色の多様化が生じた(Terai et al. 2006)。本 研究では、L. rufus が LWS 遺伝子と RH1 遺伝子において他の2種とは大きく異なる分化ア リルを持つことが明らかになり(Fig. 13)、これはヴィクトリア湖シクリッドで報告されてい ない新規のアリルタイプだった(Terai et al. 2006; Miyagi et al. 2012; Terai et al. 2017)。*L. rufus* は雄の婚姻色が極めて赤いことが知られており、分化アリルが L. rufus の同種認知に重要な 役割を担っている可能性がある。また、H. sauvagei と L. rufus 間の HDR 上にある TAAR 遺 伝子も興味深い。これまで視覚に比べて嗅覚による種分化はあまり注目されていなかった が、近年の研究ではシクリッドの繁殖コミュニケーションに嗅覚が大きく寄与しているこ

とが示唆されている(Plenderleith et al. 2005; Cole and Stacey 2006)。さらに、Keller-Costa et al. (2014) はティラピアの雄が放出する尿中フェロモンが雌の繁殖を誘発することを明らかに している。嗅覚受容体ファミリーの一つである TAAR にアリル多様性が存在することは、 特定の化学物質を感知する能力の違いによる種分化や適応の可能性を示唆している。

本研究の主要な目的の一つである、古くから維持されてきた多型(SGV)由来の分 化アリルを有する適応候補遺伝子の探索により、ヴィクトリア湖シクリッドの適応放散前 にアリル多様性を獲得した 99 遺伝子が提示された。ヴィクトリア湖シクリッドではこれま で1 SNP レベルで他の湖とのアリルの共有が確認されていたが(Loh et al. 2013; Brawand et al. 2014)、本研究はより他の湖と共有される長いゲノム領域を網羅的に探索・同定した点にお いて新規性がある。これまでのシクリッド研究において確認されていた同様の遺伝子とし ては、タンガニーカ湖に起源を持つ嗅覚に関わる V1R2 遺伝子(Nikaido et al. 2014)、ヴィク トリア湖周辺の河川に起源を持つ嗅覚に関わる V1R2 遺伝子(Kratochwil et al. 2018; Urban et al. 2020)や視覚に関わる LWS 遺伝子(Meier, Marques, et al. 2017)が有名である。また、 Takuno et al. (2019)はヴィクトリア湖の砂地に生息する近縁種 *H. pyrrhocephalus と H.* sp. 'macula'間のゲノム比較解析を行ない、ヴィクトリア湖シクリッドの適応放散より前に変異 を獲得した 16 HDRs 上に位置する遺伝子を特定した。このうち、intestinal mucin-like protein (*ENSMZEG00005001611*)遺伝子と general transcription factor IIF subunit2 (*gt/2f2a*) 遺伝子の 2 つは、本研究においても SGV に由来する分化アリルが確認された。

本研究で発見された SGV 由来の分化アリルを持つ適応候補遺伝子はその多くが魚 類における詳細な機能の解明が行なわれていないが、ヒトでは感覚システムや概日リズム の制御を含む生物の行動や免疫システム、神経発達といった幅広い機能に関わる可能性が 示された。さらに、注目すべき結果は適応候補遺伝子の中に数 kb から数十 kb にわたる 長い分化ハプロタイプを持つ遺伝子が含まれていたことである。例えば、2つの COL6A6 遺 伝子領域では約 50kb にわたって強い選択的一掃の痕跡が検出された。VI 型コラーゲンは主

要な細胞外マトリックスタンパク質の一つで、骨格筋や神経系の発達、皮膚統合性の維持や 免疫システムなど幅広い機能を持つ(Cescon et al. 2015)。ゼプラフィッシュ研究では骨格筋 の発達に col6a6 遺伝子が関与している可能性が示唆されているが、ゼブラフィッシュが異 なる染色体上に2つの col6a6 遺伝子が別々に存在しているのに対し、シクリッドでは同じ 染色体にタンデムに位置していることから、進化的な遺伝子獲得プロセスは異なり、その機 能も一致しない可能性が考えられる(Ramanoudjame et al. 2015; Tonelotto et al. 2019)。col6a6 遺伝子に関し、広範な魚類を用いた分子系統解析を改めて実行した結果、魚類の進化過程に おいて col6a6 遺伝子は獲得と欠失を繰り返し経験しており、シクリッドで確認される col6a6_a と col6a6_b はタラ目との分岐後に獲得したことが分かった (Fig. 14)。重要なこと は、col6a6_b にタラ目との分岐後に獲得したことが分かった (Fig. 14)。重要なこと は、col6a6_b の分化アリルが、生物的・非生物的要因による環境の変化に応じて自 然選択を受け、シクリッドの適応において繰り返し使われてきた可能性を示している。一方 で、その機能については未解明であり、発現組織の探索等を通して各アリルの役割を調べる 必要がある。

700種以上のシクリッドがヴィクトリア湖シクリッドを構成しているが、本研究で はそのうち3種のみを用いた。これは全ゲノムレベルでの集団遺伝解析を行なうために一 定以上の個体数が必要であったためである。用いる種や個体数が増えるほど、本研究で同定 された 99 個以上に SGV 由来の分化アリルを持つ遺伝子の検出数は増えると予測される。 例えば、縦縞模様形成遺伝子の *asip2b* 遺伝子では本研究において SGV 由来の分化アリルの 存在が確認されなかったが、Urban et al. (2021)は 22種 36 個体の LVRS に属するシクリッド の全ゲノム解析に取り組み、ヴィクトリア湖シクリッドでの分化アリルの起源がその適応 放散の時期より古いことを確かめた。また、本研究では、*d*XY の値が低い HDR 上の遺伝子 の起源については、蓄積された情報量の多い SNP の数が十分でないため、信頼性の高い系 統樹の解明が困難であることから、検討しなかった。これらの遺伝子の多くは、ヴィクトリ

ア湖シクリッドの適応放散後に新たに生じた突然変異に由来する分化アリルを持つと考え られるが、適応放散前に起源を持つ少数の変異のみに対して自然選択が働いた場合、これら の遺伝子においても、多くが SGV 由来の分化アリルを持つ可能性があると考えられる。ま た、本研究では分化アリルの起源の推定に東アフリカンシクリッド9種のアセンブリ配列 を用いたが、特にヴィクトリア湖シクリッドではその分岐年代が最近であるために種ごと にアリルが固定していないことが想定される。また、ヴィクトリア湖シクリッドである H. chilotes、H. sauvagei、L. rufus では各種内の個体間でのアリル多様性が確認されている。そ のため、実際にはマラウィ湖やタンガニーカ湖とアリルを共有している場合であっても、ア センブリ配列の構築に用いた個体が有するアリルタイプの違いによって SGV 由来の分化ア リルを持つ遺伝子が見逃されている可能性がある。さらに、種内でのアリル頻度の偏りが確 認されなかったゲノム領域は大規模な分化アリルが存在している場合でも Fst が小さく推 定されるため、HDR として検出されていない可能性が高い。加えて、dxyの値が低い HDR 上の遺伝子の発現パターンが SGV 由来の分化アリルを持つ long non-coding RNA をはじめ とするシスまたはトランス領域によって制御されている可能性もある。したがって、本研究 で見つかった起源の古いアリル多様性を持つ遺伝子はヴィクトリア湖シクリッドの急速な ・適応を促進した遺伝的要因のごく一部であり、実際にはさらに多くの起源の古いアリル多 様性を持つ遺伝子により適応が駆動されたと考えられる。このような大規模な遺伝的に大 きく分化した領域において維持されていたアリル多様性(SGV)を基盤として、環境の変化 に応じて種・集団ごとに適したアリルが選択され、全体的にモザイクのような種ごとに異な るゲノムパターンを構成していると考えられる(Salzburger 2018)。本研究で得られた知見は、 ヴィクトリア湖シクリッドの適応放散に関わる遺伝的基盤の複雑さを改めて強調するとと もに、今後のシクリッド研究の礎となるといえる。

2.4.3 L. rufus の適応に寄与する遺伝的基盤

Lithochromis rufus は種内で集団構造を持つ他の2つの岩場種と比較して種内の遺伝的多様 性の程度が大きかった。その理由の一つとして L. rufus では生息場所ごとに小集団が存在し ており、その集団間で個体の移入と流出が起こる metapopulation が形成されている可能性が ある。metapopulation では遺伝的に離れた集団間での遺伝子流動が起こるため、遺伝的な集 団サイズが大きく維持されると考えられる。加えて、L. rufus はヘテロ接合度が高いことが 示されており、未知の集団や種との交雑を経験している可能性もある。実際、先行研究では L. rufus はヴィクトリア湖の沖合性の砂地に生息する種と遺伝的に近いことが示されている (Takeda et al. 2013)。L. rufus では、他の2種に比べて SNP の数が多い HDR が多く、位置す る遺伝子の多くが SGV に由来する分化アリルを持っていた (Fig. 8)。シクリッドの適応放 散に関して、これまで種間での introgression の重要性が示唆されており(Meier, Marques, et al. 2017; Malinsky et al. 2018; Svardal et al. 2019)、L. rufus もヴィクトリア湖の沖合性の砂地種や ヴィクトリア湖周辺の河川種から大規模に分化したアリルを獲得した可能性が考えられる。 L. rufus の適応過程をより詳細に明らかにするためには、L. rufus の適応に際して遺伝的資源 を提供した未知の集団を調査・特定する必要がある。また、数十個体のゲノムデータを用い て、モデルベースの手法で集団史を推定することも必要である。L. rufusの渾然とした集団 史はヴィクトリア湖シクリッドの進化を象徴するものであり、その複雑なゲノム基盤の解 明がシクリッドひいては生物の種多様性創出・維持機構の理解の一端を担うと考える。
第3章 ヴィクトリア湖シクリッド Haplochromis chilotes の集団遺伝解析

3.1 背景

種分化とは地理的あるいは生態的障壁の構築に伴い区分された集団が集団の遺伝的分化と 生殖的隔離の強化を経て種として分岐する過程である(Stankowski and Ravinet 2021)。東アフ リカンシクリッドは様々な種分化段階を表す進化のモデル生物であり、種・集団間比較によ る適応過程の解明が進められてきた。タンガニーカ湖シクリッドである Astatotilapia burtoni はタンガニーカ湖広域に生息地が点在しており、それぞれの分集団から河川へ進出したこ とが推定されている(Theis et al. 2014; Pauquet et al. 2018)。さらに、湖個体と河川個体間には 明確な形態的差異が確認されており、湖から河川への適応過程が注目されている(Theis et al. 2014)。Weber et al. (2021)は A. burtoni が一種で種分化段階を包括的に調べられる種であるこ とに着目し、全ゲノム解析と交配実験により、ゲノム分化の程度が大きくなるにつれ生殖的 隔離が強化されること、湖と河川間の遺伝的分化が創始者効果に付随した遺伝的浮動と分 化選択の両方で促進されることを示した。ヴィクトリア湖シクリッドは種分化してからの 期間が短いため、種間比較が種分化の初期段階の遺伝的機構の解明に相当する(Salzburger 2018)。 ヴィクトリア湖の広範な岩場に生息する近縁な2種 Pundamilia pundamilia と P. nvererei はヴィクトリア湖シクリッドの中でも適応過程の解明が最も進んでいる種である。 この2種はオスの婚姻色が異なることから視覚を介してそれぞれ同種を認知していると考 えられているが、濁度の大きい生息環境では種間で交雑することが確認されている(Meier et al. 2019)。したがって、2種は視覚による交配前隔離の段階にあるといえる。

このように、ヴィクトリア湖シクリッドでは種間比較による種分化過程の解明が 進められてきたが、同一種内の分集団間の遺伝的分化、すなわち種分化の萌芽段階を調べた

研究はまだ報告されていない。ヴィクトリア湖シクリッドでは形態において地理的多様性 を示す種が報告されており、種分化の萌芽段階と考えられる集団分化が進んでいると推察 される。ヴィクトリア湖の広域分布種である Haplochromis chilotes は肥厚した唇が特徴的な 種である一方で、生息場所に応じた形態の多様性が観察されている(Boulenger 1911; Seehausen 1996)。例えば、メスの体色に関して、Chamagati Island に生息する個体は深い黄色 を示す傾向にあり、Miandere Island に生息する個体では橙色、さらに Senga Point に生息す る個体では灰色を帯びている個体が集団の多くを占めることが報告されている(Seehausen 1996)。また、ヴィクトリア湖のムワンザ湾に生息する個体はその外に生息する個体に比べ て有意に体長が小さく、これは他種に比べても顕著な差である(Fig. 15)。加えて、ヴィク トリア湖には H. sp. 'short head chilotes'と呼ばれる未記載種が報告されており、本種は H. chilotes と比較してその程度は小さいが肥厚した唇と短い頭長が特徴的である(Seehausen 1996)。H. chilotes と H. sp. 'short head chilotes'は肥厚した唇という共有した形態学的特徴を 持つにもかかわらず、H. chilotes と H. sp. 'short head chilotes'の系統関係はまだ明らかになっ ていない。H. chilotes と H. sp. 'short head chilotes'の生息範囲は重なっている(Seehausen 1996) が、H. sp. 'short head chilotes'の報告数は極めて少なく、H. chilotes の分集団の一つである可 能性や H. chilotes と他種の交雑の結果生じた個体である可能性が考えられる。したがって、 唇の厚いヴィクトリア湖シクリッドグループの多様化を考える上で、H. sp. 'short head chilotes'がどの種と遺伝的に近いのか、いつ種分岐したのかを調べる必要がある。

本研究では、形態学的多様性を示す H. chilotes の分集団ごとの適応過程の解明を通 してゲノムから表現型までの進化の歴史を理解することを目的として、集団遺伝解析を行 なった。まず、唇の肥厚したシクリッド、H. chilotes と H. sp. 'short head chilotes'の遺伝構造 を評価し、その系統関係を明らかにした。次に、H. chilotes の分集団形成に至った進化過程 を明らかにするために各分集団の集団史を推定した。最後に、分集団間のゲノム比較により、 分集団ごとの適応候補遺伝子の網羅的探索を行なった。本研究はこれまでの種間レベルの

比較ではなく、さらに近縁な分集団間の比較を行なうため、より生息環境への適応に寄与し、 表現型の違いを引き起こす遺伝的要因の特定が期待できる。

3.2 材料·方法

3.2.1 対象種およびそのサンプリング

本研究では、ヴィクトリア湖のムワンザ湾周辺から採取された Haplochromis chilotes 23 個 体、H. sp. 'short head chilotes' 4 個体、H. sauvagei 11 個体を用いた (Fig. 16; Table 4)。H. chilotes はムワンザ湾内の Kilimo Island (n = 6)、Nyegezi (n = 3)、Nyameruguyu Island (n = 1)、ムワン ザ湾外の Chamagati Island (n = 3)、Juma Island (n = 3)、Makobe Island (n = 5)、Mabibi Island (n = 1)で採取し、さらに McGee et al. (2020)で配列決定されたサンプリング地点不明の 1 個体 を用いた。このうち6 個体は本論文の第2章(Nakamura et al. 2021)ですでに配列決定されて いる。H. sp. 'short head chilotes' はムワンザ湾内の Nyegezi (n = 1)、ムワンザ湾外の Chamagati Island (n = 3)から採取された。H. sauvagei は H. chilotes と同様にヴィクトリア湖の広域分布 種であるが、ヴィクトリア湖シクリッドの適応放散前に種分岐した祖先的な種である (Samonte et al. 2007; Takeda et al. 2013)。H. sauvagei はムワンザ湾内の Kilimo Island (n = 2)、 Nyegezi (n = 3)、ムワンザ湾外の Bwiru Peninsula (n = 1)、Chamagati Island (n = 3)から採取し た計 10 個体および McGee et al. (2020)で配列決定されたサンプリング地点不明の 1 個体を 用いた。このうち6 個体は本論文の第2章(Nakamura et al. 2021)で配列決定された個体であ る。以上の個体の採取や種同定は所属研究室の研究員によって行なわれた。

3.2.2 多型データの入手

新規に配列決定した 24 個体の DNA は DNeasy Blood and Tissue Kit のプロトコルに従い

finclip または筋肉から抽出した。抽出された gDNA の配列決定に関しては国立遺伝学研究 所またはマクロジェンに外部委託し、Illumina Hiseq 2500 または HiseqX による全ゲノムシ ーケンシングによりペアエンドショートリードデータを入手した。公開済みのショートリ ードデータは NCBI データベース (https://blast.ncbi.nlm. nih.gov) から入手した。

まず、個体ごとのショートリードに対して fastp(Chen et al. 2018)によるクオリティ ーコントロールを行ない、質の悪いリードやアダプター配列を除去した。続いて、参照配列 に対し、bwa-mem (version 0.7.17-r1188) (Li 2013)を用いて個体ごとにショートリードのマッ ピングを行なった。参照配列には第2章と同様に繰り返し配列を RepeatMasker (Churakov et al. 2005)によりマスクした H. chilotes の de novo アセンブリゲノム (N50 = 1,540,223 bp) を 用いた。マッピングの結果得られた bam 形式の配列データに対し、samtools (version 1.7) (Li et al. 2009)のオプション"-f 2 -F 2052"を用いてゲノム上の複数の場所にマッピングされたリ ードを取り除き、forward read と reverse read が同じ位置に適切にマッピングされたリードの みを抽出した。同時にオプション"-q30"を用いて精度が低いリードを除外した。samtoolsの オプション"depth"を用いてゲノム領域あたりマップされたリードの数、mapping coverage を 個体ごとに計算した(Fig. 17)。Juma Island で採取された1個体(HC37)はショートリード 数が他の個体に比べて極めて少なく、coverage も小さかったため、以降の解析からは除外し た。次に、参照配列に対する変異抽出を bcftools(version 1.8) (Li 2011)を用いて行なった。繰 り返し配列がある領域にマップされたサイトは変異抽出後の depth が大きくなることが予 想されるため、vcflib(Garrison et al. 2021)のツールである vcffilter を用いて minimum depth = 10、maximum depth = 上位 75%の depth×2.0 を満たす SNP を抽出し、さらに mapping quality が 30 以上の SNP を vcftools(Danecek et al. 2011)により抽出した。個体ごとの SNP のフィル タリング後、全個体の変異データを bcftools(Li et al. 2009)を用いて結合し、vcftools (Danecek et al. 2011)により、オプション"--max-missing 0.9"で欠損データが全個体中 10%以上で確認さ れる変異サイトを全て取り除き、"--remove-indels" および"--max-alleles 2 --min-alleles 2"で

biallelic SNP のみを抽出した。最終的に 7,718,484 biallelic SNP を入手し、その後の解析に用いた。

3.2.3 H. chilotes および H. sp. 'short head chilotes'の集団構造解析

集団構造推定および集団サイズの変動パターンの推定には自然選択の影響を受けていない 中立な遺伝子座を用いる必要がある。得られた多型データに対し、vcftools(Danecek et al. 2011)の"--hwe"でハーディー・ワインベルグ平衡(HWE)から有意に逸脱している SNP(p値 <0.000001)を取り除いた。全個体中の変異アリルの割合(minor allele frequency,以降 maf と する)が 5%より多い変異サイトを vcftools で抽出し、連鎖不平衡の関係となっているサイ トを plink(Purcell et al. 2007)で除き、最終的に入手した 96,148 biallelic SNP を解析に用いた。

H. chilotes および *H.* sp. 'short head chilotes'の遺伝構造を評価するため、mafl%また は 5%条件下で得られた中立多型データに対して、主成分分析(PCA)を行なった。PCA では 個体ごとの SNP のアリルタイプを変数として、個体間の遺伝的な違いを正規分布を仮定し てそのばらつきが最大になる要素に変換することで個体を遺伝的にクラスタリングする。 また、ADMIXTURE 解析を実行した(Alexander et al. 2009)。全個体が *K*=1~6 個の遺伝的要素 で構成されることを仮定し、それぞれで error rate を算出した。さらに、3種の系統関係を 明らかにするために、同じ中立多型データをもとに分子系統推定を行なった。まず、 vcf2phylip(Ortiz 2019)を用いて vcf 形式の中立多型データを phylip 形式に変換した。invariant sites は raxml_asebias (https://github.com/btmartin721/raxml_asebias)を用いて除去した。その 結果、86,354 SNPs を入手した。さらに、ModelTest-NG(Flouri et al. 2015; Darriba et al. 2020) を用いて最適な塩基置換モデルを推定した。最後に、塩基置換モデル TVM+G4 を ModelTest-NG による推定結果をもとに選択し、RAxML-NG(Kozlov et al. 2019)を用いてブートストラッ プ 500 回で分子系統推定を行なった。

3.2.4 広範なヴィクトリア湖シクリッドと比較した H. chilotes および H. sp. 'short head chilotes'の進化系統解析

仮に H. sp. 'short head chilotes'が H. chilotes と他種の種間交雑により H. chilotes から派生した 種であれば、その交雑相手を特定する必要がある。そのため、700 種以上から構成されるヴ ィクトリア湖シクリッドの中で H. chilotes および H. sp. 'short head chilotes'と特に遺伝的に 近い関係にある種の探索を行なった。最近、McGee et al. (2020)にて計 92 種のヴィクトリア 湖シクリッドの全ゲノム配列データが公開された。本解析ではそのうち H. chilotes と H. sauvagei を除いた 78 種を解析に加えた(Table 4)。ショートリードを入手した後、材料と方 法の「ゲノムデータの入手」で述べた方法と同様に、fastp(Chen et al. 2018)によるクオリテ ィーコントロール後、bwa-mem(Li 2013)によるマッピング、そして bcftools(Li 2011)による変 異抽出を行ない、最後に個体ごとに SNP に対するフィルタリングを行なった。全個体の変 異データを bcftools(Li et al. 2009)を用いて結合し、vcftools(Danecek et al. 2011)により、オプ ション"--max-missing 1"で欠損データが見られる変異サイトを全て取り除き、"--removeindels"および"--max-alleles 2 --min-alleles 2"で biallelic SNP のみを抽出した。HWE に基づい たフィルタリングを行ない、p<0.0000001で有意にHWEから逸脱するSNPは取り除いた。 そして、maf が 1%または 5%以上の変異サイトを vcftools(Danecek et al. 2011)でそれぞれ抽 出し、連鎖不平衡の関係となっているサイトを plink(Purcell et al. 2007)で除き、最終的に maf 1%の条件下で 31,713 SNPs、maf 5%の条件下で 9,844 SNPs を入手した。次に、vcf2phylip (Ortiz 2019)を用いて vcf 形式のファイルを phylip 形式のファイルに変換した。続いて、 invariant sites を raxml ascbias (https://github.com/btmartin721/raxml ascbias)を用いて除去した。 その結果、maf1%の条件下で 18,198 SNPs、maf5%の条件下で 9,262 SNPs からなる多型デー タを得た。さらに、ModelTest-NG(Flouri et al. 2015; Darriba et al. 2020)を用いてそれぞれのデ ータセットで最適な塩基置換モデルを推定した。最後に、maf1%の条件のデータセットで は塩基置換モデル GTR+G4、maf 5%の条件のデータセットでは塩基置換モデル TVM+G4 を

ModelTest-NG による推定結果をもとに選択し、RAxML-NG(Kozlov et al. 2019)を用いてブー トストラップ 500 回で分子系統推定を行なった。加えて、*H. chilotes* および *H.* sp. 'short head chilotes'に遺伝的に近縁であると示唆された 16 種とアウトグループである *H. sauvagei* を含 めた 19 種 53 個体に焦点を絞り上記と同様の方法で PCA を行なった。このとき、maf が 2% 以上の条件を満たす 74,669 SNPs から構成されるデータセットを用いた。

種・集団間でのアリル共有の程度を調べるため、Patterson's D(Patterson et al. 2012) を Dsuite(Malinsky et al. 2021)を用いて算出した。ABBA-BABA テストと呼ばれる本手法では アウトグループを含めた4集団(((P1, P2), P3), O)を仮定し、集団分岐の順序と一致しない SNPs に注目する(Patterson et al. 2012)。アウトグループが持つアリルタイプをA、変異アリ ルタイプをBとすると、(((P1:A, P2:B), P3:B), O:A)である多型サイトと(((P1:B, P2:A), P3:B), O:A)である多型サイトは集団分岐の順序と一致しない。この2種類の多型サイトの数に大 きな差が確認される場合は集団 P2 と集団 P3 あるいは集団 P1 と集団 P3 間の遺伝子流動が 示唆される。Patterson'sDはこの2種類の多型サイトの数の差を2種類の多型サイト数の合 計で割ることで得られ、集団間で遺伝子流動を経験したかどうかを調べることができる。本 研究では、コンゴ水系シクリッド A. stappersii 6個体またはタンガニーカ湖シクリッド H. burtoni 3個体をアウトグループOとして選択した。アウトグループとして用いた2種に関 して、Weber et al. (2021)で配列決定された全ゲノム配列データを NCBI データベースから入 手し、前述の解析手順に沿って多型データを得た。集団 P3 には H. chilotes と H. sp. 'short head chilotes'を除くヴィクトリア湖シクリッドを種ごとに用いた。集団 P2 と集団 P1 には H. chilotes および Nyegezi 個体を含む H. sp. 'short head chilotes'の各分集団を分子系統解析によ って示唆された系統関係に従って全ての組み合わせで割り当てた。データセットは以下の 手順で作成された。本解析に用いる 83 種 147 個体の変異データを bcftools(Li et al. 2009)を 用いて結合し、vcftools(Danecek et al. 2011)により、オプション"--max-missing 0.97"で欠損デ ータが全個体の3%以上で見られる変異サイトを全て取り除き、"--remove-indels"および"-

-max-alleles 2 --min-alleles 2"で 78,792,644 biallelic SNPs を抽出した。データセットに対し、 Dsuite(Malinsky et al. 2021)のオプション"Dinvestigate"を window_size = 100 SNPs、step_size = 50 SNPs で実行した。

3.2.5 H. chilotes と H. sp. 'short head chilotes'の集団史推定

集団構造推定および系統解析により示唆された H. chilotes の分集団および H. sp. 'short head chilotes'それぞれに対し、vcftools(Danecek et al. 2011)を用いてゲノムワイド多型データから 塩基多様度(π)を算出した。さらに、各集団間で集団分化の指標である F_{ST} (Weir and Cockerham 1984)の加重平均を求めた。また、比較対象として H. sauvagei のムワンザ湾外個 体とムワンザ湾内個体についても F_{ST} を算出した。さらに、最近の種間交雑の有無を確認す るために、vcftoolsを用いた近交係数の計算により、個体ごとにヘテロ接合度を評価した。

smc++(Terhorst et al. 2017)を用いて、*H. chilotes* の各分集団、*H.* sp. 'short head chilotes' および *H. sauvagei* に対して、集団サイズの変動パターンの推定と各集団間の分岐年代の推 定をブートストラップ 100 回で行なった。入力データは vcf2smc プログラムにより多型デー タから scaffold ごとに作成され、さらにブートストラップ解析のために 500kb からなるデー タに細分した。突然変異率は Malinsky et al. (2018)で報告された 3.5×10⁻⁹ mutations (サイト・ 世代あたり)を仮定した。

3.2.6 H. chilotes 分集団間で自然選択の影響を受けている領域の探索

H. chilotes の各集団間で遺伝的に大きく分化している領域を特定するために、集団分化の指標である F_{ST} (Weir and Cockerham 1984)を window_size = 10kb、step_size = 2kb のゲノム領域ごとに vcftools(Danecek et al. 2011)を用いて算出した。このとき、PCA の結果を受けて *H. chilotes* のムワンザ湾外個体 (Chamagati-Juma 集団、Makobe 集団および Mabibi Island 個体)とムワンザ湾内集団間での計算も行なった。それぞれの F_{ST} の分布において上位 0.5%の値

を示すゲノム領域を集団間で遺伝的に大きく分化している領域(HDR、Highly Differentiated Region) とみなした。加えて、3集団を対象とした Population Branch Statistic (PBS)(Yi et al. 2010)を計算した。PBS では2つの遺伝的に近縁な集団 A、集団 B とアウトグループである 集団 O を仮定する。各集団のペア間で計算されたゲノム領域の Fst から遺伝的な距離(tab t_{AO}、t_{BO})を推定し、さらに、(t_{AB} + t_{AO} - t_{BO}) / 2 を求めることで集団 A の PBS が算出され る。本解析では、アウトグループに H. sauvagei を選択し、集団 A および集団 B には H. chilotes の各分集団を全ての組み合わせで割り当てた。まず、scikit-allel(Miles et al. 2020)を用いて window size = 10kb、step size = 2kb のゲノム領域ごとに Hudson's Fst(Hudson et al. 1992)を計 算した。次に、scikit-allel のソースコードを元に作成したスクリプトを用いて Hudson's Fsr から PBS を算出し、組み合わせごとに正規化した。PBS の値が大きいほど自然選択を受け ている可能性が高くなるため、本解析では上位1%の正規化 PBS 値を示す HDR を探索し、 自然選択が働いている分集団を特定した。さらに、自然選択が働いている集団の組み合わせ から適応候補遺伝子を以下の13種類に分類した。(1)ムワンザ湾内集団にのみ正の自然選択、 (2)Makobe 集団にのみ正の自然選択、(3)Chamagati-Juma 集団にのみ正の自然選択、(4)ムワン ザ湾内集団と Makobe 集団で同じアリルに正の自然選択、(5)ムワンザ湾内集団と Chamagati-Juma 集団で同じアリルに正の自然選択、(6)Makobe 集団と Chamagati-Juma 集団で同じアリ ルに正の自然選択、(7)ムワンザ湾内集団と Makobe 集団間で異なるアリルにそれぞれ正の 自然選択、(8)ムワンザ湾内集団と Chamagati-Juma 集団間で異なるアリルにそれぞれ正の自 然選択、(9)Makobe 集団と Chamagati-Juma 集団間で異なるアリルにそれぞれ正の自然選択 が働いた遺伝子とみなした。遺伝子領域が PBS の算出を行なった複数のゲノム領域にわた る場合、PBS 値を算出したゲノム領域の位置によって自然選択が働いている分集団が異な る場合が確認された。そこで、例えば、ある遺伝子が位置するゲノム領域において、一部の 領域でムワンザ湾内集団での正の自然選択が検出され、 別の領域で Makobe 集団での正の自 然選択が検出された遺伝子は(7)に分類し、他の分集団の組み合わせの場合も同様に処理し

た。加えて、(10)ムワンザ湾内集団と Makobe 集団で同じアリル A に正の自然選択および Chamagati-Juma 集団でアリル B に正の自然選択、(11)ムワンザ湾内集団と Chamagati-Juma 集団で同じアリル A に正の自然選択および Makobe 集団でアリル B に正の自然選択、 (12)Makobe 集団と Chamagati-Juma 集団で同じアリル A に正の自然選択およびムワンザ湾内 集団でアリル B に正の自然選択、(13)3つの分集団ごとに異なるアリルに正の自然選択が働 いた遺伝子に分類した。

3.2.7 適応候補遺伝子の探索

HDR 上にどのような遺伝子が含まれているか調べるために、Ensembl(Cunningham et al. 2019) でHDR をクエリとした blastn 検索を行なった。このとき、東アフリカの河川に生息するシ クリッド Oreochromis niloticus (O_niloticus_UMD_NMBU) とマラウィ湖シクリッド Maylandia zebra (M_zebra_UMD2a)のアセンブリ配列において同定された遺伝子を検索先のデータベ ースとして指定した。次に、取得した候補遺伝子のアミノ酸配列をクエリとして NCBI デー タベース(https://blast.ncbi.nlm.nih.gov)で tblastn 検索し、遺伝子のアミノ酸配列、UTR 領域の 塩基配列を改めて取得した。続いて、参照配列に対し、取得した配列をそれぞれ tblastn 検 索あるいは blastn 検索することで候補遺伝子のゲノム上の位置を特定した。最後に、参照配 列から候補遺伝子のコーディング領域の配列を単離し、EMBL-EBI (https://www.ebi.ac.uk)の GeneWise(Birney et al. 2004)によりエキソン・イントロン構造を予測し、得られた遺伝子配列 の質を踏まえて候補遺伝子を同定した。

同定した適応候補遺伝子にどのような機能を持つ遺伝子が多いか調べるために、 WebGestalt(Liao et al. 2019)による GO enrichment 解析を行なった。解析対象としたのは H. chilotes の Chamagati-Juma 集団、Makobe 集団、ムワンザ湾内集団それぞれで自然選択を受 けていると推定された遺伝子セット、および複数の分集団で自然選択を受けていると推定 された 遺 伝 子 セ ッ ト で あ る 。 こ の と き 、 functional database と し て "gene ontology"、"Disease"、"Phenotype"カテゴリーを選択し、ヒトの"protein-coding data"を元に適応候補遺伝子の機能を調べた。

3.2.8 種ごとの形態のばらつきの評価

ムワンザ湾内個体とムワンザ湾外個体間での形態的なばらつきの評価には所属研究室による現地調査で捕獲・計測した個体のデータを用いた。*H. chilotes、H.* sp. 'short head chilotes'、 *H. sauvagei* および豊富な形態計測データがある *Mbipia mbipi、Pundamilia nyererei、P. pundamilia* の性成熟したオス個体において、ムワンザ湾を境としてその体長において有意に 差があるかどうかを Welch's t 検定により調べた。

3.3 結果

3.3.1 H. chilotes と H. sp. 'short head chilotes'の遺伝構造

唇が厚いシクリッドである *H. chilotes、H.* sp. 'short head chilotes'、および *H. sauvagei* の3種 計 37 個体からなる中立多型データを用いて集団構造推定を行なった。主成分分析 (PCA) の結果、PC1 (21.088%) でアウトグループとして用いた *H. sauvagei* と唇が厚いシクリッド 2種が遺伝的に分かれた (Fig. 18a)。これは Samonte et al. (2007)や Takeda et al. (2013)の先行 研究や本論文の第2章の結果と一致する。PC2 (10.087%) では唇が厚いシクリッド2種の うち *H. chilotes* のムワンザ湾内個体が遺伝的に区別された (Fig. 18a)。さらに、PC3 (7.305%) では *H. chilotes* のムワンザ湾外の Chamagati Island または近傍の Juma Island に生息する個体 が Makobe Island に生息する個体と異なる遺伝的クラスターを形成した (Fig. 18)。本研究で 用いた個体のうち、ムワンザ湾から最も離れた Mabibi Island でサンプリングされた *H. chilotes* 個体は PC1 でわずかに他のムワンザ湾外個体と異なる遺伝構造を示したが、PC2、 PC3 では Chamagati Island または近傍の Juma Island に生息する個体が形成する遺伝的クラ スターに属した(Fig. 18)。また、McGee et al. (2020)で決定された1個体は確認された全て の主成分において Makobe Island に生息する個体が形成する遺伝的クラスターに属した。し たがって、H. chilotes は基本的にムワンザ湾内個体とムワンザ湾外個体に遺伝的に分けられ、 さらに湾外でも生息場所ごとに分集団を形成していることが示唆された。これらの結果か ら、以後 H. chilotes に関してムワンザ湾内集団、Chamagati-Juma 集団、Makobe 集団を遺伝 的に異なる分集団として表記する。また、H. sp. 'short head chilotes'は PC1、PC2 では H. chilotes の湾外個体と遺伝的に近いことが示唆されたが、PC3では H. chilotes と異なる遺伝的クラス ターを形成した(Fig.18)。また、近交係数(F)の値も最近の種間交雑の可能性を意味する 負の値をどの個体も示さなかったことから、H. sp. 'short head chilotes'が H. chilotes と他種の 最近の交雑により生じた個体である可能性は低い(Fig. 19)。したがって、H. sp. 'short head chilotes'は H. chilotes とは遺伝的に区別できる種または集団であると考えられる。 ADMIXTURE 解析でも同様の結果が得られた。K=2のとき、H. sauvagei に対し唇が厚いシ クリッド2種は異なる遺伝的要素を持つことが示され、K=3でムワンザ湾内集団特有の遺 伝的要素が確認された(Fig. 20)。K=4 では、ムワンザ湾外の2つの分集団が異なる遺伝的 要素で構成され、このとき H. sp. 'short head chilotes'は Chamagati-Juma 集団と似た遺伝構造 を持つことが示された。ADMIXTURE 解析における error rate は K = 2 のとき最も低い値を 示した。

分子系統推定の結果、H. sp. 'short head chilotes'は H. chilotes に比べ、ヴィクトリア 湖シクリッドの中で古くに種分化した H. sauvagei に遺伝的に近いことが分かった(Fig. 21)。 そのため、H. sp. 'short head chilotes'は H. chilotes の直接の祖先系統である可能性がある。さ らに、H. chilotes に関しては、ムワンザ湾外の Mabibi Island に生息する個体がまず分岐し、 次いで Chamagati-Juma 集団が分岐し、最後に Makobe 集団とムワンザ湾内集団が分岐した ことが推定された (Fig. 21)。したがって、H. chilotes はムワンザ湾外の岩場各所で分集団を

形成し、その後ムワンザ湾内に侵入したと考えられる。一方で、本解析では、*H.* sp. 'short head chilotes' 4 個体は単系統にならず、ムワンザ湾内の Nyegezi から採取された個体がムワンザ湾外の Chamagati Island から採取した 3 個体に比べ、より祖先的であるという結果が示唆された。よって、*H.* sp. 'short head chilotes'として同定された 4 個体の中に *H.* sp. 'short head chilotes'と似た形態学的特徴を示す別種が含まれている可能性を考慮する必要がある。

3.3.2 ヴィクトリア湖シクリッドの適応放散における唇の厚いシクリッドの進化過程 ヴィクトリア湖シクリッドではその祖先系統が系統間の交雑によって形成されたこと (Meier, Marques, et al. 2017)や、短期間に急激な種分化を経験したことから、遺伝子座から推 定される系統関係が種の系統関係と矛盾する incomplete lineage sorting(ILS)がゲノム全体 に占める割合が大きいため(Brawand et al. 2014)、ヴィクトリア湖シクリッドの系統関係の解 明は極めて困難な課題である。ヴィクトリア湖シクリッドの系統関係をゲノムレベルで推 定した先行研究はあるが(Wagner et al. 2013; McGee et al. 2020)、H. chilotes や H. sp. 'short head chilotes'と進化的に関わりのある種は特定されていない。本解析では、H. chilotes の分集団 または H. sp. 'short head chilotes'との間に遺伝子流動が確認される種を調べることで、これ ら2種が他種との交雑によりその遺伝的分化が促進された可能性を検証した。まず、 RAxML-NG (Kozlov et al. 2019)による分子系統解析により、H. chilotes や H. sp. 'short head chilotes'を含む広範なヴィクトリア湖シクリッド 81 種をいくつかのゲノムレベルの系統グ ループに分類した。少なくとも2ハプロタイプが共有する変異アリルで構成される多型デ ータ(maf1%以上)による解析の結果、ヴィクトリア湖シクリッドは古くに分岐したアウト グループである H. sauvagei を含む9つの遺伝的クレードに分かれた(Fig. 22a)。本結果は 魚食性シクリッドや卵稚魚食性シクリッドがそれぞれ clade C、clade D3 と名付けた同じ遺 伝的クレードにまとめられ、McGee et al. (2020)で示された結果と類似していた。H. chilotes および H. sp. 'short head chilotes'はヴィクトリア湖シクリッドの属の中で Neochromis、

Paralabidochromis が多くを占めるヴィクトリア湖の岩場種からなる同じ遺伝的クレード (clade B) に属していることが示唆された (Fig. 22a)。形態学上、*H. chilotes* および*H.* sp. 'short head chilotes'は Paralabidochromis グループに分類されており、今回の結果は形態学に 基づく分類体系を支持する。少なくとも 14 ハプロタイプが共有する変異アリルで構成され る多型データ (maf 5%以上) による解析でも同様の結果が得られた (Fig. 22b)。*H.* sp. 'short head chilotes'はこれらの解析で生息場所によって種分岐のタイミングに違いが見られた (Fig. 22)。Chamagati Island に生息する *H.* sp. 'short head chilotes'は見んた (Fig. 22)。Chamagati Island に生息する *H.* sp. 'short head chilotes'は *H. chilotes* が分岐する一つ内側 で遺伝的クラスターを形成したが、Nyegezi から採取された *H.* sp. 'short head chilotes'に対し、他の Paralabidochromis 種とより遺伝的に近い可能性が示された (Fig. 22)。ADMIXTURE 解析に おいても *H. chilotes* および *H.* sp. 'short head chilotes'を含む遺伝的クレード (clade B) に属す る種は *H. chilotes* および *H.* sp. 'short head chilotes'を構成する遺伝的要素を に、*H.* sp. 'short head chilotes'はこれらの種と比較し多く共有していた (Fig. 23)。さら に、*H.* sp. 'short head chilotes'はこれらの種と比較しても *H. chilotes* を構成する遺伝的要素を

Dsuite(Malinsky et al. 2021)による ABBA-BABA テストの結果、*H. chromogynos* (Pchr) および *H. fisheri* (Hfis)が Nyegezi から採取された *H.* sp. 'short head chilotes' と他の分集団に比 べてアリルを多く共有していることが示唆された (Fig. 24b, c)。これは *H. chromogynos* や *H. fisheri* が Nyegezi から採取された *H.* sp. 'short head chilotes' と遺伝的に近い関係にある可能性 を示す。一方で、*H. bicolor* (Hbic)、*H. crassilabris* (Hcra)、*H. cyaneus* (Hcya)、*H. flavus* (Pfla)、 *H. xenognathus* (Pxen)、*Neochromis gigas* (Ngig)、*Paralabidochromis* sp. 'blue beadlei' (Pbbe)、 *Paralabidochromis* sp. 'blue biter' (Pbbi)、*Paralabidochromis* sp. 'orange anal picker' (Poap)は Chamagati Island から採取された *H.* sp. 'short head chilotes' と他の分集団に比べてアリルを多 く共有していた (Fig. 24b, c)。特に *H. cyaneus* は Nyegezi から採取された *H.* sp. 'short head chilotes' とはアリル共有の程度が低いことが示されたため (Fig. 24c)、側系統群とされた *H.* sp. 'short head chilotes'の系統的に内側に入る可能性がある。本項で記述した全ての種は分岐 系統推定の結果、*H. chilotes* および *H.* sp. 'short head chilotes'と同じ遺伝的クレードに属して いた。一方で、本解析により推定されたアリル共有の程度は最近の種間交雑を経験している 種で確認されている程度より低く(Meier et al. 2018)、単にヴィクトリア湖シクリッドの種分 化後の期間の短さを反映しているだけである可能性を否定できなかった。

広範なヴィクトリア湖シクリッドを用いた maf が 5% または 1%以上の条件下で の分子系統解析の結果、どちらにおいても *H. chilotes* および *H.* sp. 'short head chilotes'と同じ 遺伝的クレードに属する、遺伝的に近い種の存在が明らかになった。ABBA-BABA テスト においてもこれらの種は *H.* sp. 'short head chilotes'と遺伝的に近い関係にあることが示唆さ れた。Nyegezi から採取された *H.* sp. 'short head chilotes'が Chamagati Island から採取された *H.* sp. 'short head chilotes' とは別種である可能性をさらに検証するため、この遺伝的クレード 内の 19 種 53 個体についてさらに PCA を行なった。PC1 (11.947%) では *H. sauvagei* と他種 が分けられ、PC2 (9.073%) および PC3 (6.748%) で chilotes の分集団が遺伝的に異なるク ラスターを形成した (Fig. 25a, b)。このとき、*H.* sp. 'short head chilotes' 4 個体は全て他の種 と区別され、より *H. chilotes* に遺伝的に近いことが示唆された (Fig. 25b)。PC4 (5.552%) において、*H.* sp. 'short head chilotes'がその生息場所間で遺伝構造が異なる可能性を示したが、 Chamagati Island から採取された *H.* sp. 'short head chilotes' が *H. chilotes* の Chamagati-Juma 集 団と同じ遺伝的クラスターに属していたため、生息場所に応じた適応による影響が考えら れる (Fig. 25c)。これらの結果から、本研究で用いた *H.* sp. 'short head chilotes' は同一種と見 なすことができると判断した。

3.3.3 H. chilotes と H. sp. 'short head chilotes'の適応過程

H. chilotes の分集団ごとの塩基多様度(π)は Makobe 集団で最も低く、次いでムワンザ湾内集 団で低い値が得られた(Fig. 26)。集団間の遺伝的分化の程度を表すゲノムワイド F_{ST} の値

は古くに分岐した H. sauvagei と H. chilotes の間で 0.26123(H. sauvagei と H. chilotes の分集 団間の Fsr の平均)、H. sauvagei と H. sp. 'short head chilotes'の間で 0.22394 であり (Fig. 26)、 先行研究と同様に H. sauvagei が祖先種であることを示していた(Samonte et al. 2007; Takeda et al. 2013)。第2章で算出された H. sauvagei と H. chilotes 間のゲノムワイド FsT の値は 0.21848 であり、本研究で算出された値よりも低い。これは、複数地点でサンプルされた H. chilotes 個体をまとめて解析に用いたために、H. chilotes 全体の塩基多様度が実際より大きく推定さ れてしまったためであると推察される。H. chilotesの分集団間のゲノムワイド Fst の値はム ワンザ湾内集団と Makobe 集団間で 0.13094、ムワンザ湾内集団と Chamagati-Juma 集団間で 0.12612、Makobe 集団と Chamagati-Juma 集団間で 0.10103 であった (Fig. 26)。H. sauvagei の ムワンザ湾内個体とムワンザ湾外個体間のゲノムワイド Fst が 0.03988 であったことから、 H. chilotes の分集団間の遺伝的分化の程度は大きいといえる。さらに、H. sp. 'short head chilotes'と *H. chilotes* 間のゲノムワイド F_{ST} の値は 0.13312 (*H.* sp. 'short head chilotes'と *H.* chilotes の分集団間の Fst の平均) だった。H. sp. 'short head chilotes'と H. chilotes 間の比較 において、最もゲノムワイド Fsr の値が低い集団ペア (H. sp. 'short head chilotes'と Chamagati-Juma 集団)では F_{ST} は 0.11101 と算出され(Fig. 26)、これは H. chilotes のムワンザ湾内集 団と他の2つの分集団間での値より低かった。

smc++ (Terhorst et al. 2017)による集団史の推定では、世代時間2年を仮定した場合、 *H. sauvagei* が *H.* sp. 'short head chilotes' と 22,703 年前に、*H. chilotes* と 19,883 年前に分岐し たという結果が得られた (Fig. 27a)。よって、*H. sauvagei* は約 15,000 年前のヴィクトリア湖 シクリッドの適応放散より前に種形成したことが改めて示され、これは先行研究とも一致 している(Samonte et al. 2007)。第2章では、*H. chilotes* との分岐年代は約 14,700 年前である と推定されたが、これは *H. chilotes* における遺伝的な分集団の存在により分岐年代が過小推 定されたためであると考える。分岐年代推定時に比較する種もしくは集団において、遺伝的 に異なる個体群が含まれる、すなわち集団構造が確認される場合は、分岐してからの期間を 反映する指標の一つである集団間の遺伝的分化の程度が実際より低く評価され、集団間の 分岐年代も実際より小さい値を示すことが予想される。この推定結果の違いは種間レベル で遺伝的に近縁とされるヴィクトリア湖シクリッドにおいても同一種内の集団構造を明ら かにする重要性を提示する。H. sp. 'short head chilotes'は H. chilotes の各分集団と平均して約 13,500 年前に分岐したと推定された(Fig. 27a)。ヴィクトリア湖では約 14,600 年前に干上 がり、その後約 2,000 年間水位の大きな増減を経験している(Johnson et al. 2000; Stager and Johnson 2008)。H. sp. 'short head chilotes'と H. chilotes の推定分岐年代は約13,800年から12,800 年前までの急激な水位上昇の時期と一致しており、水位上昇に伴う生息域の拡大が2種の 種分化を促進した可能性が予想される。H. chilotes の分集団間の分岐年代は約 8,600 年前か ら 6.900 年前と推定された(Fig. 27a)。約 11,500 年前から 8,000 年前までは現在よりも水位 レベルが高い時期が続いており(Stager and Johnson 2008)、H. chilotes はこの時期に生息域を 拡大し、辿り着いた岩場ごとに集団を形成したと推察される。また、H. chilotes のムワンザ 湾内集団は集団分岐の時期に集団サイズが減少していると推定された(Fig.27c)。したがっ て、H. chilotes の生息域拡大時には少数の個体からなる集団がそれぞれ現在の生息域に侵入 し、生息環境に適応したと考えられる。分子系統推定および集団史推定の結果を統合すると、 肥厚した唇を持つ H. sp. 'short head chilotes'と H. chilotes はヴィクトリア湖シクリッドの適 応放散の時期に分岐した別種であり、それぞれ異なる進化過程を経験した。特に、H. chilotes は種形成後に生息域を拡大し、ムワンザ湾付近の離島近くの岩場を中心とした生息地を獲 得した後、ムワンザ湾内に侵入し、定着した可能性が示唆された。

3.3.4 H. chilotes の局所適応に関与した候補遺伝子の探索

H. chilotes の各分集団における適応候補遺伝子の探索を行なうために、まず、10kbのゲノム 領域に対し分集団のペアごとに Fsr の加重平均を計算することで、各分集団間およびムワン ザ湾内一湾外集団間で遺伝的に大きく分化している領域を特定した(Fig. 28)。それぞれの

Fsr の分布において上位 0.5%の値を示すゲノム領域を遺伝的に大きく分化している領域 (HDR) とみなした。さらに、Population Branch Statistic(PBS)(Yi et al. 2010)を算出し、ゲノ ム領域ごとにどの分集団に自然選択が働いているかを検証した。本解析では、上位1%のPBS 値を示す HDR を自然選択の影響を受けた領域としてみなし、そのゲノム領域および周辺 10kb に存在する遺伝子を探索した。その結果、合計 610 個の適応候補遺伝子が単離された (Fig. 29)。続いて、各分集団において自然選択を受けていると判定された適応候補遺伝子 に対して、どのような機能を持っている遺伝子が多く含まれているか調べるために、 WebGestalt (Liao et al. 2019)を用いて GO enrichment 解析を行なった (Fig. 30)。全ての分集団 に共通して、神経・シグナル伝達に関わる「化学的シグナル伝達」や「膜電位の調節」の機 能を持つ適応候補遺伝子が確認された。また、行動や外部刺激の認知に関わる「生殖行動」 や「認知」等の機能を持つ適応候補遺伝子に含まれていたことは種分化を促進する機構の一 つである同種認知が分集団内で強化されている可能性を示唆する。また、Chamagati-Juma 集 団では、体サイズに関わる「低身長」や「身長の異常」を担う遺伝子や頭部形態に関わる「鼻 梁の陥没」や「丸顔」等の GO を持つ遺伝子が見つかった。体サイズに関しては、H. chilotes のムワンザ湾内に生息する個体が湾外に生息する個体より体長が大きいことが報告されて いる(Fig. 15)。本解析結果は観察データとは異なる分集団でたが、。Makobe 集団では、歯 に関わる「未萌出歯」や唇上部の溝である人中の形成に関わる遺伝子が適応候補遺伝子に含 まれることが分かった。ムワンザ湾内集団では、「未萌出歯」に加え、「歯並びの悪さ」や「歯 数の異常」 といった歯に関わる遺伝子や、「上顎骨の低形成」のような上顎の形成を担う遺 伝子が適応候補遺伝子に含まれることが分かった。さらに、2 集団以上で自然選択を受けて いる可能性が示された適応候補遺伝子のみを用いて同様の GO enrichment 解析を行なったと ころ、認知・行動、歯、人中や顎といった頭部形態、そして生殖器に関わる適応候補遺伝子 が多いことが明らかになった。また、シクリッドにおける機能が解明されている遺伝子の中 で、Makobe 集団では視覚関連遺伝子である LWS 遺伝子を含むゲノム領域に自然選択が働

いている可能性が示唆された(Fig. 31a)。LWS 遺伝子は生息場所の濁度に応じて同種内で 異なるアリルが選択されることが知られている(Terai et al. 2006)。Makobe Island は他の分集 団の生息場所と比べ透明度が比較的高いため(Seehausen et al. 2008)、Makobe 集団では生息環 境への適応に際し、LWS 遺伝子に対し自然選択が働いたと考えられる。GO エンリッチメン ト解析においても Makobe 集団で「光刺激に対する感覚認知」の機能を有する遺伝子に自然 選択が働いたことが確認され(Fig. 30)、Makobe 集団が生息環境に対して適応した可能性が 示唆された。

3.4 考察

本研究では、ヴィクトリア湖シクリッドで形態学的多様性が報告されている H. chilotes およ び類似した形態を示す H. sp. 'short head chilotes'に着目した全ゲノムレベルの集団遺伝解析 を通して、H. sp. 'short head chilotes'が H. chilotes とヴィクトリア湖シクリッドの適応放散の 時期に種分化した別種であり、H. chilotes はさらに生息場所ごとに遺伝的な分集団を形成し ていることを明らかにした。H. chilotes の分集団は約 8,500 年前からヴィクトリア湖の中心 部からムワンザ湾内に向かって形成され、それぞれで生息環境に対して適応したことが分 かった。H. chilotes の分集団ごとに自然選択を受けた遺伝子がその形態学的多様性を生み出 した可能性が示唆された。

3.4.1 ヴィクトリア湖における唇の厚いシクリッドの進化

ヴィクトリア湖シクリッドはその周辺の河川や小規模な湖を含めると 700 種以上から構成 されているが、その形態学的特徴は必ずしも種間で大きく離れているわけではなく、中間的 な特徴を持つ個体が存在する(Salzburger 2018; Svardal et al. 2021)。また、適応放散を経験し

てからの期間が短く、ヴィクトリア湖シクリッド全体が遺伝的に近縁であるため、詳細な系 統関係の解明は困難であり、その多くが未解明のままである。本研究では、まず、広範なヴ ィクトリア湖シクリッドの遺伝構造からヴィクトリア湖シクリッドをいくつかのグループ に分けた。その結果、魚食や卵稚魚食などの食性に基づいた系統関係が示され、これは McGee et al. (2020)で示唆された結果と類似していた。唇の厚い2種を含むグループにおけ る分子系統樹では H. chilotes は系統樹の末端に位置し、 H. sp. 'short head chilotes'がその直 前で分岐していた。これは、ヴィクトリア湖の唇の厚いシクリッドが進化の過程で最後に派 生した特徴的な系統である可能性を示唆している。肥厚した唇は岩の隙間に生息する幼虫 を捕獲するのに有用であるとされ(Baumgarten et al. 2015)、一般的な唇を持つシクリッドか ら偶然生じた唇の厚いシクリッドが生態学的地位(ニッチ)を獲得し、適応進化を遂げたこ とが予想される。一方で、中間的な唇の厚さを示す H. sp. 'short head chilotes'はより厚い H. chilotes とニッチが重なっていると考えられるが、種間競争に伴う集団縮小を示すゲノム上 の痕跡は確認されなかった(Fig. 26, Fig. 27b)。H. sp. 'short head chilotes'はヴィクトリア湖シ クリッドの特徴である中間的な形質を示す種の一つであり、その種形成・維持機構の解明は 進化生物学的に大きな意義があるといえる。加えて、シクリッドにおける肥厚した唇という 形質はヴィクトリア湖だけでなく、ヴィクトリア湖周辺の小規模な湖やタンガニーカ湖シ クリッド、マラウィ湖シクリッド、そして南米シクリッドに共通して観察されており、平行 進化の好例として注目されている(Salzburger 2009; Vranken et al. 2020)。唇を厚くする遺伝的 メカニズムがこれらの湖間で共通している場合、唇の肥厚に寄与するアリルが古くから集 団内に維持されてきた SGV である可能性が考えられる。H. chilotes および H. sp. 'short head chilotes'の進化過程の解明は古くに獲得されたアリル多様性によるヴィクトリア湖シクリッ ドの形態学的多様性の創出機構の理解につながると期待できる。

H. chilotes と比較すると薄いが、他のヴィクトリア湖シクリッドと比較して厚い唇を持つ *H.* sp. 'short head chilotes'はこれまで報告例が極めて少なく、Chamagati Island や

Makobe Island でのみその生息が確認されている(Seehausen 1996)。本研究は H. sp. 'short head chilotes'を用いた最初の進化ゲノム研究であり、未解明であったその種形成過程の解明に取 り組んだ。本研究によって、H. sp. 'short head chilotes'は H. chilotes と他種との交雑個体では なく、H. chilotes より古くに分岐した別種である可能性が示唆された。その分岐年代はヴィ クトリア湖シクリッドの適応放散の時期に一致しており、H. chilotes と近縁であるが、種間 交雑することなく独立した種として維持されてきたと考えられる。生息域に関して、H. chilotes はヴィクトリア湖の広域分布種として知られているが、H. sp. 'short head chilotes'は 局所的な報告のみである。一方で、Greenwood (1959)はヴィクトリア湖の北側に生息してい る H. chilotes の 25 個体の形態データから、H. chilotes が唇の厚さ、頭長や顎の長さにおいて 多様性を持つことを報告した。Seehausen (1996)はこれに対し、報告された多様性を示す形 質が H. sp. 'short head chilotes'の特徴と一致することから、ヴィクトリア湖北部において H. sp. 'short head chilotes'が生息している可能性を指摘している。本研究で用いた個体は全てヴ ィクトリア湖南部で採取された個体であり、今後、より広域で採取された個体を解析に追加 することで詳細な H. sp. 'short head chilotes'の進化史の解明が可能になると考えられる。さ らに、H. sp. 'short head chilotes' と H. chilotes のゲノム比較により自然選択が働いている適応 的な候補遺伝子を探索することにより、近縁かつ生態学的地位が重なると考えられる2種 がどのように分岐したのかその種分化メカニズムを調べることがヴィクトリア湖シクリッ ドの進化史の解明に重要であると考えられる。

3.4.2 H. chilotes の適応と形態学的多様性

H. chilotes の分集団間のゲノム比較により分集団ごとの適応に寄与した可能性のある候補遺 伝子が単離された。例えば、視覚関連遺伝子 LWS において透明度が低い環境に生息するシ クリッドは透明度が高い環境に生息するシクリッドに比べ、短波長光を感受しやすいアリ ルを持っている個体が多いことが知られている(Terai et al. 2006)。Makobe Island はヴィクト

リア湖の中では透明度が高く(Seehausen et al. 2008)、Makobe 集団のみが他の H. chilotes 個体 と異なるアリルを有していた。そのため、Makobe 集団では集団分化時にその生息環境に適 した LWS 遺伝子のアリルに自然選択が働いたと考えられる。transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 (trpm4)遺伝子は主に Chamagati-Juma 集団やムワンザ湾内集団 で自然選択を受けた遺伝子であり(Fig. 31b)、嗅覚神経を介した検出された化学刺激に対す る免疫反応に関与していることが分かっている(Kastenhuber et al. 2013; Ellison et al. 2018; Sepahi et al. 2019)。本遺伝子は第2章においてヴィクトリア湖シクリッドの適応放散より前 にアリル多様性を獲得したことが明らかになっており、ヴィクトリア湖シクリッドの分集 団形成において集団内に維持されている多型 SGV がその適応に寄与したことを示唆してい る。同定された適応候補遺伝子の一部はヒトにおいて体サイズや歯、鼻の形や鼻と口の間の 溝(人中)といった頭部形態形成において役割を持つことが示された。歯数や歯並び、歯の 形状はヴィクトリア湖シクリッドの種同定に用いられる形質であり、種間での多様性が確 認されている(Seehausen 1996)。一方で、*H. chilotes* での多様性は報告されておらず、実際に これらの遺伝子が H. chilotes において歯の多様性を生み出しているかどうかに関しては今 後詳細な形態計測を行なう必要がある。肥厚した唇が特徴的な H. chilotes において、他種と 区別できる他の主要な形質の一つは頭長であり、同じく唇が肥厚した H. sp. 'short head chilotes'は H. chilotes に比べ頭長が短いことから名付けられた(Seehausen 1996)。頭部形態に ついても H. chilotes が多様性を示すかどうかは確認されていないが、今後のシクリッドの形 態研究において注視する必要がある。

同一種内の形態や生態における多様性は H. chilotes だけでなく複数のシクリッド で報告されている。ヴィクトリア湖広域分布種である Neochromis greenwoodi はヴィクトリ ア湖シクリッドの中でも地理的多様性に富む種の一つである(Seehausen et al. 1998)。濁度の 高いムワンザ湾北部に生息する個体は虫やコケを主食とするのに対し、ヴィクトリア湖南 東部のスピーク湾に生息する個体は藻を主食とし、それぞれの集団間で頭部形態や歯の形

状が大きく異なることが報告されている(Seehausen et al. 1998)。ムワンザ湾北部に生息する *Lithochromis rubripinnis* では生息場所に応じて2種類の体色が確認されている(Seehausen et al. 1998)。さらに、Luanso Island に生息する個体は平均的に細い体型を持ち、その顎の長さ や歯列の数からプランクトン食に適した形態を持つとされる(Seehausen et al. 1998)。

一方で、ヴィクトリア湖シクリッドで観察される生息場所間での表現型の違いが その生息環境に応じて可塑的に生じているのか、あるいは遺伝的基盤の違いに由来してい るのかについて調べた研究は少ない。ヴィクトリア湖やその周辺の河川に生息する Astatooreochromis alluaudi では、食物の硬度に応じて咽頭顎や咽頭歯の構造が可塑的に変化 することがトランスクリプトーム解析により示唆されている(Gunter et al. 2013)。また、ヴィ クトリア湖の沖合性シクリッド H. pyrrocephalus において、1980年代初頭の大型肉食魚ナイ ルパーチの侵入と1990年代の富栄養化に伴う溶存酸素濃度の急激な低下に伴い、その形態 学的特徴が表現型可塑性と遺伝的基盤の両方の影響を受けて大きく変化した可能性が議論 されている(Witte et al. 2008)。タンガニーカ湖および周辺の河川に生息する A. burtoni では、 湖に生息する個体に比べ河川に生息する個体は、細い体型や下側にある口といった流れの 速い河川において底生動物を採餌することに適した形態を持つ(Theis et al. 2014)。この形態 の違いは生息環境に応じて可塑的に生じているものではなく、湖個体と河川個体間の遺伝 的基盤の違いに由来することが交配実験によって示されている(Theis et al. 2014)。本研究で 着目した H. chilotes の表現型多様性が表現型の可塑性に由来するのか、それとも遺伝的基盤 の違いに由来するのかについて調べた研究はない。また、ヴィクトリア湖シクリッドで可変 的な体長や歯といった形質において、他の個体とかけ離れた何らかの特徴を持つ個体が正 の自然選択により集団内に広まったのか、あるいは遺伝的浮動によって集団の大部分を占 めるようになったのかどうかについてもまだ明らかになっていない。今後、本研究によって 単離された適応候補遺伝子におけるアリルを、類似した形態学的特徴を示す他種が共有し ているか調べることで、ヴィクトリア湖シクリッドひいては魚類の形態学的多様性を創出

する遺伝的基盤の解明につながると期待できる。

3.4.3 H. chilotes の急速な集団分化

シクリッドの系統分類において、唇の厚さは種同定に用いられる形質の一つであり、際立っ た形態的特徴を持たない種が多いヴィクトリア湖シクリッドの中で、特徴的な肥厚した唇 を持つ H. chilotes は比較的種同定しやすい種とされる。一方で、その形態における地理的多 様性は古くから観察されていた(Seehausen 1996)。本研究結果は H. chilotes が生息場所に応 じた遺伝的な分集団を形成していることを強く示唆しており、ゲノムレベルで形態の多様 化が引き起こされている可能性を示している。ヴィクトリア湖シクリッド種間での遺伝的 分化の程度は Fsr において 0.057 ~ 0.362 であると報告されている(Bezault et al. 2011)。これ に対し、本研究の H. chilotes の分集団間で算出された Fsr の値は 0.101 ~ 0.131 であったこと から、ヴィクトリア湖シクリッドにおいて同一種内の分集団としては集団間の遺伝的分化 が進んでいると考えられる。タンガニーカ湖および周辺の河川に生息する A. burtoni の交配 実験では Fsr が 0.19 を超えた場合に集団間で弱い生殖的隔離の存在が確認されており (Rajkov et al. 2018; Weber et al. 2021)、H. chilotes の分集団も種分化の萌芽段階にあると考え られる。一方で、H. sauvagei を除くヴィクトリア湖シクリッドで生息場所間でのゲノムワイ ドな遺伝的分化を調べた研究はないため、H. chilotes における分集団間の遺伝的分化の程度 がヴィクトリア湖シクリッドにおいて普遍的かどうか今後検証する必要がある。

ヴィクトリア湖のムワンザ湾周辺に生息する H. chilotes は約 8,600 年前から 6,500 年前にかけて集団分岐したと推定されたが、その遺伝的分化の程度は約 14,600 年前に種分 化したとされるヴィクトリア湖シクリッドの種間レベルに匹敵していた。このような急速 な集団分化が引き起こされた要因として祖先集団における遺伝的多様性に着目して議論し たい。種間・集団間の遺伝的分化の速さ、すなわち進化速度がどのような要因で決定づけら れるのかについては集団遺伝学において古くから注目されてきた。Gillespie and Langley

(1979)はゲノム比較における集団間の遺伝的な違いを $E(d_{XY}) = 2\mu t + \theta_A$ と表した。ここで、 μは突然変異率、tは集団が分岐してからの時間、θ_Aは祖先集団での遺伝的多様度を意味す る。この式から、tが十分大きいとき、集団間の遺伝的な違いは集団が分岐してからの時間 tに比例して大きくなるが、集団が分岐してからの時間が短いとき、その程度は祖先集団に おける遺伝的多様度と近似できることが分かる。よって、H. chilotes は種分岐後も高い遺伝 的多様性を保ったまま、生息域の拡大に伴い分集団を形成し、本研究で観測された分集団間 の遺伝的分化の程度はその分岐してからの時間ではなく祖先集団の遺伝的多様度を反映し ている可能性がある。これはヴィクトリア湖に種形成後に侵入し、生息域を広げたとされる H. sauvagei の分集団間の遺伝的分化の程度 (F_{st}=0.03988) が同じ生息場所間での H. chilotes の分集団間の遺伝的分化の程度(Fsr=0.12612)に比べ極めて小さかったことからも予想さ れる。祖先集団における遺伝的多様性は集団内に維持されている多型 (SGV) により構成さ れる。Guerrero and Hahn (2017)は集団分化過程において祖先集団における SGV からそれぞ れ分集団に不均一に選び取られた"sieved polymorphism"が分岐後の集団間の遺伝的分化の程 度を高めている可能性を指摘した。ヴィクトリア湖シクリッドは祖先系統間での交雑によ り大量の SGV を獲得し、爆発的な種分化を経験した(Meier, Marques, et al. 2017)。本論文の 第2章ではこのような SGV を SNP レベルだけでなく、長い大規模な分化アリルとしてヴィ クトリア湖シクリッドの祖先集団が維持していたことを示した。一方で、H. chilotes の種分 岐直後にどの程度の SGV が維持されていたのかはまだ明らかになっていない。H. chilotes の分集団間で遺伝的に大きく分化しているアリルの起源を調べることはこの課題を解決す るための方法の一つであると考えられる。これは H. chilotes の急速な集団分化の原因の解明 だけでなく、ゲノム全体を通して H. chilotes の種分化の完了につながった SGV がどの程度 を占めるのか、ヴィクトリア湖シクリッドにおける爆発的な種分化を促進した SGV の詳細 な役割の理解につながると期待される。種分化の萌芽段階にある H. chilotes の分集団に着目 した本研究は種分化過程における SGV の重要性を間接的に示唆しており、今後のヴィクト

リア湖シクリッドにおける潜在的な進化可能性を示している。

第4章 総論

本研究は東アフリカのヴィクトリア湖に生息するシクリッドの著しい種多様性を生み出し た遺伝的基盤を明らかにすることを目的とした。まず、異なる生息環境に適応している3種 の全ゲノム比較解析により、種の適応に寄与したと考えられる遺伝子のアリル多様性がヴ ィクトリア湖シクリッドの適応放散より古くに獲得されたことを明らかにした。次に、より 近縁な種内の分集団に着目した集団遺伝解析により、ヴィクトリア湖シクリッドが種分化 後において生息範囲の拡大に応じて地域ごとの分集団を形成し、観察されている種内レベ ルでの遺伝的・形態学的多様性を急速に獲得した可能性を示した。

700 以上の種で構成されるヴィクトリア湖シクリッドは、約 14,600 年前の大干ば つ後に水位が再び上昇したヴィクトリア湖に移入した少数の種にその起源を持つ適応放散 を遂げた種グループである(Johnson et al. 2000)。ヴィクトリア湖シクリッドは他の生物種と 比較しても類稀なる種多様性を持つが、一方で種を区別することが難しいとされるほど種 間の遺伝的分化の程度は小さいと考えられてきた(Samonte et al. 2007; Salzburger 2018)。本研 究は形態学的特徴から分類されてきたヴィクトリア湖シクリッドを遺伝的な観点からも種 を区別することができる可能性を示した。また、推定された種間の分岐年代はヴィクトリア 湖の水位上昇の時期と一致していた。これは複数個体を用いる集団遺伝解析がヴィクトリ ア湖シクリッドの進化史の解明に十分有効であることを意味する。さらに、形態における地 理的多様性が確認されている種、H. chilotes では、集団遺伝解析により同一種内においても 生息場所ごとに遺伝的に区別できる分集団が存在し、分集団はそれぞれの生息環境に適応 していた。特筆すべき成果の一つは H. chilotes の分集団間の遺伝的分化の程度がヴィクトリ ア湖シクリッドの種間比較により観察された程度と同等であったことである。特に、同一種 内での分集団間の遺伝的分化の程度が種間の遺伝的分化の程度よりも高い値を示す場合が あることはヴィクトリア湖シクリッドの種分化とその後の生息域拡大が極めて短い間隔で 起こったことを反映していると考えられる。

ヴィクトリア湖シクリッドの適応放散を駆動した遺伝的基盤として、その急速な 種分化より前に獲得され、祖先集団内に維持されてきた遺伝的多様性(SGV)が重要視され てきた(Loh et al. 2013; Brawand et al. 2014; Meier, Marques, et al. 2017; Takuno et al. 2019)。本研 究により、ヴィクトリア湖シクリッドにおいて種間で分化していたアリルを有する 99 個の 遺伝子はそのアリル多様性をマラウィ湖シクリッドやタンガニーカ湖シクリッドの適応放 散の前に既に獲得していたことが分かった。また、同一種内での分集団間比較でも遺伝的に 大きく分化しているアリルを持つ遺伝子を単離したところ、その一部はアリル多様性の起 源がヴィクトリア湖シクリッドより古いことがすでに示されていた遺伝子であった。古く に獲得され、SGV として集団内に維持されてきたアリルがヴィクトリア湖シクリッドの種 分化だけでなく種形成後の集団分化にも重要な役割を持つことは明らかであり、現在も種 分化を駆動していると考えられる。ヴィクトリア湖は今もなお速いテンポで新たな種の創 出と生息環境への適応が進行している「進化の舞台」であり、ヴィクトリア湖シクリッドは 魚類ひいては生物がどのようにして多様化していったのかを理解するための根源的な遺伝 的基盤を残している。今後、ヴィクトリア湖シクリッド研究において、より多くの種や集団 の過去の集団動態を集団遺伝解析により明らかにすること、そしてゲノム比較解析により 種分化に寄与した遺伝子、種形成後の環境適応に寄与した遺伝子の特定と分化アリルの集 団内への固定過程の解明を複合的に進めることが、生物が進化の過程でどのようにして種 多様性を獲得していったのか、進化生物学における難問の解明につながると考えられる。

図表



Fig.1 本研究で用いた3種

本研究で用いた H. chilotes、H. sauvagei、L. rufus の写真。地図上にヴィクトリア湖のムワンザ湾周辺のサンプリングポイント、および採取された種と個体数をマーカーの種類と数で示した。



Fig.2 3種の遺伝的統計量

(a)各種の塩基多様度。同じ塩基多様度を示す領域が多いほどバイオリンプロットの幅は大きくなる。例えば、*H. sauvagei*は他の2種に比べ塩基多様度が低い領域が多い。(b)各種の個体ごとの近交係数。正の値をとるとき、ホモ接合度が高く、負の値をとるとき、ヘテロ接合度が高いことを意味する。



Fig.3 主成分分析 (PCA) 結果

61,461 LD-pruned SNPs をもとにした主成分分析により全個体を遺伝的にクラスタリングした。() 内の数値は全 SNP のうち主成分の説明に用いられた SNP の割合を示す。(a) PC1 と PC2 の結果。(b) PC1 と PC3 の結果。*H. chilotes* に対してのみ個体のサンプリングポイントを明記した。



Fig. 4 ADMIXTURE 解析結果

全体が *K* 個の遺伝的要素から構成されると仮定した場合に、各個体がどのような要素の組み合わせで構成されるのかを最尤法を用いて 61,461 LD-pruned SNPs をもとに推定した。
(a)横軸に個体、縦軸に個体ごとの遺伝的要素の構成比率を示す。(b) *K* の値ごとの error rateの変化を表す。



Fig.5 種間の推定分岐年代

smc++(Terhorst et al. 2017)を用いて、種のペアごとに分岐年代をブートストラップ 100 回で 推定した。突然変異率は 3.5×10⁻⁹ mutations(サイト・世代あたり)を仮定した。緑の三角 は分岐年代の平均を示す。図中の丸は外れ値を示す。全ての試行において、種ごとに 12 ハプロタイプ(6個体)の多型データを用いた。



Fig.6 集団サイズの変動パターン

世代ごとの集団サイズの変化を (a)msmc2(Schiffels and Durbin 2014)および(b)smc++(Terhorst et al. 2017)を用いて推定した。2 つの解析はどちらも長さが 500kb 以上の scaffold のみを用 いた。突然変異率は 3.5×10⁻⁹ mutations (サイト・世代あたり)を仮定した。横軸は現在か らの期間、縦軸は有効集団サイズを表す。青の実線が *H. chilotes*、赤の破線が *H. sauvagei*、緑の点線が *L. rufus* の集団サイズの変動パターンを示す。(a)各試行は種ごとに 2 個体 (4ハプロタイプ) ずつ用いて行なった。(b)全ての試行において、種ごとに 12 ハプ ロタイプ (6 個体)の多型データに対し、ブートストラップ 100 回で smc++を実行した。 smc++を用いて推定された種間の分岐年代の平均を種のペアごとに実線で示した。



Fig.7 ゲノム全体における種間の遺伝的分化のパターン

HWE によるフィルタリングなしの多型データに対し、種のペア間で算出されたゲノム全体の遺伝的分化の程度。1つのプロットは window size = 10kb、step size = 2kb で細分化したゲノム領域ごとに算出された加重平均 F_{ST} を示す。青の実線は F_{ST} の分布における上位0.5%の値を示し、この閾値以上の値を示すゲノム領域を遺伝的に大きく分化している領域(HDR)としてみなした。種のペアとして(a)*H. chilotes – H. sauvagei*、(b) *H. chilotes – L.*

rufus、(c) H. sauvagei – L. rufus を用いた。


Fig. 8 2種類の集団分化の指標で測ったゲノム領域ごとの遺伝的分化の程度 1つのプロットは window size = 10kb、step size = 2kb で細分化したゲノム領域で計算され た遺伝的分化の指標 F_{ST} (横軸)、 d_{XY} (縦軸) を示す。赤色のプロットは遺伝的に大きく 分化している領域 (HDR) とみなしたゲノム領域を示す。種のペアとして(a)H. chilotes – H. sauvagei、(b)H. chilotes – L. rufus、(c)H. sauvagei – L. rufus を用いた。



Fig.9 適応候補遺伝子数

種ペア間で window size = 10kb、step size = 2kb で算出した F_{ST}の分布において上位 0.5%の 値を示す領域(HDR)上またはその 10kb 周辺に位置する適応候補遺伝子数を示す。HC は H. chilotes、HS は H. sauvagei、LR は L. rufus を意味する。例えば、HC-HS では H. chilotes と H. sauvagei 間での HDR 上に位置する適応候補遺伝子数が 188 個単離されたことを示 す。all pairs はその遺伝子領域に全ての種のペア間での HDR を含む遺伝子を示す。





(b) abat遺伝子 (XP_025762502.1 4-aminobutyrate aminotransferase, mitochondrial isoform X1 [Oreochromis niloticus])





(c) asip2b遺伝子 (XP_005476024.1 agouti-related protein-like isoform X1 [Oreochromis niloticus])



(d) ctsl遺伝子 (XP_003453258.1 cathepsin L1 isoform X1 [Oreochromis niloticus])

(e) slitrk6遺伝子 (XP_005450063.1 SLIT and NTRK-like protein 6 [Oreochromis niloticus])



⁽f)微量アミン関連受容体遺伝子TAARs

ENSMZEG00005020407遺伝子 (XP_023009248.1 trace amine-associated receptor 13c-like [Maylandia zebra]) ENSMZEG00005020410遺伝子 (XP_024661068.1 trace amine-associated receptor 13c-like [Maylandia zebra]) ENSMZEG00005020415遺伝子 (XP_023009448.2 trace amine-associated receptor 13c-like [Maylandia zebra])



(g) フィブリノゲン遺伝子

fga (XP_013119750.1 fibrinogen alpha chain [Oreochromis niloticus]) *fgb* (XP_003455581.2 fibrinogen beta chain [Oreochromis niloticus])



(h)TRPM4遺伝子

ENSONIG0000020075 (XP_019218186.1 transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 [Oreochromis niloticus]) *ENSONIG0000020074* (XP_019218187.1 transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 [Oreochromis niloticus])





98 H. sauvagei V 100 H. chilotes V

cds (amino acid)

(i) mucin遺伝子
 ENSONIG00000015606遺伝子 (XP_025764249.1 mucin-5AC-like [Oreochromis niloticus])
 ENSONIG00000034479遺伝子 (XP_019211462.1 mucin-2 [Oreochromis niloticus])

(j) opn1lw1 (LWS) 遺伝子 (XP_003442677.1 red-sensitive opsin [Oreochromis niloticus])



(k) rho (RH1) 遺伝子 (XP_003439053.1 rhodopsin [Oreochromis niloticus])



(l)col6a6遺伝子



cds (amino acid)

H. sauvagei V

*col6a6*_a (XP_019219953.1 collagen alpha-6(VI) chain isoform X1 [Oreochromis niloticus]) *col6a6*_b (XP_019219949.1 collagen alpha-6(VI) chain isoform X1 [Oreochromis niloticus])

Fig. 10 適応候補遺伝子の遺伝的分化

本研究により単離された適応候補遺伝子のうち18個の遺伝子について種ごとのアリル頻 度およびアリル多様性の起源の推定に用いた分子系統樹。アリル頻度図では、横軸に SNP、縦軸に SNP ごとの変異アリル頻度を示している。SNP ごとのアリル頻度は H. sauvagei において多数を占める major allele に対する変異アリル頻度を示す。図の下部には ゲノム上の SNP の位置を三角プロットで表した。遺伝子のエキソン領域は灰色の太線で示 し、非翻訳領域は茶色の太線で示した。分子系統樹において青色で示した4種(種名後にV を追記)はヴィクトリア湖に生息するシクリッドであり、ヴィクトリア湖シクリッドのみで ブートストラップ値 60 以上で単系統とならない遺伝子に関して、SGV 由来の分化アリル を持つ遺伝子であるとみなした。種名後に T を追記した種はタンガニーカ湖シクリッド、 M を追記した種はマラウィ湖シクリッドを表す。各分子系統樹について解析に用いた配列 の種類も記載した。cds (amino acid)はコーディング領域のアミノ酸配列、cds (nucleotide)は コーディング領域の塩基配列、genomic region (nucleotide)はイントロンや非翻訳領域を含め た遺伝子領域の塩基配列を用いたことを意味する。(a)inhbb 遺伝子、(b)abat 遺伝子、 (c)asip2b 遺伝子、(d)ctsl 遺伝子、(e)slitrk6 遺伝子、(f) TAAR 遺伝子3コピー、(g)フィブリ ノゲンをコードする遺伝子である fga 遺伝子および fgb 遺伝子、(h)TRPM4 遺伝子 2 コピ ー、(i) 2 つの mucin 遺伝子、(j) opn11w1(LWS)遺伝子、(k) rho(RH1)遺伝子、(l) 2 つの col6a6 遺伝子。





したアリルを持つ適応候補遺伝子の GO enrichment 解析

単離した適応候補遺伝子を(a)Biological Process と(b)Pathway カテゴリーにおいてどのよう な機能を持つ遺伝子が多いか調べた。それぞれ上位 20 番目までの GO を示した。



Fig. 12 SGV 由来の分化アリルを持つ遺伝子

(a)分子系統解析により分化アリルの起源がヴィクトリア湖シクリッドの適応放散より前に さかのぼるとされた遺伝子の数を示す。(b)分化アリルの起源が古い遺伝子の推定はFsrだ けでなく dxy値が高い領域に存在する遺伝子を優先して行われた。適応候補遺伝子はSGV 由来の分化アリルを持つ遺伝子と new mutation 由来の分化アリルを持つ遺伝子に区別さ れ、それぞれの遺伝子カテゴリーごとに dxyの最大値の分布を比較した。さらに、分布が 有意に異なるかどうかをマン・ホイットニーのU検定により検証し、p<0.001で有意に差 があるとされた比較ペアを**で示した。

				LWS						RH1																					
Species	Sample	Sampling Point	2	6 2	1 3 1	1 3 7	1 6 8	1 7 7	1 7 9	1 9 1	2 1 6	2 2 2	2 2 6	2 2 7	2 3 0	2 7 5	2 8 2	3 1 7	Alleles	3	4		9	1 0 4	1 5 8	2 1 3	2 1 7	2 6 3	2 6 9	2 9 8	Alleles
	HC01	Nyegezi	А	V	S	Α	А	Α	V	Y	Y	L	Ι	F	А	С	Т	Ι	Н	S	C	: '	νv	//I	G	L	Т	Ι	Α	Α	r104V / r104I
	HC02	Chamagati Island																	Н												r104V
H chilotes	HC03	Makobe Island							÷		F				Т	Ι			Р					I							r104I
	HC04	Kilimo Island							÷										Н				. \	//I							r104V / r104I
	HC05	Chamagati Island							÷										Н				. \	//I							r104V / r104I
	HC06	Chamagati Island																	Н				. \	//I							r104V / r104I
	HS07	Bwiru Peninsula							÷										Н					I							r104I
	HS08	Nyegezi																	Н					I							r104I
H sauvagai	HS09	Chamagati Island																	Н												r104V
11. suuvugei	HS10	Chamagati Island																	Н					I							r104I
	HS11	Chamagati Island																	Н				. \	//I							r104V / r104I
	HS12	Chamagati Island																	Н					Ι							r104I
	LR13	Nyaruwambu	V	Ι		G	G	s	F	F		Ι		Ι	s			V	new	N				I		L/S					new
	LR14	Nyaruwambu	V	Ι		G	G	S	F	F		Ι		Ι	S			V	new	N				I		S					new
I metric	LR15	Nyegezi	V	Ι		G	G	s	F	F		Ι		Ι	s			V	new	N				I		S					new
L. rujus	LR16	Kilimo Island	V	Ι		G	G	s	F	F		Ι		Ι	s			V	new	N				I		S					new
	LR17	Kilimo Island	V	Ι		G	G	S	F	F		Ι		Ι	S			V	new	Ν				I		S					new
	LR18	Nyaruwambu	V	V/I		A/G	A/G	A/S	V/F	Y/F		L/I	÷	F/I	S/T	C/I	·	I/V	new	Ν			-	I	-	s	·	÷		÷	new

Fig. 13 LWS 遺伝子と RH1 遺伝子の分化アリル

視覚関連遺伝子である LWS 遺伝子と RH1 遺伝子の個体ごとのアリルのアミノ酸配列。"Alleles"は Terai et al. (2017)で記されているアリルタイプ名を記載し、ヴィクトリア湖 シクリッドで報告されていないアリルに関しては new とした。



Fig. 14 広範な魚類における col6a6 遺伝子の分子系統樹

SGV 由来の長い分化アリルを持つ col6a6_a 遺伝子および col6a6_b 遺伝子において、これら が魚類の進化過程においていつ獲得されたかどうか調べるために、軟骨魚類以降の広範な 魚類 26 種の col6a6 遺伝子のアミノ酸配列から RAxML(Stamatakis 2014)を用いてブートスト ラップ 1,000 回で分子系統推定を行なった。分子系統樹から同じ遺伝的クラスターに属する と考えられる硬骨魚類以降の col6a6 遺伝子に関しては便宜上 a、b、c1、c2、d1、d2 の6 種 類に分けた。軟骨魚類との分岐後、col6a6 遺伝子は遺伝子重複により d1 と d2 の 2 コピー を獲得し、さらに d1 から遺伝子重複・欠失を繰り返しながら、骨鰾上目では c1、c2、側棘 鰭上目および棘鰭上目では a、b を獲得したと推定される。

Haplochromis chilot	tes				Haplochromis sauve	agei				Lithochromis rufus				
Photo	Individual Name	Locality	Bottom Substrate	Average Mapping Coverage	Photo	Individual Name	Locality	Bottom Substrate	Average Mapping Coverage	Photo	Individual Name	Locality	Bottom Substrate	Average Mapping Coverage
	HC01	Nyegezi	Rock	27.7		HS07	Bwiru Peninsula	Rock	19.2		LR13	Nyaruwambu	Vegetation	21.9
	HC02	Chamagati Island	Rock	29.4		HS08	Nyegezi	Rock	23.8		LR14	Nyaruwambu	Vegetation	22.5
	HC03	Makobe Island	Rock	20		HS09	Chamagati Island	Rock	20.9		LR15	Nyegezi	Rock	21.4
STORE .	HC04	Kilimo Island	Rock	26.6		HS10	Chamagati Island	Rock	23.6		LR16	Kilimo Island	Rock	23.1
	HC05	Chamagati Island	Rock	30.8		HS11	Chamagati Island	Rock	24.4		LR17	Kilimo Island	Rock	22.9
	HC06	Chamagati Island	Rock	21.6		HS12	Chamagati Island	Rock	21.1		LR18	Nyaruwambu	Vegetation	23

Table 1 解析に用いた 3 種各 6 個体の情報

第2章のゲノム解析に用いたヴィクトリア湖シクリッド3種各6個体の個体データ。全ての個体について写真および解析時の名前、サンプ リングポイント、生息環境、算出されたマッピングカバレッジの平均を記載した。

Table 2 分出のしたのを読み探索に用いた文を記録語更にに用いたアセ、

種名	生息地	アセンブリ配列名	アセンブリ配列のN50	発表論文
Oreochromis niloticus	東アフリカの河川	Orenil1.0	2,802,423	Brawand et al. (2014)
Neolamprologus brichardi	タンガニーカ湖	NeoBri1.0	4,430,025	Brawand et al. (2014)
Haplochromis burtoni	タンガニーカ湖の周辺河川	AstBur1.0	1,194,190	Brawand et al. (2014)
Astatotilapia calliptera	マラウィ湖	fAstCal1.2	38,669,361	Malinsky et al. (2018)
Maylandia zebra	マラウィ湖	M_zebra_UMD2a	32,660,920	Brawand et al. (2014)
Haplochromis sauvagei	ヴィクトリア湖	Hsau_1.0	1,207,037	Nakamura et al. (2021)、本論文第 2 章
Pundamilia nyererei	ヴィクトリア湖	PunNye1.0	2,525,540	Brawand et al. (2014)
Haplochromis chilotes	ヴィクトリア湖	Hchi_1.0	1,540,223	Nakamura et al. (2021)、本論文第 2 章
Lithochromis rufus	ヴィクトリア湖	Lruf_1.0	1,164,211	Nakamura et al. (2021)、本論文第 2 章

適応候補遺伝子が持つ分化アリルの起源の推定に用いた東アフリカンシクリッド9種のアセンブリ配列データ。種名に加え、生息地やアセン ブリ配列情報および発表された論文について記載した。

Table 3 SGV 由来の分化アリルを持つ遺伝子リスト

NCBI name	Ensembl name	Differentiated type	Allele Origin
XP_014264615.2 canalicular multispecific organic anion transporter 1 [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005000431	chilotes specific	hefore LT
XP_014266774_1_cytochrome_P450_2K1_[Maylandia zebra]	ENSMZEG00005012708	chilotes_specific	before LT
XP 019209781.1 low affinity immunoglobulin gamma Ec region receptor II isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000009609	chilotes specific	before LT
XP 003453258.1 cathepsin L1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ctsl.1 (1 of many)	HC-HS	before LT
XP 023008116.2 interferon-induced protein 44-like isoform X1 [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005008301	HC-HS	before LT
XP 025756607.1 immunoglobulin lambda-1 light chain isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENSMZEG00005011534	HC-HS	before LT
XP_024660446.1 B-cadherin [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005018585	HC-HS	before LT
XP 024654935.1 uncharacterized protein LOC101476923 [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005020390	HC-HS	before LT
XP 019218186.1 transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000020075	HC-HS	before LT
XP 019219953.1 collagen alpha-6(VI) chain isoform X1 [Oreochromis niloticus]	COL6A6 a	HC-LR	before LT
XP_024659051.1 intestinal mucin-like protein [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005001611	HC-LR	before LT
XP 004556710.1 5-hydroxytryptamine receptor 3A isoform X1 [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005004322	HC-LR	before LT
XP 012774329.1 claudin-4-like [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005024782	HC-LR	before LT
XP 025760617.1 deleted in malignant brain tumors 1 protein-like [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000000324	HC-LR	before LT
XP 013130919.2 uncharacterized protein LOC102080461 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000037893	HC-LR	before LT
XP 003459761.2 lysosome-associated membrane glycoprotein 2 [Oreochromis niloticus]	si:ch211-212k18.7	HC-LR	before LT
XP 019208588.1 poly [ADP-ribose] polymerase 14 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	si:ch211-219a4.3	HS-LR	before LT
XP 003450323.1 dynactin subunit 3 [Oreochromis niloticus]	dctn3	rufus specific	before LT
XP 025753024.1 titin-like [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000028760	rufus specific	before LT
XP 019211462.1 mucin-2 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000034479	rufus specific	before LT
XP 024657872.1 E3 ubiquitin/ISG15 ligase TRIM25-like [Maylandia zebra]	ENSONIG00000041810	rufus specific	before LT
XP 005466907.1 general transcription factor IIF subunit 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	gtf2f2a	rufus specific	before LT
XP 024658101.1 transmembrane protease serine 9 [Maylandia zebra]	zgc:100868	rufus specific	before LT
XP 019207152.1 interferon-induced protein 44 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000013227	sauvagei specific	before LT
XP 025765652.1 phytanoyl-CoA hydroxylase-interacting protein-like isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG00000019102	sauvagei specific	before LT
XP 005475210.1 contactin-associated protein-like 5 [Oreochromis niloticus]	cntnap5a	HC-HS	before LT
XP 005474838.1 protein PROCA1 [Oreochromis niloticus]	procal	HS-LR	before LT
XP 003441540.1 microspherule protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	mcrs 1	sauvagei specific	before LT
XP 025764249.1 mucin-5AC-like [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000015606	chilotes specific	before LM
XP 003455098.2 arrestin domain-containing protein 1 [Oreochromis niloticus]	arrdc1a	HC-LR	before LM
XP 014264957.2 C-type lectin domain family 4 member G-like [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005009464	HC-LR	before LM
XP 013119752.1 toll-like receptor 2 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000014114	HS-LR	before LM
XP 005472754.2 FK506-binding protein 4 [Oreochromis niloticus]	zgc:174935	HS-LR	before LM
XP 004569146.1 dnaJ homolog subfamily A member 3, mitochondrial [Maylandia zebra]	dnaja3b	chilotes specific	before LM
XP 019204193.1 calcium/calmodulin-dependent protein kinase type II delta 1 chain isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENSMZEG00005024927	chilotes specific	before LM
XP 003454799.1 complement C1q tumor necrosis factor-related protein 3 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000007831	HC-HS	before LM
XP 012772379.1 vitamin D 25-hydroxylase [Maylandia zebra]	cyp2r1	HC-LR	before LM
XP 003452751.1 CD209 antigen-like protein E [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000006977	HC-LR	before LM
XP_019208668.1 succinatehydroxymethylglutarate CoA-transferase isoform X1 [Oreochromis niloticus]	sugct	HC-LR	before LM
XP_004550244.1 claudin-4 [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005024780	HS-LR	before LM
XP_024659284.1 ras-related protein Rab-26 [Maylandia zebra]	ENSONIG00000019635	HS-LR	before LM
XP_005456145.1 platelet endothelial aggregation receptor 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	pearl	HS-LR	before LM
XP_005449550.3 homeobox protein pnx-like [Oreochromis niloticus]	pnx	sauvagei_specific	before LM
XP_003448945.1 potassium voltage-gated channel subfamily H member 8 [Oreochromis niloticus]	kcnh8	HC-HS	before LM
XP_019207464.1 aryl hydrocarbon receptor isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG00000041277	HC-LR	before LM
XP_004568754.1 protein Lines homolog 1 [Maylandia zebra]	lins1	HS-LR	before LM
XP_024654919.1 adhesion G protein-coupled receptor F4-like [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005020101	chilotes_specific	before HB
XP_014266397.2 uncharacterized protein LOC106675719 [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005020305	chilotes_specific	before HB
XP_004550586.1 sodium/bile acid cotransporter [Maylandia zebra]	slc10a1 (1 of many)	chilotes_specific	before HB
XP_024658389.1 alpha-1,3-galactosyltransferase 2 isoform X1 [Maylandia zebra]	A3GALT2	HC-HS	before HB
XP_023009658.2 uncharacterized protein LOC101476357 [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005020436	HC-HS	before HB
XP_019218187.1 transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000020074	HC-HS	before HB
XP_014265601.1 C-C chemokine receptor type 6-like [Maylandia zebra]	ccr6b (1 of many)	HC-LR	before HB
XP_019201035.1 leukotriene B4 receptor 1-like [Oreochromis niloticus]	ENSMZEG00005014651	HC-LR	before HB
XP_012779965.3 poly [ADP-ribose] polymerase 14 [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005021082	HC-LR	before HB
XP_025757175.1 membrane cofactor protein isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENSMZEG00005022254	HC-LR	before HB
XP_019211762.1 uncharacterized protein LOC100710538 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000013388	HC-LR	before HB
XP_012776049.1 leucine-rich repeat-containing protein 59 isoform X1 [Maylandia zebra]	lrrc59	HC-LR	before HB
XP_019209684.1 LOW QUALITY PROTEIN: solute carrier family 12 member 3 [Oreochromis niloticus]	slc12a10.1	HC-LR	before HB
XP_005477412.1 ankyrin repeat domain-containing protein 66 [Oreochromis niloticus]	ANKRD66	HS-LR	before HB
XP_003438954.1 CD63 antigen [Oreochromis niloticus]	cd63	HS-LR	before HB
XP_014268336.2 TRPM8 channel-associated factor homolog [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005005638	HS-LR	before HB
XP_024660658.1 TRPM8 channel-associated factor homolog [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005005677	HS-LR	before HB
XP_013130508.1 C-type lectin domain family 12 member B isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000002260	HS-LR	before HB
XP_005454335.1 cadherin-related family member 5-like isoform X1 [Oreochromis niloticus]	cdhr5b	rufus_specific	before HB
XP_019219949.1 collagen alpha-6(VI) chain isoform X1 [Oreochromis niloticus]	COL6A6_b	rufus_specific	before HB
XP_024661068.1 trace amine-associated receptor 13c-like [Maylandia zebra]	ENSMZEG00005020410	rufus_specific	before HB
XP_013130765.1 solute carrier family 22 member 4 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000006894	rufus_specific	before HB
XP_013119750.1 fibrinogen alpha chain [Oreochromis niloticus]	fga	rufus_specific	before HB
XP_003455581.2 fibrinogen beta chain [Oreochromis niloticus]	fgb	rufus_specific	before HB
XP_003455534.1 peptidyl-prolyl cis-trans isomerase [Oreochromis niloticus]	ppiab	rufus_specific	before HB
XP_003443845.1 CMP-N-acetylneuraminate-beta-galactosamide-alpha-2,3-sialyltransferase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENSMZEG00005001853	sauvagei_specific	before HB
XP_005456534.1 phospholipid phosphatase-related protein type 4 [Oreochromis niloticus]	plppr4b	sauvagei_specific	before HB
XP_003439924.1 secretory carrier-associated membrane protein 4 [Oreochromis niloticus]	scamp4	HC-LR	before HB
XP_003459235.3 NLR family CARD domain-containing protein 3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000007801	HS-LR	before HB
XP_005476125.1 lysine-specific demethylase 4A isoform X1 [Oreochromis niloticus]	kdm4ab	HS-LR	before HB
XP_004550242.1 methyltransferase-like protein 27 [Maylandia zebra]	mettl27	HS-LR	before HB

NCBI name	Ensembl name	Differentiated type	Allele Origin
XP_005474831.1 uncharacterized protein LOC100697759 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	zgc:174895	HS-LR	before HB
XP_005460205.1 uncharacterized protein LOC100691302 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000013644	rufus_specific	before HB
XP_005476790.1 ATP-sensitive inward rectifier potassium channel 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	KCNJ10	rufus_specific	before HB
XP_005455223.1 cytosolic 5'-nucleotidase 3A isoform X1 [Oreochromis niloticus]	nt5c3a	rufus_specific	before HB
XP_003439146.1 solute carrier family 13 member 3 [Oreochromis niloticus]	slc13a3	rufus_specific	before HB
XP_003449539.1 APOBEC1 complementation factor isoform X1 [Oreochromis niloticus]	alcf	sauvagei_specific	before HB
XP_004568752.1 ceramide synthase 3 [Maylandia zebra]	cers3a	sauvagei_specific	before HB
XP_003441521.1 signal transducer and activator of transcription 1-alpha/beta isoform X1 [Oreochromis niloticus]	stat2	sauvagei_specific	before HB
XP_005454886.2 complement C3 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG00000016456	common	before HB
XP_005474867.1 N-acetyllactosaminide beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 2 [Oreochromis niloticus]	b3gnt2l	HC-HS	before HB
XP_003455104.1 heat shock cognate 71 kDa protein [Oreochromis niloticus]	hspa8b	HC-HS	before HB
XP_005477906.1 UDP-galactose translocator isoform X1 [Oreochromis niloticus]	slc35a2	HC-HS	before HB
XP_003442614.1 E3 ubiquitin-protein ligase CHIP [Oreochromis niloticus]	STUB1	HC-HS	before HB
XP_013128485.2 multidrug and toxin extrusion protein 1 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000003414	HC-LR	before HB
XP_013129827.1 testis-expressed protein 26 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENSONIG0000005507	HC-LR	before HB
XP_025761322.1 uncharacterized protein LOC100692382 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	si:ch73-132f6.5	HC-LR	before HB
XP_003456112.1 WD repeat-containing protein 54 [Oreochromis niloticus]	wdr54	HC-LR	before HB
XP_003451607.1 dnaJ homolog subfamily C member 15 [Oreochromis niloticus]	dnajc15	HS-LR	before HB
XP_003457538.1 2'-deoxynucleoside 5'-phosphate N-hydrolase 1 [Oreochromis niloticus]	dnph1	HS-LR	before HB
XP_005472753.1 uncharacterized protein LOC102081280 [Oreochromis niloticus]	si:dkey-87o1.2	HS-LR	before HB
XP_025761298.1 tripartite motif-containing protein 2 [Oreochromis niloticus]	trim2b	HS-LR	before HB
XP_013129433.1 neutral ceramidase isoform X1 [Oreochromis niloticus]	asah2	sauvagei_specific	before HB

分子系統解析によって推定された分化アリルの起源がヴィクトリア湖シクリッドの適応放 散より前にさかのぼる遺伝子リスト。"NCBI name"は参照配列におけるアノテーションに 用いた NCBI から取得した遺伝子を指し、"Ensembl name"は HDR をクエリとしたホモロジ 一検索により検出された Ensembl に登録されていた遺伝子名を指す。"Differentiated type"は HDR として検出された種ペアを表す。"Allelic Origin"は各遺伝子の分化アリルの起源を示 し、before LT はタンガニーカ湖の Lamprologini 族の分岐前、before HB はタンガニーカ湖 の河川進出した Haplochromini 族の分岐前、before LM はマラウィ湖シクリッドの適応放散 前にその起源を持つことを意味する。



Fig. 15 ムワンザ湾湾内―湾外間のシクリッドの体長比較

シクリッド種のオスの体長をヴィクトリア湖のムワンザ湾を基準に比較した。Welch'st検 定により体長の平均値に有意な差があるか調べた。

(a)						(b)			1	· 💋		
	H. chilotes H. sp. 'short			rt head cl	hilotes'	Juma fsland	Mabibi Island Juma Island nagati Island Nyegezi Kilimo Island ムワンザ湾			ヴィクトリア湖	۰ ۹	
(c)			ムワンサ	げ湾内		ムワンザ湾:	外	unknown				
		Kilimo Island	Nyegezi	Nyameruguyu Island	Bwiru Peninsula	Chamagati/Juma Islands	Makobe Island	Mabibi Island				
	H. chilotes	6	3	1	0	5	6	1	0			
	<i>H.</i> sp. 'short head chilotes'	0	1	0	0	3	0	0	0			
	H. sauvagei	2	3	0	1	4	0	0	1			

Fig. 16 H. chilotes 分集団の集団遺伝解析に用いた個体データ

(a)*H. chilotes、H.* sp. 'short head chilotes'、祖先種である *H. sauvagei* の写真。(b)ヴィクトリ ア湖のサンプリングポイント。(c)サンプリングポイントで採取された個体数。



Fig. 17 マッピングカバレッジ

bwa-mem による *H. chilotes* のアセンブリ配列へのマッピング結果を評価するために samtools のオプション"depth"を用いて個体ごとにサイトごとに reads の貼り付いた数(マ ッピングカバレッジ)を調べた。カバレッジが極めて高い場合は繰り返し配列がマップさ れている可能性が高く、低い場合は精度の悪いリードがマップされていると推測される。 個体ごとの平均値は緑の三角形のプロットで示した。破線は coverage=10 を示す。本解析 では青線に挟まれる範囲のカバレッジが得られた変異のみを個体ごとに抽出した。



Fig. 18 唇の厚いシクリッド2種の主成分分析

肥厚した唇が特徴的な H. chilotes 22 個体(四角プロット)、H. sp. 'short head chilotes' 4 個体 (丸プロット)、およびアウトグループである H. sauvagei 11 個体(三角プロット)から得 られた多型データから遺伝的な個体のクラスタリングを主成分分析により実施した。連鎖 不平衡の関係にない maf 5%以上の条件を満たした 96,148 SNPs を入力データとして用い た。(a)PC1-PC2。(b)PC2-PC3。



Fig. 19 近交係数

H. chilotes 22 個体、H. sp. 'short head chilotes' 4 個体、およびアウトグループである H. sauvagei 11 個体において計算された近交係数。正の値をとるとき、個体のホモ接合度、負の値をとるとき、個体のヘテロ接合度が高いことを示している。負の値をとる個体は遺伝的に離れた個体と最近交雑を経験した可能性がある。



Fig. 20 ADMIXTURE 解析結果

全体が *K* 個の遺伝的要素から構成されると仮定した場合に、各個体がどのような要素の組 み合わせで構成されるのかを最尤法を用いて、*H. chilotes、H.* sp. 'short head chilotes'、*H, sauvagei* からなる多型データから抽出した 96,148 LD-pruned SNPs をもとに推定した。(a)横 軸に個体、縦軸に個体ごとの遺伝的要素の構成比率を示す。(b) *K* の値ごとの error rate の 変化を表す。



Fig. 21 *H. chilotes*、*H.* sp. 'short head chilotes'、*H. sauvagei*の分子系統樹 *H. chilotes*、*H.* sp. 'short head chilotes'、*H. sauvagei*における 86,354 LD-pruned SNPs からな る多型データをもとに raxml-ng(Kozlov et al. 2019)を用いて bootstrap 500 回で分子系統推定 を行なった。



H. sp. 'short head chilotes'

Fig. 22 ヴィクトリア湖シクリッド 81 種 136 個体の分子系統樹

H. chilotes、H. sp. 'short head chilotes'を含むヴィクトリア湖シクリッド 81 種 136 個体から得た多型データに対し、raxml-ng(Kozlov et al. 2019)を用いて bootstrap 500 回で分子系統推定を行なった。多型データは(a)maf 1%条件下で抽出した 18,198 SNPs、(b)maf 5%条件下で抽出した 9,262 SNPs を用いた。bootstrap 値は内部枝の色の違いで表した。(a)では推定された分子系統樹から 81 種をアウトグループを含めた 9 つの遺伝的クレードに分け、それぞれのクレード名を記載した。







Fig. 23 ヴィクトリア湖シクリッド 81 種 136 個体の ADMIXTURE 解析結果

全体が *K* 個の遺伝的要素から構成されると仮定した場合に、各個体がどのような要素の組み合わせで構成されるのかを最尤法を用いて、ヴィクトリア湖シクリッド 81 種 136 個体から得た多型データをもとに推定した。下部の clade 名は Fig. 21a で記載したものに相当する。多型データは(a)、(b)maf 1%条件下で抽出した 31,713 SNPs、(c)、(d)maf 5%条件下で抽出した 9,844 SNPs を用いた。(a)、(c)横軸に個体、縦軸に個体 ごとの遺伝的要素の構成比率。(b)、(d)*K* の値ごとの error rate の変化。





Fig. 24 ABBA-BABA テスト

Dsuite(Malinsky et al. 2021)を用いて Patterson's *D* (Patterson et al. 2012)の値から種・集団間でのアリル共有の程度を調べた。(a)ABBA-BABA テ ストの概念図を示す。アウトグループを含めた4集団(((P1, P2), P3), O)を仮定し、集団分岐の順序と一致しない SNP の数に注目する(Patterson et al. 2012)。P2 と P3 が P1 と P3 に比べてアリルを多く共有するとき、Patterson's *D* は正の値をとり、P1 と P3 が P2 と P3 に比べてアリルを 多く共有するとき、Patterson's *D* は負の値をとる。(b), (c)Patterson's *D* の計算結果。縦軸に P1 と P2 の組み合わせを示し、横軸に P3 に割り当 てた種を示している。P1 および P2 における Hchi は *H. chilotes*、HsC は *H.* sp. 'short head chilotes'を意味する。アウトグループとして(b)タン ガニーカ湖シクリッド *H. burtoni*、(c)ヴィクトリア湖の祖先系統の一つであるコンゴ水系シクリッド *A. stappersii* を選択した。



Fig. 25 *H. chilotes* および *H.* sp. 'short head chilotes'に近縁な 19 種 53 個体の主成分分析 ヴィクトリア湖シクリッド 19 種 53 個体から得られた maf 2%の条件を満たす 74,669 LDpruned SNPs による PCA の結果。マーカーの違いは種の違いを表し、色の違いはサンプリン グポイントの違いを表す。(a)PC1-PC2。(b)PC2-PC3。(c)PC3-PC4。

		U ammagai	H sp 'short head childres'		H. chilotes	
		11. suuvugei	11. sp. short head enhotes	Chamagati-Juma集団	Makobe集団	ムワンザ湾内集団
	H. sauvagei	0.0007396				
	H. sp. 'short head chilotes'	0.22394	0.0007288			
otes	Chamagati-Juma集団	0.25249	0.11101	0.0009164		
hill	Makobe集団	0.26159	0.13628	0.10103	0.0008519	
Н. с	ムワンザ湾内集団	0.26962	0.15208	0.12612	0.13094	0.0008712

Fig. 26 *H. chilotes*、*H.* sp. 'short head chilotes'、*H. sauvagei*の遺伝的統計量 *H. sauvagei*、*H.* sp. 'short head chilotes'、および*H. chilotes*の3つの分集団ごとに計算された
塩基多様度πの10kb あたりの平均値(網掛け)、および種・分集団間でのゲノムワイド*F*_{ST}の加重平均を示した。





smc++(Terhorst et al. 2017)を用いてブートストラップ 100 回で推定された *H. sauvagei、H.* sp. 'short head chilotes'、*H. chilotes* の集団史。突然変異率は Malinsky et al. (2018)で報告され た 3.5×10^{-9} mutations (サイト・世代あたり)を仮定し、世代時間は2年を仮定した。(a) 種・集団間の推定分岐年代。HS は *H. sauvagei*、Hchi は *H. chilotes*、HsC は *H.* sp. 'short head chilotes'を示す。灰色の箱ひげ図は *H. sauvagei* の種分岐年代、緑色の箱ひげ図は *H.* sp. 'short head chilotes' *と H. chilotes* の分岐年代、ピンク色または青色の箱ひげ図は *H. chilotes* の分集団間の分岐年代を示す。破線はヴィクトリア湖が干上がったとされる 14,600 年前を 指す。(b)、(c)種・集団ごとの集団サイズの変動パターン。横軸に現在からの時間、縦軸に 有効集団サイズを示す。網掛けされている年代は(a)で推定された分岐年代(四分位範囲) であり、右から *H. sauvagei* が 2 種と分岐した時期、*H.* sp. 'short head chilotes' *と H. chilotes* が分岐した時期、*H. chilotes* の分集団形成が起こった時期を示す。破線はヴィクトリア湖 が干上がったとされる 14,600 年前を指す。(b)は *H. sauvagei*、*H.* sp. 'short head chilotes'の結 果、(c)は *H. chilotes* の分集団の結果である。



Fig. 28 ゲノム全体における分集団間の遺伝的分化のパターン

H. chilotes の分集団のペア間で算出されたゲノム全体の遺伝的分化の程度。1つのプロットは window size = 10kb、step size = 2kb で細分化したゲノム領域ごとに算出された加重平均 F_{ST}を示す。青の実線は F_{ST}の分布における上位 0.5%の値を示し、この閾値以上の値を示すゲノム領域を遺伝的に大きく分化している領域(HDR)としてみなした。分集団のペアとして(a)ムワンザ湾内集団 – Makobe 集団、(b)ムワンザ湾内集団 – Chamagati-Juma 集団、(c)Makobe 集団 – Chamagati-Juma 集団、(d)ムワンザ湾内集団 – ムワンザ湾外集団(Makobe 集団、Chamagati-Juma 集団および Mabibi 個体)を用いた。



Fig. 29 H. chilotes の分集団における適応候補遺伝子数

ゲノム全体の上位1%の Population Branch Statistic (PBS)値(Yi et al. 2010)を示す HDR 上に位置する適応候補遺伝子数。左のマーカーの有無は自然選択が働いている集団かどうかを示し、マーカーの形状の違いは自然選択を受けているアリルの違いを表す。

ムワンザ湾内集団



(b)

Makobe集団

Biological Process	Disease	Phenotype
トランスシナプスシグナル伝達の制御	大腸腫瘍	原始反射
化学的シナプス伝達	筋萎縮症	眼球振盪
膜電位の調節	多嚢胞性卵巣の肥大化	眼瞼浮腫
神経伝達物質の輸送	骨粗鬆症	眠気
認知	全身性骨粗鬆症	失語症
シグナル伝達経路の円滑化	先天性副腎過形成症	短い顎
シナプス機構	言語発達障害	長い人中
神経伝達物質レベル調節	全身性多毛症	乱視
シグナル放出	末梢性感覚運動神経障害	蜂窩織炎
生物間相互作用	加齢黄斑変性症	生殖器(女性)の形成
カルシウムイオン制御型エキソサイトーシス	感覚神経障害	未萌出歯
光刺激に対する感覚認知	リンパ管閉塞	発声失語症
中性脂質代謝過程	思春期前後のリンパ浮腫の発症	中等度の知的障がい
樹状突起の発達	短管骨	手首の屈曲拘縮
タンパク質複合体形成の制御	欠神てんかん	頭蓋顔面ジストニア
0 2 4 6 8 -log(<i>p</i> -value)	0 1 2 3 4 5 -log(<i>p</i> -value)	— 0 1 2 3 4 5 6 7 -log(<i>p</i> -value)

104

(a)

(c)

Chamagati-Juma集団



(d)

2集団以上



Fig. 30 GO enrichment 解析

PBS 解析により自然選択が働いている分集団が特定された遺伝子について、どのような機能を持っている遺伝子が多いか調べるために、WebGestalt(Liao et al. 2019)を用いた GO enrichment 解析を行なった。(a)ムワンザ湾内集団、(b)Makobe 集団、(c)Chamagati-Juma 集団、(d) 2 集団以上で自然選択を受けた遺伝子セットに対する結果。




を三角プロットで表した。遺伝子のエキソン領域は灰色の太線で示し、非翻訳領域は茶色の太線で示した。(a)Makobe 集団での自然選択の痕跡が検出された LWS 遺伝子。 (b)Chamagati-Juma 集団およびムワンザ湾内集団での自然選択の痕跡が検出された *trpm4* 遺伝子。

	f-LD	in di D	0.04		Laba	
Astatetilapia hurtoni	Abur	Abur02	SRA SPD7662352	Weber et al. (2021)	Lake	Kalambol
Astatolilapia burtoni	Abur	Abur02	SRR/002352 SPD7662353	Weber et al. (2021) Weber et al. (2021)	Tanganyika	Kalambol
Astatotilapia burtoni	Abur	Abur04	SPR7662354	Weber et al. (2021) Weber et al. (2021)	Tanganyika	Kalambol
Astatotilania sp. 'nubila rocks'	Anub	Apub01	SRR12700885	McGee et al. (2021)	Victoria	unknown
Astatotilapia stannersii	Asta	Asta02	SRR7662382	Weber et al. (2021)	RusiziR	RusiziR
Astatotilapia stappersii	Asta	Asta03	SRR7662383	Weber et al. (2021)	RusiziR	RusiziR
Astatotilapia stappersii	Asta	Asta04	SRR7662384	Weber et al. (2021)	RusiziR	RusiziR
Astatotilania stannersii	Aeta	Asta05	SRR7662385	Weber et al. (2021)	RusiziR	RusiziR
Astatotilapia stappersii	Asta	Asta06	SBB7662363	Weber et al. (2021)	RusiziR	RusiziR
Astatotilapia stappersii	Asta	Asta07	SRR7662368	Weber et al. (2021)	RusiziR	RusiziR
Haplochromis velifer	Avel	Avel01	SRR12700827	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Enterochromis cinctus	Ecin	Ecin01	SRR12700873	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis bicolor	Hhic	Hbic01	SBR12700833	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis cavifrons	Hcay	Hcav01	SBR12700911	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Harpagochromis sp. 'checkmate'	Hche	Hche01	SRR2886828	McGee et al. (2016)	Victoria	unknown
Haplochromis chilotes	Hchi	HC01	DRR283430, DRR283460, DRR283461	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Nyegezi
Haplochromis chilotes	Hchi	HC02	DBR283431 DBR283462 DBR283463	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Chamagati Island
Haplochromis chilotes	Hchi	HC03	DBR283432 DBR283462 DBR283463	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Makobe Island
Haplochromis chilotes	Hchi	HC04	DBR283433 DBR283466 DBR283467	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Kilimo Island
Haplochromis chilotes	Hchi	HC05	DBR283434 DBR283468 DBR283469	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Chamagati Island
Haplochromis chilotes	Hchi	HC06	DBR283435 DBR283470 DBR283471	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Chamagati Island
Haplochromis chilotos	Hohi	LIC10	新祖治学	新用油中	Victoria	Kilimo Island
		11013	利观次足	利祝庆庄	VICIONA	
Hapiochromis chilotes	HCNI	HC20	新規決定	新規決定	victoria	Kilimo Island
Haplochromis chilotes	Hchi	HC21	新規決定	新規決定	Victoria	Kilimo Island
Haplochromis chilotes	Hchi	HC22	新規決定	新規決定	Victoria	Nyegezi
Haplochromis chilotes	Hchi	HC33	新規決定	新規決定	Victoria	Juma Island
Haplochromis chilotes	Hchi	HC34	新想決定	新想決定	Victoria	Nyegezi
Haplochromis chilotes	Hchi	HC35	新相決定	新相決定	Victoria	Nyegezi
	LI-F:	11000	新規決定	机机火定	Victoria	Killer a Jalan d
Hapiochromis chilotes	HCNI	HC36	新規決定	新規決定	victoria	Kilimo Island
Haplochromis chilotes	Hchi	HC37	新規決定	新規決定	Victoria	Juma Island
Haplochromis chilotes	Hchi	HC38	新規決定	新規決定	Victoria	Juma Island
Haplochromis chilotes	Hchi	HC39	新規決定	新規決定	Victoria	Nyameruguyu Island
Haplochromis chilotes	Hchi	HC40	新規決定	新規決定	Victoria	Makobe Island
Haplochromis chilotes	Hchi	HC41	新相決定	新相決定	Victoria	Makobe Island
Haplashramia shilataa	Hohi	ПС42	新規次定	新規決定	Viotoria	Makeba laland
Haplochionis chilotes		HC42	新 規次走 	新 規 沃 止	Victoria	Makobe Island
Haplochromis chilotes	HCNI	HC43	新規决定	新規决定	Victoria	Makobe Island
Haplochromis chilotes	Hchi	HC44	新規決定	新規決定	Victoria	Mabibi Island
Haplochromis chilotes	Hchi	Hchi02	SRR12700909	McGee et al. (2020)	Victoria	Makobe Island
Haplochromis crassilabris	Hcra	Hcra01	SRR12700864	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis cyaneus	Hcya	Hcya01	SRR12700818	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis sp. 'deepwater rock sheller'	Hdrs	Hdrs01	SRR12700862	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis sp. 'deepwater giant'	Hdwg	Hdwg01	SRR12700852	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis fischeri	Hfis	Hfis01	SRR12700834	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis hiatus	Hhia	Hhia01	SRR12700810	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis howesi	Hhow	Hhow01	SRR12700899	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis iris	Hiri	Hiri01	SRR12700811	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis ishmaeli	Hish	Hish02	SRR12700817	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis microdon	Hmid	Hmic49	新規決定	新規決定	Victoria	Bwiru Bay
Haplochromis microdon	Hmid	Hmic50	新規決定	新規決定	Victoria	unknown
Haplochromis microdon	Hmid	Hmic51	新規決定	新規決定	Victoria	Kilimo Island
Haplochromis sp. 'odd upper'	Hodd	Hodd01	SRR12700842	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Harpagochromis sp. 'orange rock hunter'	Hora	Hora02	SRR12700821	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis plagiodon	Hpla	Hpla01	SRR12700884	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis sp. 'purple vellow'	Hpur	Hpur01	SRR12700881	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis sauvagei	Hsau	HS07	DRR283436, DRR283472, DRR283473	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Bwiru Peninsula
Haplochromis sauvagei	Hsau	HS08	DRR283437, DRR283474, DRR283475	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Kilimo Island
Haplochromis sauvagei	Hsau	HS09	DRR283438, DRR283476, DRR283477	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Chamagati Island
Haplochromis sauvagei	Hsau	HS10	DRR283439, DRR283478, DRR283479	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Chamagati Island
Haplochromis sauvagei	Hsau	HS11	DRR283440, DRR283480, DRR283481	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Chamagati Island
Haplochromis sauvagei	Hsau	HS12	DRR283441, DRR283482, DRR283483	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Chamagati Island
Haplochromis sauvagei	Hsau	HS29	新想決定	新規決定	Victoria	Nvegezi
Haplochromis sauvagei	Hsau	HS30	新規決定	新想決定	Victoria	Nvegezi
Haplashramia sauvagai	Heau	LIC01	新規次定	新規決定	Viotoria	Kilima Jaland
	11500	11001	利加水化	机成次化	VICTORIA	Kilima Jala
riapiochromis sauvagei	Hsau	H532	新規 次 定	新規决定	victoria	Kilimo Island
Haplochromis sauvagei	Hsau	Hsau02	SKR12700891	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis sp. 'short head chilotes'	HsC	HsC45	新規決定	新規決定	Victoria	Chamagati Island
Haplochromis sp. 'short head chilotes'	HsC	HsC46	新規決定	新規決定	Victoria	Nyegezi
Haplochromis sp. 'short head chilotes'	HsC	HsC47	新規決定	新規決定	Victoria	Chamagati Island
Haplochromis sp. 'short head chilotes'	HsC	HsC48	新規決定	新規決定	Victoria	Chamagati Island
Haplochromis tanaos	Htan	Htan01	SRR12700846	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis sp. 'thickskin'	Hthi	Hthi01	SRR12700847	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis vonlinnei	Hvon	Hvon01	SRR12700890	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Lipochromis cryptodon	Lcrv	Lcrv01	SRR12700850	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Lipochromis melanopterus	Lmel	Lmel01	SRR12700858	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown

Lithochromis sp. 'orange'	Lora	Lora01	SRR12700859	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis parvidens	Lpar	Lpar01	SRR12700877	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Lithochromis sp. "pseudoblue"	Lpse	Lpse01	SRR12700857	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Lithochromis rubripinnis	Lrub	Lrub01	SRR12700845	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Lithochromis rufus	Lruf	LR13	DRR283442, DRR283484, DRR283485	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Nyaruwambu
Lithochromis rufus	Lruf	LR14	DRR283443, DRR283486, DRR283487	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Nyaruwambu
Lithochromis rufus	Lruf	LR15	DRR283444, DRR283488, DRR283489	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Nyegezi
Lithochromis rufus	Lruf	LR16	DRR283445, DRR283490, DRR283491	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Kilimo Island
Lithochromis rufus	Lruf	LR17	DRR283446, DRR283492, DRR283493	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Kilimo Island
Lithochromis rufus	Lruf	LR18	DRR283447, DRR283494, DRR283495	Nakamura et al. (2021)	Victoria	Nyaruwambu
Lithochromis sp. "scraper"	Lscr	Lscr01	SRR12700892	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis sp. 'stone'	Lsto	Lsto01	SRR12700856	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Lipochromis sp. veivet black cryptodon	Lvei	LVeIU1	SRR12700812	McGee et al. (2020)	victoria	unknown
Lithochromis xanthopteryx	Lxan	Lxan01	SRR12700843	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Litnochromis sp. "yellow chin"	Lyec	Lyecu'i	SRR12700894	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Hoploobromio on 'rod oorn'	Mrod	Mrod01	SRR12700029 SPD12700001	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Needbromin signe	Maia	Maia01	SRR12700901	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Neochromis sp. 'long black'	Nlon	Nlop01	SPR12700826	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Neochromis omnicaeruleus	Nomn	Nomp01	SPR12700813	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Neochromis rufocaudalis	Nruf	Nruf01	SRR12700904	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Pundamilia sp. 'all red'	Pall	Pall01	SRR12700824	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Hanlochromis argontous	Para	Para01	SPR12700878	McGeo et al. (2020)	Victoria	unknown
Pundamilia azurea	Pazu	Pazu01	SRR12700902	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Paralabidochromis sp. "blue beadlei"	Phhe	Phhe01	SRR12700828	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Paralabidochromis sp. "blue biter"	Phhi	Phbi01	SRR12700865	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Pundamilia sp. 'big blue red'	Phia	Phia01	SBB12700819	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Pundamilia sp. 'blue giant'	Pblu	Pblu01	SRR12700860	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis chromogynos	Pchr	Pchr01	SRR12700882	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis sp. 'dwarf dentax'	Pdwa	Pdwa01	SRR12700896	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis flavipinnis	Pfla	Pfla01	SRR12700874	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis flavus	Pfla	Pfla02	SRR12700831	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis gowersii	Pgow	Pgow01	SRR12700875	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Pundamilia igneopinnis	Pign	Pign01	SRR12700820	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Pundamilia sp. 'large red deepwater'	Plar	Plar01	SRR12700898	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Pundamilia macrocephala	Pmac	Pmac01	SRR12700854	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Pundamilia nyererei	Pnye	Pnye02	SRR4169625	Meier et al. (2017)	Victoria	Makobe Island
Pundamilia nyererei	Pnye	Pnye03	SRR4169623	Meier et al. (2017)	Victoria	Makobe Island
Pundamilia nyererei	Pnye	Pnye04	SRR4169622	Meier et al. (2017)	Victoria	Makobe Island
Pundamilia nyererei	Pnye	Pnye05	SRR4169621	Meier et al. (2017)	Victoria	Makobe Island
Pundamilia nyererei	Pnye	Pnye06	SRR12700883	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Pundamilia sp. "nyererei-like"	Pnyel	Pnyel01	SRR4169632	Meier et al. (2017)	Victoria	Python Island
Pundamilia sp. "nyererei-like"	Pnyel	Pnyel02	SRR4169631	Meier et al. (2017)	Victoria	Python Island
Pundamilia sp. "nyererei-like"	Pnyel	Pnyel03	SRR4169626	Meier et al. (2017)	Victoria	Python Island
Pundamilia sp. "nyererei-like"	Pnyel	Pnyel04	SRR4169620	Meier et al. (2017)	Victoria	Python Island
Paralabidochromis sp. "orange anal picker"	Poap	Poap01	SRR12700825	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Pundamilia sp. 'orange'	Pora	Pora01	SRR12700841	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Pyxichromis orthostoma	Port	Port01	SRR12700872	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis perrieri	Pper	Pper01	SRR12700861	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Pundamilia sp. 'pink anal'	Ppin	Ppin01	SRR12700893	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Pundamilia pundamilia	Ppun	Ppun01	SRR4169633	Meier et al. (2017)	Victoria	Makobe Island
Pundamilia pundamilia	Ppun	Ppun02	SRR4169619	Meier et al. (2017)	Victoria	Makobe Island
Pundamilia pundamilia	Ppun	Ppun03	SRR4169618	Meier et al. (2017)	Victoria	Makobe Island
Pundamilia pundamilia Duadamilia auradamilia	Ppun	Ppun04	SRR4169617	Meler et al. (2017)	Victoria	Makobe Island
Pundamila pundamila	Ppun	Ppun05	SRR12700640	Moise et al. (2020)	Victoria	Unknown Duth en Jaland
Pundamilia sp. "pundamilia-like"	Ppuni	Ppuni01	SRR4169630	Meier et al. (2017)	Victoria	Python Island
Pundamilia sp. pundamilia-like	Pount	Ppuni02	SPR4169628	Meier et al. (2017)	Victoria	Python Island
Pundamilia sp. pundamilia-like	Pouni	Ppuni03	SRR4109020 SPD4160627	Moior et al. (2017)	Victoria	Python Island
Paralahidachromis sp. "sky blue picker"	Pebn	Pebp01	SPR12700823	McGoo et al. (2017)	Victoria	upknown
Hanlochromis sp. 'short spout scaper'	Peee	Pese01	SRR12700888	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis sp. short shout scaper	Peun	Psup01	SRR12700895	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis sp. supramaciops	Pyon	Pyen01	SRR12700835	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Pyxichromis sp. 'stripe'	Pvst	Pvst01	SRB12700869	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Xvstichromis sp. 'cherry fin'	Xche	Xche01	SRB12700870	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Xystichromis sp. 'ruby green'	Xrub	Xrub01	SRR12700871	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Haplochromis cf. argens	Yarq	Yarq01	SRR12700837	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Yssichromis fusiformis	Yfus	Yfus01	SRR12700838	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Yssichromis laparogramma	Ylap	Ylap01	SRR12700822	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Yssichromis sp. 'plumbus'	Yplu	Yplu01	SRR12700836	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
Yssichromis pyrrhocephalus	Ypyr	Ypyr01	SRR12700809	McGee et al. (2020)	Victoria	unknown
				· · ·		

第3章のゲノム解析で用いた個体のリスト。"species name"は種名を示す。"fishID" と"indID"はそれぞれ ABBA-BABA テストで示した種の ID、分子系統解析で示した個体の ID と対応している。"SRA"は NCBI データベース(https://blast.ncbi.nlm. nih.gov)に登録され ている生データのアクセッション番号を示し、公開された論文も記載した。サンプリング ポイントに関して、"Lake"に基本的にどの湖で採取されたかを記した。タンガニーカ湖の 流出河川である Rusizi 川に関しては A. stappersii がタンガニーカ湖シクリッド系統に属さないため、RusiziR として記載した。さらに詳細なサンプリングポイントについては、明記されていない個体は unknown として記した。

Table 5 検出された適応候補遺伝子リスト

Mwa (1)	
NCBIに登録されている遺伝子名 XP 019211013.1 scavenger receptor cysteine-rich type 1 protein M130 [Oreochromis niloticus]	ヒトでの遺伝子名 CD163
XP_003440158.1 ras association domain-containing protein 6 [Oreochromis niloticus]	RASSF6
XP_003440172.1 glyoxalase domain-containing protein 4 [Oreochromis niloticus]	GLOD4
XP_003440183.1 dehydrogenase/reductase SDR family member 11 [Oreochromis niloticus]	DHRS11
XP_003440230.2 semierarieonne-protein prospiratase 2X activator [Oreochromis mitoticus] XP 003441765.1 sucrase-isomaltase, intestinal [Oreochromis niloticus]	SI
XP_003441988.1 leucine-rich repeat-containing protein 51 [Oreochromis niloticus]	LRRC51
XP_003442109.1 heparan sulfate glucosamine 3-O-sulfotransferase 2 [Oreochromis niloticus]	HS3ST2
XP_003442444.1 immunoglobulin superfamily DCC subclass member 3 [Oreochromis niloticus]	IGDCC3
XP_0034441061 histone acetvltransferase KAT2B (Oreochromis niloticus)	KAT2B
XP_003444192.1 shugoshin 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SG01
XP_003444541.1 cytoskeleton-associated protein 2-like [Oreochromis niloticus]	CKAP2L
XP_003445395.1 LOW QUALITY PROTEIN: ATP-binding cassette sub-family A member 12 [Oreochromis niloticus]	ABCA12
XP_0034456991 leucine.rich reneat transmembrane neuronal protein 4 [Oreochromis niloticus]	LRRTM4
XP_003445736.1 transcription factor PU.1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SPI1
XP_003445754.1 NEDD8-activating enzyme E1 regulatory subunit isoform X1 [Oreochromis niloticus]	NAE1
XP_003445799.3 putative solute carrier family 22 member 31 [Oreochromis niloticus]	SLC22A31
XP_003445807.1 carbonic anhydrase 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_003446255.2 probable palmitoutransferase 7DHHC14 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CA7
XP_0034470235.2 probable paintidy/italisterase 2DFrite 14 isolomi X1 [Oreochromis inioitcas]	None
XP_003447885.1 mitochondrial antiviral-signaling protein [Oreochromis niloticus]	MAVS
XP_003449459.1 actin, aortic smooth muscle [Oreochromis niloticus]	FBXO28
XP_003449471.1 ankyrin repeat and SOCS box protein 3 [Oreochromis niloticus]	ASB3
XP_003449539.1 APOBECT complementation racion isoform XT [Oreochromis niloticus]	PRMT9
XP_003449759.1 transmembrane protein 184C [Oreochromis niloticus]	TMEM184C
XP_003449804.1 sulfotransferase 4A1 [Oreochromis niloticus]	SULT4A1
XP_003449831.1 carbohydrate sulfotransferase 11 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CHST11
XP_003449859.1 opioid-binding protein/cell adhesion molecule [Oreochromis niloticus]	OPCML
XP_003450870.1 proline rich transmembrane protein 1B [Oreochromis niloticus]	PRRT1
XP_003451162.1 stress-associated endoplasmic reticulum protein 1 [Oreochromis niloticus]	SERP1
XP_003451163.1 beta-enolase [Oreochromis niloticus]	ENO3
XP_003451194.1 C-type natriuretic peptide 2 [Oreochromis niloticus]	None
XP_003453058.2 histone deacetylase 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	HDAC2
XP_003453887.1 dolichyl-diphosphooligosaccharideprotein glycosyltransferase subunit STT3B [Oreochromis niloticus]	STT3B
XP_003454224.1 merlin [Oreochromis niloticus]	NF2
XP_003454226.1 reticulon-4 receptor [Oreochromis niloticus]	RTN4R
XP_003454438.1 src kinase-associated phosphoprotein 2 [Oreochromis niloticus] XP_003454598.1 dual specificity protein phosphatase 7 [Oreochromis niloticus]	SKAP2 DUSR7
XP_003455784.1 tetratricopeptide repeat protein 22 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TTC22
XP_003456060.1 ankyrin repeat domain-containing protein 9 [Oreochromis niloticus]	ANKRD9
XP_003456091.1 regulator of microtubule dynamics protein 3 [Oreochromis niloticus]	RMDN3
XP_003456601.4 peroxisome biogenesis factor 6 [Oreochromis niloticus]	PEX6
XP_003456709.1 sphingolipid delta(4)-desaturase DES1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	DEGS1
XP_003456723.2 F-box only protein 28 [Oreochromis niloticus]	FBXO28
XP_003457057.1 prefoldin subunit 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	PFDN1
XP_003457239.1 EARP-interacting protein isoform X1 [Oreochromis niloticus]	EIPR1
XP_003457/301 olfactory receptor 52N2-like [Oreochromis niloticus]	None
XP_003457731.1 solute carrier organic anion transporter family member 2B1 [Oreochromis niloticus]	SLCO2B1
XP_003457860.1 putative gustatory receptor clone PTE03 [Oreochromis niloticus]	None
XP_003457861.1 glucose 1,6-bisphosphate synthase [Oreochromis niloticus]	PGM2L1
XP_003459862.2 LOW QUALITY PROTEIN: serine/threeonine-protein phosphatase 1 regulatory subunit 10 [Ureochromis niloticus] XP_003460075 11 OW QUALITY PROTEIN: protein AF-9 [Oreochromis niloticus]	MILT3
XP_003460258.1 cyclin-dependent kinase 2-interacting protein [Oreochromis niloticus]	CINP
XP_004543586.1 trace amine-associated receptor 13c-like [Maylandia zebra]	None
XP_004551121.2 sialic acid-binding lg-like lectin 5 [Maylandia zebra]	SIGLEC5
XP_005448847.1 class E basic helix-loop-helix protein 23 [Oreochromis niloticus] XP_005448881.1 olutathione bydrolase 7 [Oreochromis niloticus]	BHLHE23 GGT7
XP_005449872.1 transcription initiation factor IIA subunit 1 [Oreochromis niloticus]	GTF2A1
XP_005449920.2 kinesin-like protein KIF26B isoform X1 [Oreochromis niloticus]	KIF26B
XP_005450905.1 protogenin B isoform X1 [Oreochromis niloticus]	None
XP_005450907.1 DNA-binding protein RFX7 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	RFX7
XP 005451991.1 zinc finger protein 148 [Oreochromis niloticus]	ZNF148
XP_005452445.1 protein angel homolog 2 [Oreochromis niloticus]	ANGEL2
XP_005452695.1 CREB3 regulatory factor isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CREBRF
XP_005453424.1 attractin isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ATRN
AP_vv3434422.2 enuonuclease domain-containing 1 protein [Ureochromis niloticus] XP_005454668 1 fibronectin type III domain-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ENDOUT ENDC1
XP_005454820.1 bifunctional UDP-N-acety/glucosamine 2-epimerase/N-acety/mannosamine kinase isoform X1 [Oreochromis niloticus]	GNE
XP_005457143.2 inactive tyrosine-protein kinase transmembrane receptor ROR1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ROR1
XP_005457166.1 KN motif and ankyrin repeat domain-containing protein 4 [Oreochromis niloticus]	KANK4
XP_005457967.1 E3 UFM1-protein ligase 1 [Oreochromis niloticus]	UFL1
XP_005458710.2 protein FAM83B-like isoform X1 [Oreochromis niloticus]	None
	-

XP_005458729.1 hsp70-Hsp90 organizing protein 2 [Oreochromis niloticus]	HOP2
XP_005460493.1 amphoterin-induced protein 2 [Oreochromis niloticus]	AMIGO2
XP_005461052.1 protein FAM131A isoform X1 [Oreochromis niloticus]	FAM131A
XP_005461382.2 LOW QUALITY PROTEIN: sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 2 [Oreochromis niloticus]	ATP2A2
XP_005461764.1 calsyntenin-2 [Oreochromis niloticus]	CLSTN2
XP_005461958.1 lipid droplet-associated hydrolase [Oreochromis niloticus]	LDAH
XP_005461970.3 LOW QUALITY PROTEIN: dapper homolog 1 [Oreochromis niloticus]	DACT1
XP_005461971.1 galectin-3 [Oreochromis niloticus]	LGALS3
XP_005461975.1 jmjC domain-containing protein 7 [Oreochromis niloticus]	JMJD7
XP_005462575.1 pigment epithelium-derived factor [Oreochromis niloticus]	PEDF
XP_005462576.1 alpha-2-antiplasmin [Oreochromis niloticus]	SERPINF2
XP_005462812.2 inner ear-specific collagen-like [Oreochromis niloticus]	None
XP_005464860.1 dnaJ homolog subfamily C member 5G isoform X1 [Oreochromis niloticus]	DNAJC5G
XP_005464863.1 tripartite motif-containing protein 54 [Oreochromis niloticus]	TRIM54
XP_005465180.1 neuronal acetylcholine receptor subunit alpha-9 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CHRNA9
XP_005465373.1 transmembrane protein 94 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TMEM94
XP_005465379.1 tudor and KH domain-containing protein isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TDRKH
XP_005466267.1 uncharacterized protein LOC102079865 [Oreochromis niloticus]	None
XP_005466975.1 ankyrin repeat domain-containing protein 11 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ANKRD11
XP_005467003.1 zinc transporter ZIP13 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SLC39A13
XP_005467107.1 zinc finger protein 821 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ZNF821
XP_005467113.1 myotubularin-related protein 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	MTMR10
XP_005467115.1 unconventional myosin-le isoform X1 [Oreochromis niloticus]	MYO1E
XP_005467168.1 ammonium transporter Rh type C 2 [Oreochromis niloticus]	None
XP_005467192.1 chromodomain Y-like protein 2 [Oreochromis niloticus]	CDYL2
XP_005468319.2 alanine aminotransferase 2 [Oreochromis niloticus]	GPT2
XP_005468322.1 pituitary adenylate cyclase-activating polypeptide type I receptor [Oreochromis niloticus]	None
XP_005469699.1 immunoglobulin superfamily member 21 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	IGSF21
XP_005471546.1 dihydropyrimidinase-related protein 2 [Oreochromis niloticus]	DPYSL2
XP_005471597.1 SUN domain-containing protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SUN2
XP_005471642.1 zinc finger protein 665 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ZNF665
XP_005471644.1 endothelial zinc finger protein induced by tumor necrosis factor alpha isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ZNF71
XP_005471651.1 uncharacterized protein C10orf88 homolog [Oreochromis niloticus]	C1orf198
XP_005473050.1 transport and Golgi organization protein 2 homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TANGO2
XP_005473116.1 leucine-rich repeat transmembrane neuronal protein 4 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	LRRTM4
XP_005473780.1 coiled-coil domain-containing protein 172 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CCDC172
XP_005473782.1 uncharacterized protein LOC102080399 [Oreochromis niloticus]	None
XP_005474589.1 leucine-, glutamate- and lysine-rich protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	LEKR1
XP_005475636.1 patatin-like phospholipase domain-containing protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	PNPLA2
XP_005475865.123 kDa integral membrane protein isoform X1 [Oreochromis niloticus]	None
XP_005477201.1 Fanconi anemia group M protein [Oreochromis niloticus]	FANCM
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis niloticus]	ZNF385D
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis niloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra]	ZNF385D CD84
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis niloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120046.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ZNF385D CD84 None
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120045.1 uncharacterized protein LCO00589705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0131200753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus]	ZNF385D CD84 None None
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis niloticus] XP_212780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120045.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120453.2 LOW QUALITY PROTEIN: Interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus]	ZNF385D CD84 None SLC30A3
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis niloticus] XP_0172780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Mylandia zebra] XP_013120046.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: Interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013123766.2 LMBR1 domain-containing protein 2-B [Oreochromis niloticus]	ZNF385D CD84 None SLC30A3 None
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120046.1 uncharacterized protein LOC100598705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120752.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013123762.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013123762.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein	ZNF385D CD84 None SLC30A3 None FAM189A1 DDFD4
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120456.1 uncharacterized protein LCC0100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120456.1 uncharacterized protein LCC0100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 protein FAM169A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0131212452.1 protein FAM169A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0131217141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus]	ZNF385D CD84 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 DTC///
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120461. uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120452.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013121741.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127348.1 protein patched homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127348.1 protein patched homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ZNF385D CD84 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120046.1 uncharacterized protein LOC100598705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120756.2 LIMR1 domain-containing protein 2-8 [Oreochromis niloticus] XP_013125162.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0131251724.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0131251724.1 protein patched homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013126714.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127484.1 protein patched homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POZ, AT hook-, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POZ, AT hook-, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ZNF385D CD84 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PATZ1 CA40
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120046.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013121621.1 rotein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_0131271451.2 rotein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0131271451.1 dipetidase 1 [Oreochromis X1 [Oreochromis niloticus] XP_0131271451.1 dipetidase 1 [Oreochromis X1 [Oreochromis niloticus] XP_0131271451.1 dipetidase 1 [Oreochromis X1 [Oreochromis niloticus] XP_0131291361.1 carbonic anhydrase-related protein 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0131291361.1 carbonic anhydrase-related protein 10 isoform X1 [Oreochromi	2M-385D CD84 None SLC30A3 None FAM189A1 DFEP1 PTCH1 PAT21 CA10 DF20 DF20 DF20 DF20 DF20 DF20 DF20 DF2
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120456.1 uncharacterized protein LOC100598705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120452.1 uncharacterized protein LOC100598705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013127366.2 LMBR1 domain-containing protein 2-B [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127348.1 protein pathed homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127348.1 protein pathed protein 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127348.1 protein pathed protein 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127348.1 protein pathed protein 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131172.1 DNA polymerase theta [Oreochromis niloticus] XP_013131172.1 DNA polymerase theta [Oreochromis niloticus]	2M-385D CD84 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PTCH1 PTC11 CA10 POLQ
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120046.1 uncharacterized protein LOC 100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_0131207562.2 LMBR1 domain-containing protein 2-8 [Oreochromis niloticus] XP_013125122.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013125122.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013125122.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013125124.1 protein patched homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POC. AT hook-, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POC. AT hook-, and zinc finger-containing protein 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POC. AT hook-, and zinc finger-containing protein 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 ephtin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 ephtin type-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 ephtin type-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	2M-385D CD84 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PAT21 CA10 DPEP4 PDLQ EPHA7 None
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_0131200753.2 LOW QUALITY PROTEIN: Interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: Interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: Interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: Interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_01312162 LIMB14 domain-containing protein 2-8 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 protein patched homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POZ, AT hook-, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013129135.1 carbonic anhydrase-related protein 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01313172.1 DNA polymerase theta [Oreochromis niloticus] XP_0131327112.2 cerbellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_0131327112.2 cerbellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_0131327112.2 cerbellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_0131327112.2 cerb	2M-385D CD84 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PATZ1 CA10 POLQ EPHA7 None STEPN2
XP_005478613.1 zinc finger protein 365D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120451. Luncharacterized protein L-Cito0698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013120452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_01312162.2 LIMR1 domain-containing protein 2-8 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013131721.1.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013131712.1 DNA polymerase theta [Oreochromis niloticus] XP_013131172.1 DNA polymerase theta [Oreochromis niloticus] XP_013131712.1 optin hypeA-receptor X1 [Oreochromis niloticus] XP_01313027.11.2 optin hypeA-receptor Y isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01313027.11.2 optin hypeA-receptor Y isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01313028.1 receptor-type trype	2MF385D CD84 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PTCH1 PTCH1 PTCH1 EPHA7 None PTPRN2 MENI 1
XP_005478613.1 zinc finger protein 365D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120046.1 uncharacterized protein LOC 100598705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_0131207553.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_0131207552.1 CW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013125752.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013125122.1 protein pAth68A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POZ. AT hook, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POZ. AT hook, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 eptin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 eptin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 eptin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 eptin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01313028.1 receptor-type tyrosine-protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120059.1 musclebind-like protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0191	2M-385D CD84 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PAT21 CA10 POLQ EPHA7 None PPTPN2 MSNL1 DNMT3AA
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_0131200753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013127142.1 internasporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipedidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipedidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127142.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127142.1 protein in Endenmonolg 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127142.1 Drobein famese thesel [oreochromis niloticus] XP_013129136.1 carbonic anhydrase-related protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131271.1 DNA polymerase these [Oreochromis niloticus] XP_013132711.2 cerebellin-1-like [Oreochromis niloticus]	2M-385D CD84 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PATZ1 CA10 PTCH1 PATZ1 CA10 POLQ EPHA7 None PTPRN2 MBNL1 DNNT3AA PTPRF
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120046.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_01312162.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013121741.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127145.1 protein patched homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013129136.1 carbonic anhydrase-related protein 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013129136.1 carbonic anhydrase-related protein 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013130172.1 DA polymerase theta [Oreochromis niloticus] XP_01313027.1 eprint type-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01313028.1 receptor-type tyrosine-protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01313028.1 receptor-type tyrosine-protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019201363.1 DNA (cytosine-5)-methyltransferase 3A isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019201423.1 receptor-type tyrosine-pro	2M-385D CD84 None SLC30A3 SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PATZ1 CA10 POLQ EPHA7 None PTPRN2 MBNL1 DNMT3AA PTPRF None
XP_005476613.1 zinc finger protein 365D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_0131200753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_0131207553.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_0131207553.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_0131207552.1 CW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein 2-8 [Oreochromis niloticus] XP_013125122.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013125122.1 protein pAthed homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013126710.1 POZ. AT hook, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POZ. AT hook, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0131218710.1 POZ. AT hook, and zinc finger-containis niloticus] XP_0131218710.1 POZ. AT hook, and zinc finger-containis niloticus] XP_013131670.1 ephin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 ephin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01312302.1 receptor-type tyrosine-protein phosphatase 12 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0130205.9 neutophiloticus [SP_0130302.1 musclebind-like protein phosphatase 12 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019200590.1 musclebind-like protein phosphat	2M-385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PTCH1 PAT21 CA10 POLQ EPHA7 None PTPRN2 MBNL1 DNMT3AA PTPRF None MER1
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_0131200753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013123762.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013123762.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_01312714.1 (loped) and inomin- containing protein 2-8 [Oreochromis niloticus] XP_01312714.1 (loped) and moniod 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01312714.1 (loped) and moniod 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01312714.1 (loped) and contain any drafes-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01312171.1 DVD2, AT hook-, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131271.1 DVD2, AT hook-, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131271.1 DVD2, AT hook-, and zinc finger-containing inolecus] XP_013131271.1 DVD2, AT hook-, and zinc finger-contain iniloticus] XP_013131271.1 DVD2, AT hook-, and zinc finger-contain iniloticus] XP_01313271.1 DVA cytosimes theta [Oreoch	2M-385D CD84 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PATZ1 CA10 PTCH1 PATZ1 CA10 PDLQ EPHA7 None PTPRR2 MBNL1 DNNT3AA PTPRF None MRC1 APOR
XP_005478613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013120452.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013129136.1 carbonic anhydrase-related protein 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013129136.1 carbonic anhydrase-related protein 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127112. carebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_013127112. carebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_013127112. carebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_013127112. carebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_0131202112.1 carebellin-1-like [Or	2MF385D CD84 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PATZ1 CA10 POLQ EPHA7 None PTPRN2 MBNL1 DNMT3AA PTPRR None MRNL1 DNMT3AA PTPRR None
XP_005476613.1 zinc finger protein 365D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_0131200753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_0131207553.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_0131207553.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013125752.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013125122.1 protein pAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127142.1 protein patched homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POZ. AT hook, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POZ. AT hook, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 ephin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 ephin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 ephin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013200590.1 musclebind-like protein phosphatase 12 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019200591.1 musclebind-like protein phosphatase 12 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01920059.1 musclebind-like protein phosphatase 12 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019200	2MF385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PTCH1 PAT21 CA10 POLQ EPHA7 None PTPRN2 MBNL1 DNMT3AA PTPRF None MBNL1 DNMT3AA PTPRF None MRC1 AFOB KIAA0586 TBAPPC12
 XP_00578613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_0131200753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013123762.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013123762.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013125122.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013125125.2 I protein patched nomolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01312714.1 nidpeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_01312715.1 Canobic anhydrase-related protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01312715.1 DNA polymerase thela [Oreochromis niloticus] XP_013131271.2 DNA polymerase thela [Oreochromis niloticus] XP_013131271.1 Controbellin-like [Oreochromis niloticus] XP_013132711.2 cerebellin-like [Oreochromis niloticus] XP_01920059.1 musclebilind-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01920059.1 musclebilind-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019201363.1 DNA (cytosine-5)-methyttransferase AX isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019202075.1 secretory hospholpase A2 receptor-like [Oreochromis nil	2M-385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PAT21 CA10 PTCH1 PAT21 CA10 PDLQ EPHA7 None PTPRN2 MBNL1 DNMT3AA PTPRRF None MRC1 APOB KIAA0586 TRAPPC12 DICFR1
XP_005478613.1 zinc finger protein 355D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_0131200753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_01312762.5 LUMB1 domain-containing protein 2-8 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POZ, AT hook, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01313127112.1 DNA polymerase theta [Oreochromis niloticus] XP_01313177.1 DNA polymerase theta [Oreochromis niloticus] XP_0131327112. cerebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_0131327112. cerebellin-4-like [Oreochromis niloticus] XP_0131327112. cerebellin-4-like [Oreochromis niloticus] XP_0131327112. cerebellin-4-like [Oreochromis niloticus] XP_0131201363.1 DNA (cytosine-5)-methyltransferase 3A isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019201423.1 rec	2M-385D CD84 None SLC30A3 SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PATZ1 CA10 POLQ EPHA7 None PTPRN2 MBNL1 DNMT3AA PTPRF None MRC1 APOB RC1 APOB RC1 APOB RC1 DCRT1 CD209 CD200 CD209 CD200
XP_005478613.1 zinc finger protein 365D [Oreochromis iniloticus] XP_017280486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120451.1 uncharacterizate d protein 1.CoC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120452.1 Low CuALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 Zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127143.1 protein patched homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127143.1 protein patched homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01313172.1 DAA polymerase theta [Oreochromis niloticus] XP_01313027.1 epith type-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013133028.1 receptor-type tryosine-protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019201433.1 nuschelind-filke protein 1 isof	2MF385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DFEP1 PTCH1 PTCH1 PAT21 CA10 POLQ EPHA7 None PTPRN2 MENL1 DNMT3AA PTPRF None MENL1 DNMT3AA PTPRF None MERL1 APOB KIAA0586 TRAPPC12 DICER1 CD209 ZVF839
XP_005476613.1 zinc finger protein 355D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_0131200753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013125122.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013125172.1 protein patched homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01312714.1 idipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POZ, AT hook-, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01312171.1 DNA polymerase thela [Oreochromis niloticus] XP_013131271.1 DNA polymerase thela [Oreochromis niloticus] XP_013131271.1 Combellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_0131302711.2 cerebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_01920163.1 NA (cytosine-5)-methyltransferase AX isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019200590.1 musclebilind-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019201363.1 NA (cytosine-5)-methyltransferase AX isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019202075.1 secretory phospholpase A2 receptor-like [Oreochromis niloticus] XP_019202075.1 secretory phospholpase A2 receptor-like [Oreochromis niloticus]	2M-385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PTCH1 PAT21 CA10 PPEP1 PTCH1 PAT21 CA10 PPEP4 PTCH PTCH1 PAT21 CA10 PTPRR PDLQ EPHA7 None PTPRR PTPRR PTPRR None MRC1 APOB KIAA0586 TRAPPC12 DICER1 CD209 ZNF839 FOCAD
XP_005478613.1 zinc finger protein 355D [Oreochromis iniloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_0131200753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_01312762.2 LIMBR1 domain-containing protein2-28 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POZ. AT hock, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 ephint type- A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131711.2 cerebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_01313028.1 receptor-type types types protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019201363.1 DNA (cylosine-5)-metyltransferase A3 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019202055.1 secretory hospholipase A2 receptor-like (Dreochromis niloticus] XP_019202075.1 secretory hospholipase A2 receptor-like (Dreochromis niloticus] XP_019202075.	2M-385D CD84 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PAT21 CA10 PTCH1 PAT21 CA10 PTCH1 PAT21 CA10 PTCH1 PAT21 CA10 PTCH1 PAT21 CA10 PTCH1 PAT21 CA10 PTCH1 PAT21 CA10 PTCH1 CA10 PTFR2 MBNL1 DINIT3AA PTPRF None MRC1 APOB RC11 APOB RC11 APOB RC11 CA10 PTCH1 PTRF None MRC1 APOB RC11 CA10 PTRF None PTRF None PTRF None PTRF None PTRF None PTRF None PTRF PTRF None PTRF None PTRF PTRF None PTRF PTRF PTRF PTRF PTRF PTRF PTRF PTRF
XP_005478613.1 zinc finger protein 365D [Oreochromis niloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120046.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013120452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POZ, AT hook, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013128713.1 carbonic anhydrase-related protein 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127112. carebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_013127112. carebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_013127112. carebellin-1-like protein hosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127112. carebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_019201433.1 DNA (cytosine-5)-methyttransferase 3A isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019201453.1 DNA (cytosine-5)-methyttransfe	2MF385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DFEP1 PTCH1 PTCH1 PAT21 CA10 POLQ EPHA7 None PTPRN2 MBNL1 DNNT3AA PTPRF None MBNL1 DNNT3AA PTPRF None MRC1 APOB KIAA0586 TRAPPC12 DICER1 CD209 ZVF839 FOCAD PLXNA3
XP_00578613.1 zinc finger protein 365D [Oreochromis iniloticus] XP_013720046.1 uncharacterized protein LOC100598705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013125122.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0131251724.1 protein patched homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POZ. AT hook-, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013121712.1 DNA polymerase theta [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 ephtin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 ephtin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0130205.1 receptor-type tyrosine-protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01920059.1 musclebilind-like protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01920057.1 secretory phospholipase A2 receptor-like [Oreochromis niloticus] XP_01920075.1 secretory phospholipase A2 receptor-like [Oreochromis niloticus] XP_01920075.1 secretory phospholipase A2 receptor-like [Oreochromis niloticus] XP_01920075.1	2MF385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PTCH1 PAT21 CA10 POLQ EPHA7 None PIPKN2 MENL1 DNMT3AA PTPRF PTPRF None MRC1 APOB KIAA05866 TRAPPC12 DICER1 CD209 ZNF839 FOCAD PLXNA3 VMO1
XP_00578613.1 zinc finger protein 355D [Oreochromis iniloticus] XP_013720046.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013127642.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipedidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013129736.1 carbonic anhydrase-related protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013132711.2 Nor polymerase theta [Oreochromis niloticus] XP_013132711.2 cerebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_013132711.2 cerebellin-4-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01920153.1 DNA (cytosine-5)-metyltytransferase A isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019202055.1 receptor-lybe tytosine-protein phosphatase F isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019202075.1 secretory phospholipase A2 receptor-l	2MF385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PAT21 CA10 PTCH1 PAT21 CA10 PDLQ EPHA7 None PTPRR2 MBNL1 DNMT3AA PTPRR2 MBNL1 DNMT3AA PTPRR5 None MRC1 APOB KIAA0586 TRAPPC12 DICER1 CO209 ZVF839 FOCAD PLXNA3 VMO1 BSGALT1 NURP12
XP_00578613.1 zinc finger protein 355D [Oreochromis niloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120046.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013128710.1 POZ, AT hook, and zinc finger-ontaining protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013131721 DNA polymerase theta [Oreochromis niloticus] XP_0131327142. cerebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_0131327142. cerebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_0131327142. cerebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_013127142. cerebellin-1-likee [Oreochromis niloticus] <	2MF385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DFEP1 PTCH1 PTCH1 PAT21 CA10 POLQ EPHA7 None PTPRN2 MBNL1 DNNT3AA PTPRF None MBNL1 DNNT3AA PTPRF None MRC1 APOB KIA40586 TRAPPC12 DICER1 CD209 ZVF839 FOCAD PLXNA3 VMC1 B3GALT1 NLRP12 F13A1
XP_00578613.1 zinc finger protein 365D [Oreochromis iniloticus] XP_013720046.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013125152.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013125172.1 protein pathed homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127348.1 protein pathed homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 POZ.AT hook-, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01312171.1 DNA polymerase theta [Oreochromis niloticus] XP_013131670.1 ephtin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127112.1 DNA polymerase theta [Oreochromis niloticus] XP_013200590.1 musclebilind-like protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019200590.1 musclebilind-like protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019200590.1 musclebilind-like protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01920075.1 secretory phospholipase A2 receptor-like [Oreochromis niloticus] XP_01920075.1 secretory phospholipase A2 receptor-like [Oreochromis niloticus] XP_019202075.1 secretory phospholipase A2 receptor-like [Oreoc	2MF385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PTCH1 PAT21 CA10 POLQ EPHA7 None PIPRN2 MENL1 DNMT3AA PTPRF PTPRF None MRC1 APOB KIAA05866 TRAPPC12 DICER1 CD209 ZJF839 FOCAD PLXNA3 VMO1 BSGALT1 NLRP12 F13A1 PTGR1
XP_00578613.1 zinc finger protein 355D [Oreochromis iniloticus] XP_013720046.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloticus] XP_013127642.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127142.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013127142.1 protein in EAM169A4 monolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127142.1 Droko jumerase theta [Oreochromis niloticus] XP_013127142.1 DNA polymerase theta [Oreochromis niloticus] XP_013132711.2 cerebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_013132711.2 cerebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_013132711.2 cerebellin-4-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_01920530.1 musclebilind-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019201363.1 DNA (cytosine-5)-metylitytansferase A isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019202075.1 secretory hospholipase Az receptor-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019202	2MF385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PAT21 CA10 PTCH1 PAT21 CA10 PDLQ EPHA7 None PDLQ EPHA7 None PTPRR2 MBNL1 DINIT3AA PTPRF None MRC1 APOB KIAA0586 TRAPPC12 DICER1 CO209 ZVF339 FOCAD PLXNA3 VM01 BSGALT1 NLRP12 F13A1 PTGR1
XP_00578613.1 zinc finger protein 355D [Oreochromis niloticus] XP_012780486.1 SLAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_013120046.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013122452.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloticus] XP_013127141.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloticus] XP_013126710.1 POZ, AT hook, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127142.1 protein pathed homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_013127142.2 cerebellin-1-like [Oreochromis niloticus] XP_0131327112.2 cerebellin-4-like [Oreochromis niloticus] XP_0131327112.2 cerebellin-4-like [Oreochromis niloticus] XP_013127142.2 cerebellin-4-like [Oreochromis niloticus] XP_019201363.1 DNA (cytosine-5)-methyltransferase 3A isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_019201423.1 receptor-hybe phylose A2 receptor-like [Oreochromis niloticus] XP_019201423.1 apolipoprotein	2MF385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DFEP1 PTCH1 PTCH1 PAT21 CA10 POLQ EPHA7 None PTPRN2 MBNL1 DNNT3AA PTPRF None MBNL1 DNNT3AA PTPRF None MBNL1 DNNT3AA PTPRF None MRC1 APOB KIAA0586 TRAPPC12 DICER1 CD209 ZVF839 FOCAD PLXNA3 VMO1 B3GALT1 NLRP12 F13A1 PTGR1 PTGR1 PTGR1 PTGR1 PTGR1
XP_00578613.1 zinc finger protein 365D [Oreochromis nilolicus] XP_013720046.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis nilolicus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis nilolicus] XP_013120753.2 LOW QUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis nilolicus] XP_013125122.1 protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis nilolicus] XP_013125172.1 protein pathed homolog 1 isoform X1 [Oreochromis nilolicus] XP_013127348.1 protein pathed homolog 1 isoform X1 [Oreochromis nilolicus] XP_013127348.1 protein pathed homolog 1 isoform X1 [Oreochromis nilolicus] XP_01312710.1 POZ. AT hook-, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis nilolicus] XP_013131670.1 ephtin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis nilolicus] XP_013131670.1 ephtin hype-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis nilolicus] XP_013200590.1 musclebilind-like protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis nilolicus] XP_019200590.1 musclebilind-like protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis nilolicus] XP_019200590.1 musclebilind-like protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis nilolicus] XP_019200590.1 musclebilind-like protein phosphatase F isoform X1 [Oreochromis nilolicus] XP_019200590.1 musclebilind-like protein phosphatase F isoform X1 [Oreochromis nilolicus] XP_019200375.1 secretory phospholipase A2 receptor-like [Oreochromis nilo	2MF385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DPEP1 PTCH1 PTCH1 PAT21 CA10 POLQ EPHA7 None PIPRN2 MENL1 DNMT3AA PTPRF None MRC1 APOB KIAA05866 TRAPPC12 DICER1 CD209 ZNF839 FOCAD PLXNA3 VMO1 NLTP12 FIGA1 PTGR1 PTGR1 PTGR1 PTGR1 PTGR1 PTGR1 PTGR1 PTGR1 PTGR1 PTGR1
XP_05478613.1 zinc Einger probin 385D [Oreochromis niloicus] XP_013200465.1 uncharacterized probin LCC 100698705 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_0131200753.2 LOW OUALITY PROTEN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloicus] XP_0131220753.2 LOW OUALITY PROTEN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloicus] XP_013122172.1 anc transporter 3 [Oreochromis niloicus] XP_01312171.1 (dioptdase 1 [Oreochromis niloicus] XP_01313177.1 DNA polymerase theta [Oreochromis niloicus] XP_013131670.1 ephnin type-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01313172.1 DNA polymerase theta [Oreochromis niloicus] XP_01313028.1 receptor-lype tyrosine-protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_019200590.1 musclebilmid-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01920123.1 receptor-lype tyrosine-protein phosphatase F isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01920123.1 receptor-lype tyrosine-protein phosphatase F isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01920142.1 receptor-lype tyrosine-protein phosphatase F isoform X1 [Oreochromis niloicus]	2MF385D 2MF3855D 2MF38555 2MF38555 2MF38555 2MF38555 2MF385555 2MF3855555 2MF3855555 2MF38555555555555555555555555555555555555
PXP_05674613.1 zinc Enger problem 385D [Oreochromis niloicus] XP_012780466.1 staAM family member 5 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_0131200465.1 uncharacterized problem i.OcC 100698705 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_0131207532.LOW OUALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloicus] XP_0131227652.J IMER1 domain-containing protein 2-8 [Oreochromis niloicus] XP_013122762.LIMER1 domain-containing protein 2-8 [Oreochromis niloicus] XP_013122741.1 dipeptidase 1 [Oreochromis niloicus] XP_013122743.4. protein patched homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01312743.4. protein patched homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_0131271.2. DNA polymerase theta [Oreochromis niloicus] XP_01312171.2. DNA polymerase theta [Oreochromis niloicus] XP_013131670.1 ephrin type-A receptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01313028.1 receptor-type tyrosine-protein phosphatase N2 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_019200590.1 muscleabind-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_019200590.1 muscleabind-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_019200590.1 muscleabind-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_019200450.1 macrophage mannose receptor 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_019204045.1 macrophage mannose receptor 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_019204045.1 cuo	2MF385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DFEP1 PTCH1 PTCH1 PAT21 CA10 POLQ EPHA7 None PTPRN2 MBNL1 DNNT3AA PTPRF None DNNT3AA PTPRF None MRC1 APOB KIA40586 TRAPPC12 DICER1 CD209 FOCAD PLXNA3 VMO1 B3GALT1 NLRP12 F13A1 PTGR1
PXP_05674613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis niloicus] XP_012780465.1 schAM family member 5 isoform X1 [Maylandia zebra] XP_0131200465.1 uncharacterized protein LOC 100698705 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01312205732.1 CMV 0UALITY PROTEIN: interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloicus] XP_013122612.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloicus] XP_01312512.2 I protein FAM189A1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01312171.1 dipeptdase1 [Dreochromis niloicus] XP_01312171.1 dipeptdase1 [Dreochromis niloicus] XP_01312171.1 dipeptdase1 [Dreochromis niloicus] XP_01312172.1 POX_AT hock, and zinc finger-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01312173.1 potentiny they A receiptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01312173.1 potentiny they A receiptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01312073.1 potentiny they A receiptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01312073.1 potentiny they A receiptor 7 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01920059.1 musclebilind-like protein hosphatase Xi isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_019201423.1 receiptor-type typesine-protein phosphatase Fisoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_019201423.1 receiptor-type typesine-protein phosphatase Fisoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_019201423.1 receiptor type typesine-protein phosphatase Fisoform X1 [Oreochromis niloicus]	2MF385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DFEP1 PTCH1 PTCH1 PAT21 CA10 POLQ EPHA7 None PTPRN2 MBNL1 DNMT3AA PTPRF None MRC1 APOB KIAA05866 TRAPPC12 DCCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLXNA3 VMC1 SGGALT1 NLRP12 F13A1 PTGR1
PXP_0574613.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis niloicus] XP_01273046.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_0131220753.2 LOW QUALITY PROTEIN: Interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloicus] XP_013122462.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloicus] XP_013122476.2 LIMBRI domain-containing protein 2-8 [Oreochromis niloicus] XP_01312247.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloicus] XP_01312741.1 idopptidas 1 [Oreochromis niloicus] XP_01313172.1 DNA polymerase theta [Oreochromis niloicus] XP_01313202.1 receptor-type typosine-protein phosphatase N isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01322042.1 nuacibulind-ikka protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01920403.1 DNA (cytosine-5)-methyttransferase A isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01920412.1 LOW QUALITY PROTEIN: Inflocing protein niloicus] XP_01920412.1 nacophohipase A22 receptor -isoform X1 [Oreochromis niloicus]	2MF385D 2MF
VP_0574611.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis niloicus] VP_01120046.1 uncharacterized protein LOC100689705 isolom X1 [Oreochromis niloicus] VP_01120763.2 LOW QUALITY PROTEN: Interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloicus] VP_01312247.2 zinc transporter 3 [Oreochromis niloicus] VP_01312247.2 zinc transporter 3 [Oreochromis niloicus] VP_01312217.2 zinc transporter 3 [Oreochromis niloicus] VP_01312217.1 indepeidase 1 [Oreochromis niloicus] VP_0131217.2 zinc transporter 10 [Oreochromis niloicus] VP_0131217.1 indepeidase 1 [Oreochromis niloicus] VP_0131317.1 cerebellin-1-like [Oreochromis niloicus] VP_01313302.8 1 receptor-lype typosine-protein phosphatase N isoform X1 [Oreochromis niloicus] VP_01920142.3 1 receptor-lype typosine-protein phosphatase N isoform X1 [Oreochromis niloicus] VP_01920412.1 receptor-lype typosine-protein phosphatase N isoform X1 [Oreochromis niloicus] VP_01920443.1 nacrophage mannose receptor 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] VP_0192	2MF385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DFEP1 PTCH1 PTCH1 PAT21 CA10 POLQ EPHA7 None PTPRN2 MBNL1 DNNT3AA PTPRF None MBNL1 DNNT3AA PTPRF None MBNL1 DNNT3AA PTPRF None MRC1 APOB KIA40586 KIA40586 TRAPPC12 DICER1 CD209 FOCAD PLXNA3 VMO1 B3GALT1 NLRP12 F13A1 PTGR1 PT
PXP_00574611.1 zinc finger protein 385D [Oreochromis niloitcus] XP_01278046.1 uncharacterized protein LOC100698705 isoform X1 [Oreochromis niloitcus] XP_0131220753.2 LOW QUALITY PROTEIN: Interferon regulatory factor 2-binding protein-like A [Oreochromis niloitcus] XP_013122462.1 zinc transporter 3 [Oreochromis niloitcus] XP_013122476.2 LIMBRI domain-containing protein 2-8 [Oreochromis niloitcus] XP_013122476.1 diopetidas E [Oreochromis niloitcus] XP_01312741.1 diopetidas E [Oreochromis niloitcus] XP_01312741.1 diopetidas E [Oreochromis niloitcus] XP_0131271.1 DVA polymerase thele [Oreochromis niloitcus] XP_01313172.1 DVA polymerase thele [Oreochromis niloitcus] XP_013132711.2 carebib-life Worksine-protein phosphalase Na Isoform X1 [Oreochromis niloitcus] XP_01920143.1 DVA (opsine-5)-methyttransferase 3A isoform X1 [Oreochromis niloitcus] XP_019202075.1 secretory phospholipase A2 receptor-like [Oreochromis niloitcus] XP_019202075.1 secretory inpospholipase A2 receptor-like [Oreochromis niloitcus] XP_019202075.1 secretory phospholipase A2 receptor-like [Oreochromis niloitcus] XP_019202075	2MF385D COB4 None SLC30A3 None FAM189A1 DFEP1 PTCH1 PTCH1 PAT21 CA10 POLQ EPHA7 None PTPRN2 MBNL1 DNMT3AA PTPRF None MRC1 APOB KIAA05866 TRAPPC12 DICCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR1 CD209 ZNF839 FOCAD PLCR3 CD3 CD3 CD3 CD3 CD3 CD3 CD3 CD3 CD3 CD

XP_019216822.1 guanine nucleotide exchange factor VAV2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	VAV2
XP_019217551.1 E3 ubiquitin/ISG15 ligase TRIM25-like [Oreochromis niloticus]	None
XP_019217911.2 zinc finger protein 37 [Oreochromis niloticus]	ZFP37
XP_019217948.1 interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 5 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	IFIT5
XP_019217959.1 janus kinase and microtubule-interacting protein 3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	JAKMIP3
XP_019218864.1 NLR family CARD domain-containing protein 3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	NLRC3
XP_019220145.1 sialic acid-binding Ig-like lectin 11 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SIGLEC11
XP_019220850.1 beta-1,3-galactosyl-O-glycosyl-glycoprotein beta-1,6-N-acetylglucosaminyltransferase-like isoform X1 [Oreochromis niloticus]	None
XP_019221076.1 UDP-glucuronosyltransferase 2A1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	UGT2A1
XP_019221388.1 interleukin-1 beta [Oreochromis niloticus]	IL1B
XP_019222964.1 von Willebrand factor A domain-containing protein 5A isoform X1 [Oreochromis niloticus]	VWA5A
XP_019223163.1 putative lipoyltransferase 2, mitochondrial isoform X1 [Oreochromis niloticus]	LIPT2
XP_019223288.1 mitogen-activated protein kinase-binding protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	MAPKBP1
XP_019223296.1 neuroligin-3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	NLGN3
XP_024654861.1 NLR family CARD domain-containing protein 3 [Maylandia zebra]	NLRC3
XP_024660204.1 beta-1,3-galactosyl-O-glycosyl-glycoprotein beta-1,6-N-acetylglucosaminyltransferase-like [Maylandia zebra]	None
XP_025753953.1 protein KIAA0100 homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus]	KIAA0100
XP_025754314.1 LOW QUALITY PROTEIN: anoctamin-7 [Oreochromis niloticus]	ANO7
XP_025754514.1 tubulin polyglutamylase TTLL7 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TTLL7
XP_025755530.1 microtubule-associated serine/threonine-protein kinase 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	MAST2
XP_025756754.1 F-box only protein 34 [Oreochromis niloticus]	FBXO34
XP_025758859.1 E3 ubiquitin-protein ligase SH3RF1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SH3RF1
XP_025758878.1 glucokinase regulatory protein isoform X1 [Oreochromis niloticus]	GCKR
XP_025762178.1 AP-1 complex subunit gamma-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	AP1G1
XP_025763462.1 bromodomain-containing protein 4 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	BRD4
XP_025763530.1 ubiquitin-like modifier-activating enzyme 6 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	UBA6
XP_025765556.1 AMSH-like protease isoform X1 [Oreochromis niloticus]	STAMBPL1
XP_025766015.1 leucine-rich repeat-containing protein 30 [Oreochromis niloticus]	LRRC30
XP_025766902.1 olfactory receptor 10J4 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	OR10J4
XP_025766985.1 sialic acid-binding Ig-like lectin 10 [Oreochromis niloticus]	SIGLEC10
XP_025767704.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-1B isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CACNA1B

Mak (2)

NCBIに登録されている遺伝子名	ヒトでの遺伝子名
XP_003439560.2 LOW QUALITY PROTEIN: programmed cell death protein 2-like [Oreochromis niloticus]	PDCD2L
XP_003440192.1 mitochondrial uncoupling protein 2 [Oreochromis niloticus]	UCP2
XP_003440322.1 calfacilitin [Oreochromis niloticus]	TLCD1
XP_003442677.1 red-sensitive opsin [Oreochromis niloticus]	OPN1LW
XP_003442678.1 blue-sensitive opsin [Oreochromis niloticus]	OPN1SW
XP_003443200.2 zinc finger protein 653 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ZNF653
XP_003443201.1 ATPase SWSAP1 [Oreochromis niloticus]	SWSAP1
XP_003443202.1 erythropoietin receptor [Oreochromis niloticus]	EPOR
XP_00344445.1 matrix metalloproteinase-17 [Oreochromis niloticus]	MMP17
XP_003446321.1 protein C10 [Oreochromis niloticus]	C12orf57
XP_003446322.1 SAYSvFN domain-containing protein 1 [Oreochromis niloticus]	SAYSD1
XP_003447763.1 protein SSUH2 homolog [Oreochromis niloticus]	SSUH2
XP_003449143.1 serine/threonine-protein kinase SBK1-like [Oreochromis niloticus]	None
XP_003449356.1 lysophospholipase D GDPD1 [Oreochromis niloticus]	GDPD1
XP_003449357.1 transmembrane protein 120A [Oreochromis niloticus]	TMEM120A
XP_003450848.1 leucine-rich repeat-containing protein 4C [Oreochromis niloticus]	LRRC4C
XP_003450969.1 diacylglycerol O-acyltransferase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	DGAT1
XP_003451866.1 plastin-3 [Oreochromis niloticus]	PLS3
XP_003454200.1 cytosolic arginine sensor for mTORC1 subunit 1 [Oreochromis niloticus]	CASTOR1
XP_003454626.1 sodium- and chloride-dependent GABA transporter 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SLC6A13
XP_003454847.1 importin subunit alpha-3 [Oreochromis niloticus]	KPNA4
XP_003454875.1 tripartite motif-containing protein 59 [Oreochromis niloticus]	TRIM59
XP_003455184.1 proteinase-activated receptor 2 [Oreochromis niloticus]	PAR2
XP_003455869.1 hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase [Oreochromis niloticus]	HPRT1
XP_003456178.1 phosphatidylinositol-glycan biosynthesis class W protein [Oreochromis niloticus]	PIGW
XP_003456201.1 zinc finger HIT domain-containing protein 3 [Oreochromis niloticus]	ZNHIT3
XP_003456660.1 probable ribonuclease ZC3H12C [Oreochromis niloticus]	ZC3H12C
XP_003457081.1 Golgi phosphoprotein 3 [Oreochromis niloticus]	GOLPH3
XP_003459371.1 protein Mpv17 [Oreochromis niloticus]	MPV17
XP_003459393.2 transmembrane protease serine 6 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TMPRSS6
XP_003459837.1 vascular endothelial growth factor C isoform X1 [Oreochromis niloticus]	VEGFC
XP_005449250.1 polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 18 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	GALNT18
XP_005451537.1 ADAMTS-like protein 2 [Oreochromis niloticus]	ADAMTSL2
XP_005452691.1 transcription factor COE1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	EBF1
XP_005453129.3 xin actin-binding repeat-containing protein 2 [Oreochromis niloticus]	XIRP2
XP_005453275.2 C991rotein 1 [Oreochromis niloticus]	G3BP1
XP_005453283.1 complexin-2 [Oreochromis niloticus]	CPLX2
XP_005453339.1 regulator of G-protein signaling 6 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	RGS6
XP_005453553.1 uncharacterized protein C3orf18 homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus]	C3orf18
XP_005453918.1 adhesion G protein-coupled receptor B2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ADGRB2
XP_005454141.1 MICOS complex subunit mic25a isoform X1 [Oreochromis niloticus]	None
XP 005454317.1 zinc finger CCCH domain-containing protein 18 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ZC3H18
XP 005454397.1 NADPHcytochrome P450 reductase isoform X1 [Oreochromis niloticus]	POR
XP 005455075.1 neurobeachin isoform X1 [Oreochromis niloticus]	NBEA
XP_005456231.3 tripartite motif-containing protein 16 [Oreochromis niloticus]	TRIM16
XP 005456546.1 titin homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus]	None
XP_005456548.2 ligand-dependent corepressor isoform X3 [Oreochromis niloticus]	LCOR
XP_005457192.1 glypican-5 [Oreochromis niloticus]	GPC5

	CONDO
AP_003436659.1 G2/miloid-specific cyclin-B3 [Oreochromis miolicus]	CUNBS
XP_005458695.1 WAS/WASL-interacting protein family member 2 [Oreochromis niloticus]	WIPF2
XP_005459189.1 complement factor I isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CFI
XP_005459359.1 rho guanine nucleotide exchange factor 26 [Oreochromis niloticus]	ARHGEF26
XP_005459615.1 FERM domain-containing protein 7 [Oreochromis piloticus]	FRMD7
VP_005450754.2 cholesterol 5-budgevilese-like protein 2 (Greechropic piloticus)	None
XP_005460780.1 glutamate receptor ionotropic, NMDA 2A isotorm X1 [Oreochromis niloticus]	GRIN2A
XP_005461388.2 LOW QUALITY PROTEIN: nidogen-1 [Oreochromis niloticus]	NID1
XP_005461829.2 GTPase IMAP family member 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	GIMAP7
– 005462119 2 dastrula zinc finder indein XICGE57 1 [Orenchromis niloficus]	None
	TODANE
AP_005462669.1 tetraspanin-5 [Oreochromis niloticus]	1 SPAINS
XP_005464932.1 dynein light chain 4, axonemal [Oreochromis niloticus]	DNAL4
XP_005464933.1 neuronal pentraxin receptor [Oreochromis niloticus]	NPTXR
XP 005466229.1 H/ACA ribonucleoprotein complex non-core subunit NAF1 [Oreochromis niloticus]	NAF1
2 005/669/9 1 LIM domain only protein 7 isoform X1 (Orenchromis nilolicus)	1 MO7
	TUDOIO
XP_UU5468422.1 trinucleotide repeat-containing gene 18 protein isoform X1 [Ureochromis niloticus]	INRC18
XP_005472980.4 zinc finger matrin-type protein 4 [Oreochromis niloticus]	ZMAT4
XP_005474832.1 ras-related protein Rab-34 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	RAB34
XP 005475462 1 interleukin-1 recentor type 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	II 1R1
VE_005/159501 duel apositivity impairs phoenhand tipe provide kingan 2 inform V1 (Oracebranic alletional	DVBK2
XP_005475559.1 dual specificity tyrosine-prosphory/auton-regulated kinase 2 isotom X1 [Oreochronis hitoticus]	DTRKZ
XP_005475971.3 gastrotropin [Oreochromis niloticus]	FABP6
XP_005476745.2 ZZ-type zinc finger-containing protein 3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ZZZ3
XP_005476787.1 zinc finger protein 354C [Oreochromis niloticus]	ZNF354C
2 005/76700 1 ATP-sensitive inward rectifier potessium channel 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	KCN 110
	5001
XP_0054/8041.1 ELKS/Rab6-interacting/CAS1 tamily member 1 isotorm X1 [Oreochromis niloticus]	ERC1
XP_005478684.1 proto-oncogene tyrosine-protein kinase Yrk isoform X1 [Oreochromis niloticus]	YRK
XP_013120146.1 homeobox protein PKNOX1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	PKNOX1
XP_013120428.1 radixin [Oreochromis niloticus]	RDX
VP_01210100E1 accinethrapping protocology before 2A 56 kPg regulatory gubunit data insform (Organizational allocidual)	DDDDDDD
AP_013121003.1 Semineruneonine-protein prospiralase 2A 30 total regulatory subunit deta isolomi [Oreocirioniis moticus]	FFF2R2D
XP_013121709.1 peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 3 [Oreochromis niloticus]	ACOX3
XP_013122425.1 low-density lipoprotein receptor class A domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus]	LDLRAD2
XP 013124773.1 art-GAP domain and FG repeat-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	AGFG1
P 013125794 1 signal-regulatory protein beta-2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SIRPR2
	CAMAGOD
AP_013126316.1 protein PAW 1636 [Oreochronis hioucus]	FAMILOSE
XP_013127145.1 myosin-binding protein C, cardiac-type isoform X5 [Oreochromis niloticus]	MYBPC3
XP_013127457.1 3'(2'),5'-bisphosphate nucleotidase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	BPNT1
XP_013129042.1 glutathione S-transferase A lOreochromis niloticus]	None
2. 043109272.2 LOW OLD ITY REOTEN: a teople action and an antiparticles of Oracebraphic piloticus.	ACRI 1
AP_013123221.2 EOW QALTT PROTEIN. Clustonic carboxypeptidase 4 [Oreocinoniis fillolicus]	AGBLI
XP_013132815.1 Interleukin-1 receptor type 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	IL1R1
XP_019203488.1 zinc finger protein 184 [Oreochromis niloticus]	ZNF184
XP_019206344.2 LOW QUALITY PROTEIN: CUB and sushi domain-containing protein 3 [Oreochromis niloticus]	CSMD3
XP_019209781.1 low affinity immunoalobulin gamma Ec region recentor II isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ECGR2
	100112
XP_019209926.1 Vitamin K epoxide reductase complex subunit 1-like protein 1 [Oreochromis hiloticus]	VKORG1L1
XP_019212504.1 interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 5 [Oreochromis niloticus]	IFIT5
XP_019213448.1 cytochrome P450 2K1 [Oreochromis niloticus]	CYP2K1
XP 019216004.1 teneurin-3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TENM3
– 0192181951 integrin alpha-Milke inform X1 [Oreochronic piloticue]	None
	110/16
XP_019219196.1 GTPase IMAP family member 4-like isoform X1 [Ureochromis filioticus]	None
XP_019219784.1 uncharacterized protein LOC100701719 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	None
XP_019219802.1 interleukin-21 receptor-like isoform X1 [Oreochromis niloticus]	None
XP 019220038.1 multidrug resistance protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	
	ABCC1
AP_019220203.1 protein dopey-1 isolomi X1 [Oreochromis niloticus]	ABCC1
VD_025752667.1 DIMC hinding protein 2 isoform V1 (Oroschromia piloticus)	ABCC1 DOP1A
AP_023/32007.1 Kiwis-binding protein 2 isolom X1 [predchronis moticus]	ABCC1 DOP1A RIMBP2
XP_025753001.1 tetratricopeptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27
Ar0221 20201 1 Kimis-oninaing proteini 2 solonini Ar [Oreochnomis minucus] XP_025753001.1 Hetratricopeptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis iniloticus] XP 025753334.1 pro-neurequin-3, membrane-bound isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3
Ar0231 32007.1 Kmm-onnumg protein 2 solonin Ar [Oreochronins minutus] XP_025753001.1 tetratricopeptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochronis niloicus] XP_02575334.1 pro-neuregulin-3, membrane-bound isoform isoform X1 [Oreochronis niloicus]	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None
Ar_U2231 20201 1 Kimis-painting protein 2 boomman (Norechamis minutus) XP_U22573301.1 Iteratricopeptide repeat protein 27 Isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025754367.1 LOW QUALITY PROTEN: neurexin-38 [Oreochromis niloticus] XP_025754367.1 LOW QUALITY PROTEN: neurexin-38 [Oreochromis niloticus]	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None
Ar02201 o2007.1 Kimis-oninaing protein 2 Solonin Ar [Oreochnomis initiatus] XP_025753001.1 ketratricopeptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis initiaticus] XP_025753334.1 pro-neuregulin-3, membrane-bound isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_025754367.1 LOW QUALITY PROTEIN: neurexin-3b [Oreochromis nitoticus] XP_025754533.1 melanophilin isoform X1 [Oreochromis nitoticus]	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None MLPH
Ar_UC201 Jozdo 1, h kmis-paintaing protein 2 abodini Ar Directonianis initiatus] XP_025753011 I tetratricopeptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloitcus] XP_025753334.1 pro-neuregulin-3, membrane-bound isoform isoform X1 [Oreochromis niloitcus] XP_025754367.1 LOW QUALITY PROTEIN: neurearia-38 [Oreochromis niloitcus] XP_025754380.1 melanophilin isoform X1 [Oreochromis niloitcus] XP_025754800.1 gastrula zinc finger protein XICGF26.1 isoform X1 [Oreochromis niloitcus]	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None MLPH None
Ar0227 Jo2007.1 Kmis-solnaling protein 2 boomman (Decontronins initiatus) XP02575301.1 Istratiocoperiptide repeat protein 27 Istorm X1 [Oreochromis niloticus] XP_025753334.1 pro-neuregulin-3, membrane-bound isoform isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025754533.1 melanophilin isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025754533.1 melanophilin isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025754800.1 gastrula zinc finger protein XICGF26.1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0257515.1 diacylgbycerol kinase iota isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None MLPH None DGKI
Ar_UC2013/02/01 / Nims-shinting protein / 2 blochin / 2 filedowninus initiatus] XP_02575301 / I tertariospeptide repeat protein / 2 fisoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_02575333.1 pro-neuregulin-3, membrane-bound isoform xis [Oreochromis niloticus] XP_02575435.1 LOW QUALITY PROTEIN: neurean-3b [Oreochromis niloticus] XP_02575453.1 melanophilin isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025754800.1 gastrula zinc finger protein XICGF26.1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025755451.1 diacytglycerol kinase icla isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_02575531.1 diacytglycerol kinase icla isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None MLPH None DGKI ZMYND8
Ar_U223 Jo2001 - Nimis-Jointanig proteini 2 Isolomin Ar [Oreouchroniis iniloidus] XP_025753011 - Itertarioopepidie repeat proteini 27 Isolom X1 [Oreouchroniis iniloidus] XP_025753334.1 pro-neuregulin-3, membrane-bound isoform isoform X1 [Oreouchroniis iniloidus] XP_025754367.1 LOW QUALITY PROTEIN: neurexin-38 [Oreouchromis niloidus] XP_025754500.1 gastrula zinc finger protein XIGEF26.1 isoform X1 [Oreouchromis niloidus] XP_025755315.1 diacy[glycerol kinase lota isoform X1 [Oreouchromis niloidus] XP_025757571.1 protein kinase C-binding protein 1 isoform X1 [Oreouchromis niloidus] XP_025757071.1 protein kinase C-binding protein 1 isoform X1 [Oreouchromis niloidus]	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None MLPH None DGKI ZMYND8 CD162
AF_UC2013/02/0111 kmitrospeninting protein 2 bootinin 27 lisoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025753011 letratiocoperide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025754367.1 LoOW QUALITY PROTEIN: neureaux-able [Oreochromis niloticus] XP_025754503.1 melanophilin isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025754503.1 melanophilin isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025754503.1 melanophilin isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025754501.1 gastuptycerol kinase lota isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_02575460.1 gastuptycerol kinase lota isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025757460.1 caveglycerol kinase lota isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025757460.1 scavenger receptor cysteine-rich type 1 protein M130 [Oreochromis niloticus]	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None MLPH None DGKI ZMYND8 CD163
Ar0220 Jo2001 - National protein 2 Solomin 2 (Direcultionis initiatus) XP02575301.1 I tetratiocoperide repeat protein 2 isoform X1 (Oreochromis initiatus) XP_025753134.1 pro-neuregulin-3, membrane-bound isoform isoform X1 (Oreochromis initiatus) XP_025753135.1 I tetration protein 2 isoform X1 (Oreochromis initiatus) XP_025753133.1 melanophilm isoform X1 (Oreochromis initiatus) XP_02575313.1 melanophilm isoform X1 (Oreochromis initiatus) XP_02575313.1 melanophilm isoform X1 (Oreochromis initiatus) XP_02575315.1 diacytglycerol kinase icla isoform X1 (Oreochromis initiatus) XP_02575315.1 diacytglycerol kinase icla isoform X1 (Oreochromis initiatus) XP_02575469.1 scavenger receptor cystein-recht type 1 protein M130 (Oreochromis initiatus) XP_02575489.1 square copbor cystein-recht type 1 protein M130 (Oreochromis initiatus) XP_025758914.1 glycosaminoglycan xylosylkinase isoform X1 [Oreochromis initiatus]	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None MLPH None DGKI ZMYND8 CD163 FAM20B
AF_UC2013/00/11 Iteratricopeptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_02575301: Iteratricopeptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025754367.1 Low QUALITY PROTEIN: neureas. X1 [Oreochromis niloticus] XP_025754503.1 melanophilin isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025754503.1 melanophilin isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025754503.1 melanophilin isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025757515.1 flacy[glycenol kinase Iota isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025757460.1 searenger receptor cysteine-rich type 1 protein M130 [Oreochromis niloticus] XP_025757469.1 scavenger receptor cysteine-rich type 1 protein M10[Oreochromis niloticus] XP_025757469.1 scavenger receptor cysteine-rich type 1 protein niloticus] XP_02576192.1 LOW QUALITY PROTEIN: neureain-20 (recentromis niloticus]	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None MLPH None DGKI ZMYND8 CD163 FAM20B NRXN2
Ar0220102001:1 Nimics-onitoring proteint 2 bootint Ar [Oreochromits initiatus] XP_025753011:1 Istratiocope/bite repeat proteint ar [Oreochromits initiatus] XP_025753334.1 pro-neureguilin-3, membrane-bound isoform isoform X1 [Oreochromits initiatus] XP_025753335.1 netanophilin isoform X1 [Oreochromits initiatus] XP_025754800.1 gastrula zinc finger protein XICGF26.1 isoform X1 [Oreochromits initiatus] XP_025753515.1 diacylglycerol kinase icla isoform X1 [Oreochromits initiatus] XP_025753515.1 diacylglycerol kinase icla isoform X1 [Oreochromits initiatus] XP_02575460.1 gastrula zinc finger protein XICGF26.1 isoform X1 [Oreochromits initiatus] XP_025753515.1 diacylglycerol kinase icla isoform X1 [Oreochromits initiatus] XP_02575460.1 scavenger receptor cysteline-rich type 1 protein M130 [Oreochromits initiatus] XP_025753611.2 LLOW QUALITY PROTEIN: neuresin-2 [Oreochromits initiatus] XP_025751192.1 LOW QUALITY PROTEIN: neuresin-2 [Oreochromits initiatus] XP_025753044.1 stanscription cofactor vestigia-like protein A i isoform X1 [Oreochromits initiatus]	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None MLPH None DGKI ZMYND8 CD163 FAM20B NRXN2 VGLL4
 AF_u201300011 Iteratricoperiptie repeat protein 2 Isolomit AT [Oreochromis niloicus] XP_025753011 Iteratricoperiptie repeat protein 27 Isolomit X1 [Oreochromis niloicus] XP_02575303411 Iteratricoperiptie repeat protein 30 [Oreochromis niloicus] XP_0257543671 LOW QUALITY PROTEIN: neurexin-38 [Oreochromis niloicus] XP_0257543671 Isolar (negre rotein X1GF261. Isolorm X1 [Oreochromis niloicus] XP_025755315.1 diacylglycerol kinase tota isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_025757671.1 protein kinase C-binding protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_0257576469.1 scavenger receptor cysteine-rich type 1 protein M130 [Oreochromis niloicus] XP_02575469.1 scavenger receptor cysteine-rich type 1 protein miloicus] XP_02576142.1 LOW QUALITY PROTEIN: neurexin-2 [Oreochromis niloicus] XP_02576304.1 transcription cofactor vestigial-like protein 4 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_02576304.1 transcription cofactor vestigial-like protein 4 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_02576304.1 transcription cofactor vestigial-like protein 4 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_0257804.1 transcription cofactor vestigial-like protein 4 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_0257804.1 transcription cofactor vestigial-like protein 4 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_0257804.1 transcription cofactor vestigial-like protein fits form X1 [Oreochromis niloicus] XP_0257804.1 transcription cofactor vestigial-like protein fits form X1 [Oreochromis niloicus] XP_0257804.1 transcription cofactor vestigial-like protein fits form X1 [Oreochromis niloicus] 	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None MLPH None DGKI ZMYND8 CD163 FAM20B NRXN2 VGLL4 GNL3I
Ar0220 Jobdo 1. Networkson and protein 2 abodim 1.7 (preductionis niloitous) XP_0257530301.1 tertarioopeptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloitous] XP_025753334.1 pro-neuregulin-3, membrane-bound isoform isoform X1 [Oreochromis niloitous] XP_025754367.1 LOW QUALITY PROTEIN: neurean-3b [Oreochromis niloitous] XP_02575450.1 gastrula zinc finger protein XI [Oreochromis niloitous] XP_02575450.1 gastrula zinc finger protein XICGF26.1 isoform X1 [Oreochromis niloitous] XP_02575450.1 gastrula zinc finger protein XICGF26.1 isoform X1 [Oreochromis niloitous] XP_02575450.1 gastrula zinc finger protein XICGF26.1 isoform X1 [Oreochromis niloitous] XP_025757515.1 diacylglycerol kinase itola isoform X1 [Oreochromis niloitous] XP_025757469.1 scavenger receptor cysteine-rich type 1 protein M130 [Oreochromis niloitous] XP_02575319.1 upytois kinase isoform X1 [Oreochromis niloitous] XP_02575304.1 gyocosaminoglycan xylosylkinase isoform X1 [Oreochromis niloitous] XP_02576304.1 tanscription cofactor vestigial-like protein A isoform X1 [Oreochromis niloitous] XP_025763241.1 guanine nucleotide-binding protein-like 3-like protein sitoform X1 [Oreochromis niloitous] XP_025763241.1 guanine nucleotide-binding protein-like 3-like protein isoform X1 [Oreochromis niloitous] XP_025763241.1 guanine nucleotide-binding protein-like 3-like protein isoform X1 [Oreochromis niloitous] XP_025763241.1 guanine nucleotide-binding protein-like 3-like protein isoform X1 [O	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 NRG3 NRG3 MLPH None DGKI ZMYND8 CD163 CD163 CD163 RXN2 VGLL4 GN13L CG1047 Z
 AF_02037030011 Itertatiocopelide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_02575303011 Itertatiocopelide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_02575333411 pro-neuregulin-3, membrane-bound isoform isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0257543671 LOW QUALITY PROTEIN: neurexin-38 [Oreochromis niloticus] XP_0257543671 LOW QUALITY PROTEIN: neurexin-38 [Oreochromis niloticus] XP_0257543671 LOW QUALITY PROTEIN: neurexin-38 [Oreochromis niloticus] XP_025754800.1 gastrula zinc finger protein X1GP267.1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025756315.1 diacylglycerol kinase icla isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025756915.1 diacylglycerol kinase icla isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025756915.1 diacylglycerol kinase isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025756914.1 glycosaminoglycan xylosylkinase isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025751152.1 LOW QUALITY PROTEIN: neurexin-2 [Oreochromis niloticus] XP_025763044.1 transcription cofactor vestigial-like protein 4 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025763044.1 usenine nucleotide-binding protein-like 3-like protein isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025763044.1 usenine nucleotide-binding protein-like 3-like protein isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025763044.1 usenine nucleotide-binding protein-like 3-like protein isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025763044.1 usenine nucleotide-binding protein-like 3-like protein isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025763341.1 UPF0687 protein C20orf27 homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus] 	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None MLPH None DGKI ZMYND8 CD163 FAM20B NRXN2 VGLL4 GNL3L C200rf27
Ar_uc2013/02/011 Iteratricopeptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_u257530011 Iteratricopeptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_u25754307.1 Iteratricopeptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_u25754307.1 LOW QUALITY PROTEIN: neurean-3b [Oreochromis niloticus] XP_u25754307.1 LOW QUALITY PROTEIN: neurean-3b [Oreochromis niloticus] XP_u25754531.1 diacytylycerol kinase itola isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_u25754531.1 diacytylycerol kinase itola isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_u25754531.1 diacytylycerol kinase itola isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_u25757469.1 scavenger receptor cysteine-rich type 1 protein M130 [Oreochromis niloticus] XP_u25757814.1 gylocosaminoglycan xylosylkinase isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_u25763044.1 ranscription cofactor vestigial-like protein 4 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_u25763241.1 gylocosaminoglycan xylosylkinase isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_u25763241.1 gylocosamin	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None DGKI ZMYND8 CD163 RAM20B NRXN2 VGLL4 GNL3L C20ort27 SHANK3
 AF_0201302011 Iterationceptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025753031.1 Iterationceptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025753133.1 Internophile repeat protein 20 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025753133.1 Internophile isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_02575313.1 Intelanophile isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_02575313.1 Intelanophile isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_02575313.1 Intelanophile isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_02575315.1 diacy[dycerol kinase Icla isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_02575315.1 diacy[dycerol kinase Icla isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_02575316.1 diacy[dycerol kinase Icla isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_02575316.1 savenger receptor cysteine-rich type 1 protein M130 [Oreochromis niloticus] XP_02575469.1 savenger receptor cysteine-rich type 1 protein M130 [Oreochromis niloticus] XP_02575112.1 LOW QUALITY PROTEIN: neurexin-2 [Oreochromis niloticus] XP_02576112.1 LOW QUALITY PROTEIN: neurexin-2 [Oreochromis niloticus] XP_025763241.1 guanine nucleotide-binding protein-like 3-like protein isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025763333.1 UPF0687 protein C200727 homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025763333.1 UPF0687 protein C200727 homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025763333.1 UPF0687 protein C200727 homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025763333.1 UPF0687 protein C200727 homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025763333.1 UPF0687 protein C200727 homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025763333.1 UPF0687 protein C200727 homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025763333.1 UPF0687 protein C200727 homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_025763333.1 UPF068	ABCC1 DOP1A RIMB27 NRG3 None MLPH None DGKI ZMYND8 CD163 FAM208 VGLL4 GNL3L C20of27 SHANK3
Ar0220_302011 Iteratricopeptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_02575303011 Iteratricopeptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0257543011 Iteratricopeptide repeat protein 27 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_0257543011 LOW QUALITY PROTEIN: neureas.ab [Oreochromis niloticus] XP_025754301 Geschick and	ABCC1 DOP1A RIMBP2 TTC27 NRG3 None MLPH None DGKI ZMYND8 CD163 FAM20B NRXN2 VGLL4 C20orf27 SHANK3 DGKZ PAR1

CJ (3)

NCBIに登録されている遺伝子名	ヒトでの遺伝子名
NP_001298261.1 heat shock 70 kDa protein 1 [Oreochromis niloticus]	None
XP_003440279.1 general transcription factor 3C polypeptide 4 [Oreochromis niloticus]	GTF3C4
XP_003440977.1 gamma-aminobutyric acid receptor subunit gamma-3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	GABRG3
XP_003444381.1 ribosome-recycling factor, mitochondrial [Oreochromis niloticus]	MRRF
XP_003445340.1 GTP-binding protein 8 [Oreochromis niloticus]	GTPBP8
XP_003446430.1 homeobox protein Hox-B4a [Oreochromis niloticus]	None
XP_003446513.1 carnitine O-palmitoyltransferase 1, liver isoform [Oreochromis niloticus]	CPT1A
XP_003446524.1 fez family zinc finger protein 2 [Oreochromis niloticus]	FEZF2
XP_003446525.1 bis(5'-adenosyl)-triphosphatase [Oreochromis niloticus]	FHIT

XP_003446551.1 serine/threonine-protein kinase 35 [Oreochromis niloticus]	STK35
XP_003446857.1 melatonin receptor type 1B-B [Oreochromis niloticus]	None
XP_003446921.1 short transient receptor potential channel 4 [Oreochromis niloticus]	TRPC4
AF_003447000.1 Corte-binlang lacks southin beta isolom AT [Oreocritomis miloicus] VP_003448372 PCNA.interaction anther isoform X1 [Oreocritomis miloicus]	DARDER
Az _ocorrector of 2 - f othermiseding parties insolution and precommunication insolutions [] / Othermiseding parties insolution and precommunication insolutions [] / Othermiseding parties insolution and precommunication insolutions [] / Othermiseding parties insolution and precommunication and pre	CACNA2D3
XP 003448962.2 stromal membrane-associated protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SMAP2
XP_003449057.1 nuclear receptor subfamily 5 group A member 2 [Oreochromis niloticus]	NR5A2
XP_003449487.1 microfibril-associated glycoprotein 4-like [Oreochromis niloticus]	None
XP_003449522.1 zinc finger protein OZF [Oreochromis niloticus]	ZNF146
XP_003449745.1 melatonin receptor type 1A isoform X1 [Oreochromis niloticus]	MTNR1A
XP_003449999.1 sialic acid synthase [Oreochromis niloticus]	NANS
XP_003450117.1 ar-GAP with dual PH domain-containing protein 1 [Oreochromis niloticus]	ADAP1
XP_003451357.1 E3 SUMO-protein ligase PIAS4 [Oreochromis niloticus]	PIAS4
Ar_JUD3451414.2 JOKNIEGA DAX protein D T Dreochnomis nilodicus]	DNA IC21
AT_000401044.1 dina remensional galariami o member 21 (precombine modelas) XP 003451651 (cashase-3 lOrenochromis niloince)	CASP3
XP 003451846.1 sorting nexin-25 [Oreochromis niloticus]	SNX25
XP_003451868.1 long-chain-fatty-acidCoA ligase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ACSL1
XP_003451898.1 cullin-associated NEDD8-dissociated protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CAND1
XP_003453618.1 T-box transcription factor TBX4 [Oreochromis niloticus]	TBX4
XP_003454177.1 protein tyrosine phosphatase type IVA 1 [Oreochromis niloticus]	PTP4A1
XP_003454293.1 procollagen-lysine,2-oxoglutarate 5-dioxygenase 1 [Oreochromis niloticus]	PLOD1
XP_003454916.1 popeye domain-containing protein 3 [Oreochromis niloticus]	POPDC3
XP_003497689.2 epinni-t2 [Ureochromis inioacus]	EFNB2
AF_003499994.1 COMM domain-containing protein 1 (Dredoritoritis miloticos) XP_00544994.1 CoMM domain-containing protein 1 (Dredoritoritis miloticos) XP_0054494.3 1 outative nortein TPRXI (Dredoritoritis initiaticas)	TPRXI
As _opering the present of the prese	TSHR
XP 005450057.1 gamma-aminobutyric acid receptor subunit alpha-5 [Oreochromis niloticus]	GABRA5
XP_005450810.1 RNA polymerase II subunit A C-terminal domain phosphatase isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CTDP1
XP_005450904.1 AP-4 complex subunit epsilon-1 [Oreochromis niloticus]	AP4E1
XP_005452095.1 netrin receptor UNC5C isoform X1 [Oreochromis niloticus]	UNC5C
XP_005452260.1 plexin-B1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	PLXNB1
XP_005452456.1 peroxisomal biogenesis factor 3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	PEX3
XP_005452468.2 connector enhancer of kinase suppressor of ras 3 [Oreochromis niloticus]	CNKSR3
XP_UU5453504.1 receptor-type tyrosine-protein pnosphatase gamma [Urecontomis niloticus] YP_00545258F1 MO(1) K of 5 authomily momphone in prosphatase function in all for any second s	MDDe
AF_000430503. Taming induction of a solution of the solution o	LAMC3
XP 005454886.2 complement C3 [Oreochromis niloicus]	C3
XP_005456487.1 protein SEC13 homolog [Oreochromis niloticus]	SEC13
XP_005456680.1 liprin-beta-1 [Oreochromis niloticus]	PPFIBP1
XP_005458726.1 CREB3 regulatory factor [Oreochromis niloticus]	CREBRF
VD. 005450007.4 DENN domain proteining protein 3D inform V4 (One observing disting)	DENND2D
AP_005456637.1 DEINI domain-containing protein 2D isolom XT [oreochromis miloticus]	
AP_003430837.1 DENN domain-containing protein 20 isolom X1 [Oreochromis miloucus] XP_005458845.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 [Oreochromis niloticus]	LRIF1
Ar_U09496057.1 DENV domain-zonaining protein zo i solomit A i [Oreochromis miloticus] AF_U094588451.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 (Oreochromis niloticus] XP_005468013.1 protein inscuteable homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus]	LRIF1 INSC
AP_005496057.1 DENV domain-zoniaining proteini zo i solomit X i [Oreochromis miloicus] XP_005458484.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005460990.1 5/AMP-activated proteini kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005460990.1 5/AMP-activated proteini kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloicus]	LRIF1 INSC None
AP_005496057.1 DENV domain-zoniaming protein zo isourni X i [Oreochromis miloticus] XP_005458845.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 [Oreochromis niloticus] XP_005460090.1 5'-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: peroxidasin homolog [Oreochromis niloticus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: peroxidasin homolog [Oreochromis niloticus]	LRIF1 INSC None PXDN
AP_005495057.1 DENV domain-zoniaming protein 20 isourni X1 [Oreochromis miloticus] XP_005450845.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 [Oreochromis niloticus] XP_005460090.1 5'-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: perxxidasin homolog [Oreochromis niloticus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: perxxidasin homolog [Oreochromis niloticus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: 5 a ubiquitin-orbitotus]	LRIF1 INSC None PXDN RCOR1 PRKN
Ar00549605.1 / DENN domain-zoniaming protein 20 isoumn X1 [Oreochromis miloicus] XP_0054584051.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 (Oreochromis niloicus] XP_005460990.1 5:-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005641945.2 LOW QUALTY PROTEIN: Ersuxidasin homolog [Oreochromis niloicus] XP_005641995.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005641995.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005642306.2 LOW QUALTY PROTEIN: Es ubiquitin-protein ligase parkin [Oreochromis niloicus] XP_005641917.1 addici mammalian chitinase [Oreochromis niloicus]	LRIF1 INSC PXDN RCOR1 PRKN CCHIA
AP_00549905.7.1 DENN domain-zoniaming protein 20 isodmit A [Dreochromis miloticus] XP_005458465.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 (Oreochromis niloticus] XP_005460990.1 5:-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: peroxidasin homolog [Oreochromis niloticus] XP_0054619305.2 LOW QUALITY PROTEIN: E3 ubiquitin-protein ligase parkin [Oreochromis niloticus] XP_005462306.2 LOW QUALITY PROTEIN: E3 ubiquitin-protein ligase parkin [Oreochromis niloticus] XP_005463377.1 acidic mammalian chilinase [Oreochromis niloticus] XP_005463377.1 acidic mammalian chilinase [Oreochromis niloticus]	LRIF1 INSC None PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1
AP_00549605.7.1 DENV domain-zoniaming protein 2c is solomit X [precontromis miloticus] XP_005458451 [ingand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 (precohromis niloticus] XP_005460990.1 5r-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [preochromis niloticus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: peroxidasin homolog [procechromis niloticus] XP_00546195.1 REST corepressor 1 [precothromis niloticus] XP_005462306.2 LOW QUALITY PROTEIN: E3 ubiquitin-protein ligase parkin [preochromis niloticus] XP_005464377.1 acidic mammalian chlinase [preochromis niloticus] XP_005464377.1 acidic mammalian chlinase [preochromis niloticus] XP_005464377.1 acidic mammalian chlinase [preochromis niloticus] XP_005464377.1 acidic nammalian chlinase [preochromis niloticus]	LRIF1 INSC None PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1
AP_00549605/1 DENV domain-zoniaming protein 2c is solom X1 [Oreochromis miloicus] XP_005458405 [I ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 (Oreochromis niloicus] XP_005460990.1 5'AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: peroxidasin homolog [Oreochromis niloicus] XP_00546195.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005464327.1 a cidic mammalian chilinase [Oreochromis niloicus] XP_005464377.1 a cidic mammalian chilinase [Oreochromis niloicus] XP_005464377.1 a cidic mammalian chilinase [Oreochromis niloicus] XP_005464627.1 hindbolin-1 [Oreochromis niloicus] XP_005467175.1 melanocyte-stimulating hormone receptor [Oreochromis niloicus]	LRIF1 INSC None PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R
AF_00549805.1 1 DENN domain-zonaming protein 20 isoumn X1 [Oreochromis miloicus] XP_005458405.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 (Oreochromis niloicus] XP_005461905.1 S-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005461905.2 LOW OUALITY PROTEIN: Ersuxidasin homologi [Oreochromis niloicus] XP_005461905.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005461905.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005461915.1 radicin ammanial nchitinase [Oreochromis niloicus] XP_005461915.1 radicin ammanial nchitinase [Oreochromis niloicus] XP_00546170.1 radicin ammanian chitinase [Oreochromis niloicus] XP_00546170.1 radicin ammanien receptor [Oreochromis niloicus] XP_00546170.1 radicin ammanien receptor [Oreochromis niloicus] XP_00546170.1 radicinase] XP_00546170.1 radicinas	LRIF1 INSC None PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R SPRY1
AP_00549605/1 DENN domain-zonaming protein 2c is solom X1 [Oreochromis miloticus] XP_005458045, I ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 (Oreochromis niloticus] XP_005460990.1 5:-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: perxvidasin homolog [Oreochromis niloticus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: perxvidasin homolog [Oreochromis niloticus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: E3 ubiquitin-protein ligase parkin [Oreochromis niloticus] XP_005462306.2 LOW QUALITY PROTEIN: E3 ubiquitin-protein ligase parkin [Oreochromis niloticus] XP_00546270.1 H/ACA ribonucleoprotein complex subunit IBC1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005467046.1 rhombotin-1 [Oreochromis niloticus] XP_005467045.1 rhombotin-1 [Oreochromis niloticus] XP_005467045.1 protein sprouth phonolog 1[Oreochromis niloticus] XP_00547045.1 protein sprouth phonolog 1[Oreochromis niloticus]	LRIF1 INSC None PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R SPRY1 MAZ
AP_00549805.1 DENN domain-zonaming protein 2c is solom X 1 [Creachromis miloticus] XP_00545805.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 [Creachromis niloticus] XP_005460990.1 5: AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Creachromis niloticus] XP_005460990.1 5: AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Creachromis niloticus] XP_005460990.1 5: AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Creachromis niloticus] XP_005460995.1 REST corepressor 1 [Creachromis niloticus] XP_005462306.2 LOW QUALITY PROTEIN: E3 ubiquitin-protein ligase parkin [Creachromis niloticus] XP_005462306.2 LOW QUALITY PROTEIN: E3 ubiquitin-protein ligase parkin [Creachromis niloticus] XP_005462307.1 acidic mammalian chilinase [Creachromis niloticus] XP_005467046.1 rhombotin-1 [Creachromis niloticus] XP_005467075.1 melanceleportein complex subunit DKC1 isoform X1 [Creachromis niloticus] XP_005467075.1 melanceleportein complex protein [Creachromis niloticus] XP_005467075.1 melanceleportein protein [Creachromis niloticus] XP_005467075.1 melanceleportein protein [Creachromis niloticus] XP_005469177.2 myc-associated zinc finger protein [Creachromis niloticus] XP_005469177.1 secondated zinc finger protein [Creachromis niloticus]	LRIP1 INSC None PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R SPRY1 MAZ NLK2
AF_00549863/1 DENN domain-zoniaming protein 2c is solom X [Creachromis miloicus] XP_005458845. Il igand-dependent nuclear receptor-interacting factor [Creachromis niloicus] XP_005469013.1 protein inscuteable homolog isofom X1 [Creachromis niloicus] XP_005461995.1 S-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Creachromis niloicus] XP_005461995.2 LOW QUALITY PROTEIN: peroxidasin homolog [Creachromis niloicus] XP_005461995.1 REST corepressor 1 [Creachromis niloicus] XP_005461935.1 REST corepressor 1 [Creachromis niloicus] XP_005461937.1 acidic mammalian chilinase [Creachromis niloicus] XP_00546270.1 H/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Creachromis niloicus] XP_005461715.1 melanocyte-stimulating homone receptor [Creachromis niloicus] XP_005467175.1 melanocyte-stimulating homone receptor [Creachromis niloicus] XP_005470056.1 alpha-1.6-mannosylgytoprotein 6-beta-h-acetylglucocasaminyltransferas	LRIF1 INSC None PXDN PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MCIR SPRY1 MAZ NLK2 MGAT5 DCORT5
AF_00549805.1 DENN domain-zonaming protein 2c isodmX A [Decohromis miloticus] XP_00545805.1 Igand-dependent nuclear receptor-interacting factor Oreochromis niloticus] XP_00546090.1 5:-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005461905.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloticus] XP_005461701.1 acidic mammalian chitinase [Oreochromis niloticus] XP_005461701.5 i acidic mammane necessor 1 [Oreochromis niloticus] XP_005461701.5 i melancybe-stimulating home receptor [Oreochromis niloticus] XP_005461701.5 i melancybe-stimulating home receptor [Oreochromis niloticus] XP_005461701.5 i melancybe-stimulating home receptor [Oreochromis niloticus] XP_005461702.5 i melancybe-stimulating home receptor [Oreochromis niloticus] XP_005461701.5 i melancybe-stimulating home receptor [Oreochromis niloticus] XP_005461701.5 i melancybe-stimulating home receptor [Oreochromis niloticus] XP_005461701.5 i alerinenthrenoine-protein kinase NLK2 [Oreochromis niloticus] XP_005461702.5 i alerinenthrenoine-protein [Narase NLK2] CPC05470056.1 alpha-1,6-mannosylglycoprotein 6-beta-N-acetylglucosaminyltransferase B isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005473728.1 N-acetyllactosaminide beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 2 [Oreochromis niloticus] XP_005473728.1 N-acetyllactosaminide beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 2 [Oreochromis niloticus]	LRIF1 INSC None PXDN PXDN PCN1 DRC1 LMO1 MC11 LMO1 MC17 MAZ NLK2 MGAT5 B3GNT2 Kiezon
AF_00549805.1 DENN domain-zonaming protein 20 isodm? A [Dreachromis miloticus] XP_005458045.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor Oreochromis niloticus] XP_005460990.1 5-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005461995.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloticus] XP_005461925.2 LOW OUALITY PROTEIN: Ers zwickasin homolog [Oreochromis niloticus] XP_005461925.2 LOW OUALITY PROTEIN: Ers zwickasin homolog [Oreochromis niloticus] XP_005462306.2 LOW OUALITY PROTEIN: Ers zwickasin homolog [Oreochromis niloticus] XP_0054627045.2 LOW OUALITY PROTEIN: Ers zwickasin homolog [Oreochromis niloticus] XP_00546270.1 H/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005467045.1 thembolin-1 [Oreochromis niloticus] XP_0054680177.2 myc-associated zinc finger protein [Oreochromis niloticus] XP_005469177.1 serine/hreonine-protein kinase NLK2 [Oreochromis niloticus] XP_0054705451.1 alpha-1.6-manosylg/coproteine 6-beta-N-acety/glucosaminytransferase B isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005473728.1 N-acetylactosaminde beta-1.3-N-acetylglucosaminytransferase 2 [Oreochromis niloticus] XP_00547379.1 kinesin-like protein Kinzes (I/oreochromis niloticus] XP_00547379.1 kinesin-like protein kinzes (I/Oreochromis niloticus]	LRIF1 INSC None PXDN PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R SPRY1 MAZ NLK2 MGAT5 B3GNT2 KIF20B GPR171
AP_00549805.1 DENN domain-zonaming protein 2c is solom X1 [Oreochromis miloticus] XP_00545805.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 (Oreochromis niloticus] XP_005460990.1 5:-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005461905.1 SEST corepressor 1 [Oreochromis niloticus] XP_005461925.2 LOW QUALITY PROTEIN: perxvidasin homolog [Oreochromis niloticus] XP_00546230.6 2 LOW QUALITY PROTEIN: E3 ubiquitin-protein ligase parkin [Oreochromis niloticus] XP_00546270.1 hi/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_00546270.1 hi/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_00546270.1 hi/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_00546270.1 hi/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_00546270.1 hi/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_00546270.1 hi/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005467046.1 rhombotin-1 [Oreochromis niloticus] XP_005467075.1 melancoyte-stimulating hormone receptor [Oreochromis niloticus] XP_005469177.2 myc-associated zinc finger protein [Oreochromis niloticus] XP_005469177.2 nyc-associated zinc finger protein [Oreochromis niloticus] XP_005470795.1 alpha-1.6-mannosylglycoprotein 6-beta-N-acetylglucosaminyltransferase B isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005473799.1 kinesin-like protein supute ki/2098 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_00547379.1 hacetyliadcosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminyltransferase B isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_00547379.1 kinesin-like protein Ki/E008 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_00547379.1 kinesin-like protein Ki/E008 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_00547399.1 kinesin-like protein Ki/E008 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_00547399.1 kinesin-like protein Ki/E008 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_00547399.1 kinesin-like pro	LRIF1 INSC None PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R MC1R MC1R MC17 MAZ NLK2 SPRY1 MAZ NLK2 SPRY1 MAZ NLK2 SPRY1 MAZ NLK2 NLK2 NGAT5 BG30T2 KIF20B GPR171 None
AF_00549863/1 DENN domain-gendening protein 20 isoumn X [Decochromis miloicus] XP_005458845. Il igand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005469013.1 protein inscuteable homolog isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005461995.1 Cov QUALITY PROTEIN: peroxidasin homolog [Oreochromis niloicus] XP_005461995.2 LOW QUALITY PROTEIN: Peroxidasin homolog [Oreochromis niloicus] XP_005461995.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005461995.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005461977.1 acidic mammas [Oreochromis niloicus] XP_005461977.1 acidic mammas [Oreochromis niloicus] XP_00546177.1 acidic mammas [Oreochromis niloicus] XP_00546177.5 1 melanocyte-stimulating homone receptor [Oreochromis niloicus] XP_00546177.5 1 melanocyte-stimulating homone receptor [Oreochromis niloicus] XP_00546177.5 1 melanocyte-stimulating homone receptor [Oreochromis niloicus] XP_005467268.1 protein sprouty homolog 1 [Oreochromis niloicus] XP_005467178.1 seinenthreonine-protein inase NLX2 [Oreochromis niloicus] XP_005467178.1 seinenthreonine-protein Kinase NLX2 [Oreochromis niloicus] XP_00547178.1 seinenthreonine-protein Kinase NLX2 [Oreochromis niloicus] XP_00547178.1 seinenthreonine-protein Kinase NLX2 [Oreochromis niloicus] XP_00547178.1 seinenthreonine horein KI20 [Decothromis niloicus] XP_005474967.1 homobali Keizel Si soform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005474967.1 probabi G-protein KE20 [Si soform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005474967.1 pro	LRIF1 INSC None PXDN PXDN RCOR1 PRKN OHIA DKC1 LMO1 MC1R SPRY1 MAZ NK2 MGAT5 B3GNT2 KIF20B GPR171 None EMLIN2
AF_00549805.1 DENN domain-Zonaming protein 20 isoum X1 [Creachromis miloicus] XP_00548045.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor Creachromis niloicus] XP_005460990.1 5:-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Creachromis niloicus] XP_005461995.1 REST corepressor 1 [Creachromis niloicus] XP_005461905.1 REST corepressor 1 [Creachromis niloicus] XP_005461915.1 radicin ammanen net receive [Creachromis niloicus] XP_005461915.1 radicin ammanen net receive [Creachromis niloicus] XP_005461915.1 melancytes-isfmulating homene receive [Creachromis niloicus] XP_005461976.1 melancytes-isfmulating homene receive [Creachromis niloicus] XP_005461977.2 myc-associated zinc finger protein [Creachromis niloicus] XP_005461977.2 myc-associated zinc finger protein [Creachromis niloicus] XP_005473728.1 N-acetyllactosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminyltransferase B isoform X1 [Creachromis niloicus] XP_005473728.1 N-acetyllactosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminyltransferase B isoform X1 [Creachromis niloicus] XP_005473728.1 N-acetyllactosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminyltransferase B isoform X1 [Creachromis niloicus] XP_00547378.1 N-acetyllactosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminyltransferase B isoform X1 [Creachromis niloicus] XP_00547951.1 pro-MCH 2 [Creachromis niloicus] XP_00547951.1 pro-MCH 2 [Creachromis niloicus] XP_005479557.1 EMLIN-1 zisoform X1 [Creachromis niloicus] XP_00547395.1 pro-MCH 2 [Creachr	LRIF1 INSC None PXDN PXDN PCN COR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R MC1R MC1R MC1R MAZ NIK2 MGAT5 B3GNT2 KIF20B GFR171 None EMILIN2 ARD1B
AF_00549805.1 DENN domain-Containing protein 20 isolom X1 [Oreochromis niloicus] XP_00545805.1 Igand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 (Oreochromis niloicus] XP_005460990.1 5-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005461995.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005461995.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005462306.2 LOW QUALITY PROTEIN: Ex subiquitin-protein ligase parkin [Oreochromis niloicus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: Ex subiquitin-protein ligase parkin [Oreochromis niloicus] XP_005461926.2 LOW QUALITY PROTEIN: Ex subiquitin-protein ligase parkin [Oreochromis niloicus] XP_005462306.2 LOW QUALITY PROTEIN: Ex subiquitin-protein ligase parkin [Oreochromis niloicus] XP_00546270.1 H/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005467046.1 rhombolin-1 [Oreochromis niloicus] XP_005467045.1 rhombolin-1 [Oreochromis niloicus] XP_005467077.2 myc-associated zinc finger protein [Oreochromis niloicus] XP_005469177.2 myc-associated zinc finger protein [Oreochromis niloicus] XP_00547099.1 a lanba-1.6-mannosylg/vcoprotein 6-beta-N-acetylg/uccsaminytransferase B isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005473799.1 kinesin-like protein kinase NLK2 [Oreochromis niloicus] XP_00547379.1 kinesin-like protein kinase Parkin [Oreochromis niloicus] XP_00547379.1 kinesin-like protein kinase NLK2 [Oreochromis niloicus] XP_00547379.1 kinesin-like protein kinase NLK2 [Oreochromis niloicus] XP_00547379.1 kinesin-like protein KIP20B isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_00547379.1 kinesin-like protein kinase Parkin [Oreochromis niloicus] XP_00547577.1 EMILIN-2 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005476577.1	LRIF1 INSC None PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R MC1R MC1R MC1R MC1R MC1R MC1R MC1
AF_00548637.1 DENN domain-Zonaming protein Zo isodmX N [Potechromis niloicus] XP_005486437.1 IgenAt-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005461995.1 S-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: perxvidasin homolog [Oreochromis niloicus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: perxvidasin homolog [Oreochromis niloicus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: E3 ubiquitin-protein ligase parkin [Oreochromis niloicus] XP_005461245.2 LOW QUALITY PROTEIN: E3 ubiquitin-protein ligase parkin [Oreochromis niloicus] XP_00546270.1 H/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005467046.1 rhombotin-1 [Oreochromis niloicus] XP_005467045.1 serineIthreonine-protein [Oreochromis niloicus] XP_005467045.1 alpha-1.6-mannosylglycoprotein 6-beta-N-acetylglucosaminytransferase B isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005473732.1 N-acetyliactosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminytransferase B isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005473799.1 kinesin-like protein scupted rotein Coreochromis niloicus] XP_005473799.1 kinesin-like protein isotopated receptor 171 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005473799.1 kinesin-like protein isotopated receptor 171 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005473795.1 pro-MCH 2 [Oreochromis niloicus] XP_005477657.1 EMILIN-2 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_00547657.1 EMILIN-2 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005477592.1 V-Acetylgucosamine-6-photaphate desceptylase [Maylandia zabra] XP_005477592.1 V-Acetylgucosamine-6-photaphate desceptylase [Maylandia zabra] XP_013123196.1 protein strawbery notch homolog 2 isoform X1 [Oreochromis niloicus]	LRIF1 INSC None PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R SPRY1 MC1R SPRY1 MLK2 MGAT5 B3(GNT2 KIF20B GPR171 KIF20B GPR171 None EMILIN2 ARID1B ARID1B ARID1B SBNO2
AF_00549863/.1 DENN domain-domaining protein 20 isolom X1 [Oreochromis miloicus] XP_005458845.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005461915.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005461915.2 LOW QUALITY PROTEIN: peroxidasin homolog [Oreochromis niloicus] XP_005461915.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005461915.1 netation and the subject of the subject o	LRIF1 INSC None PXDN PCN RCOR1 PRKN OHIA DKC1 LMO1 MCIR SPRY1 MAZ NIK2 MGAT5 B3GNT2 KIF20B GPR171 None EMLIN2 ARID18 AMD102 SSN02 PDGFD
AF_00549805.1 DENN domain-Containing protein 20 isoumn X (procontromis miloicus) XP=00548805.1 Igand-dependent nuclear receptor-interacting factor () Creochromis niloicus) XP=005461995.1 ReST corepresent () Creochromis niloicus) XP=005461975.1 rest () Creochromis niloicus) XP=005461704.1 neitonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 (Oreochromis niloicus) XP=005461704.1 neitonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 (Oreochromis niloicus) XP=005461705.1 melancybe-strainulatin () Creochromis niloicus] XP=005461705.1 melancybe-strainulatin () Creochromis niloicus] XP=005461705.1 melancybe-strainulatin () Creochromis niloicus] XP=005461707.2 myc-associated zinc finger protein (Creochromis niloicus) XP=005461707.2 myc-associated zinc finger protein (Oreochromis niloicus) XP=005473728.1 N-acetyllactosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminyltransferase B isoform X1 (Oreochromis niloicus) XP=005473728.1 N-acetyllactosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminyltransferase 2 (Oreochromis niloicus) XP=00547378.1 N-acetyllactosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminyltransferase 2 (Oreochromis niloicus) XP=00547375.1 rp-McH 2 (Oreochromis niloicus) XP=005474575.1 rp-McH 2 (Oreochrom	LRIF1 INSC None PXDN PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R SPRY1 MAZ NK12 MGAT5 B3GNT2 KIF20B GPR171 None EMILIN2 ARID1B AMDHD2 SBN02 PDGFD MFSD11
AF_0054863/7.1 DENN domain-Containing protein 20 isolom X1 [Oreochromis initiations] XP_005486437.5 Ingand-dependent nuclear receptor-interacting factor [Oreochromis nitiations] XP_005461995.1 SAMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis nitiations] XP_005461995.1 SAMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis nitiations] XP_005461995.1 Computer VP ROTEIN: Ersovidasin homolog [Oreochromis nitiations] XP_005461995.1 REST corepressor 1 [Oreochromis nitiations] XP_005461995.1 REST corepressor 1 [Oreochromis nitiations] XP_005461917.1 acidic mammalian chilinase [Oreochromis nitiations] XP_005461917.1 acidic mammalian (Direochromis nitiations] XP_005461917.2 myc-associated zinc finger protein [Oreochromis nitioticus] XP_005461917.2 myc-associated zinc finger protein [Oreochromis nitioticus] XP_00547372.8 In-acetylactosaminide beta-1.3 -N-acetylglucosaminytransferase B isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_00547373.1 Nacetyliactosaminide beta-1.3 -N-acetylglucosaminytransferase B isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_00547373.1 Nacetyliactosaminide beta-1.3 -N-acetylglucosaminytransferase B isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_00547373.1 Nacetyliactosaminide beta-1.3 -N-acetylglucosaminytransferase B isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_00547677.1 probale Copylet ceptor 171 isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_00547677.1 Probale Copylet ceptor 171 isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_00547657.1 probale Copylet ceptor 171 isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_00547657.1 EMILIN-2 isoform X1 [Oreochro	LRIF1 INSC None PXDN PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R MC1R MAZ NLK2 MGAT5 B3GNT2 KIF20B GPR171 None EMILIN2 ARID1B AMDHD2 SBN02 POGFD MFSD11 None 7EANID3
AF_00548635.1 DENN domain-Zonaming protein Zo isoum X 1 (preachromis niloicus) XP_005458435.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 (preachromis niloicus) XP_005461995.1 S-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 (preachromis niloicus) XP_005461995.1 S-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 (preachromis niloicus) XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: Ersuxidasin homolog (preachromis niloicus) XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: Ersuxidasin homolog isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: Ersuxidasin homolog Ioreochromis niloicus] XP_005462306.2 LOW QUALITY PROTEIN: Ersuxidasin homolog Ioreochromis niloicus] XP_005462704.5 LOW CUALITY PROTEIN: Ersuxidasin homolog Ioreochromis niloicus] XP_005462704.5 International chilinase [Oreochromis niloicus] XP_005462704.5 International chilinase [Oreochromis niloicus] XP_00546704.5 International chilinase [Oreochromis niloicus] XP_00546704.5 International protein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_00546704.5 International protein foreochromis niloicus] XP_00546704.5 International protein foreochromis niloicus] XP_00547051.1 protein sprotuly homolog 1 [Oreochromis niloicus] XP_00547051.1 protein homologhyceptorein 6-beta-N-acetylglucosaminytransferase B isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_00547379.1 kinesin-like protein KIP20B isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_00547379.1 kinesin-like protein KIP20B isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005476577.1 EMILIN-2 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01312281.1 yiatelet-derived growth factor D isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01312281.1 yiatelet-derived growth factor D isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01312281.1 yinteleter istrawberry noteh homolog 2 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_013122741.1 hN1-hye zinc finger	L RIF1 INSC None PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R SPRY1 MC1R SPRY1 MC1R SPRY1 MLK2 MGAT5 B3GNT2 KIF20B GPR171 KIF20B GPR171 KIF20B GPR171 SBN02 PDG5D MS002 PDG5D MS012 SBN02 PDG5D MS014 SCARS SCA
AF_0.0543635.1 DEXN domain-2oniaming protein 20 isolom X1 [Oreochromis miloicus] XP_00545845.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005461915.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005461915.2 LOW QUALITY PROTEIN: perxvidasin homolog [Oreochromis niloicus] XP_005461915.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005461915.1 netation and the subject of	LRIF1 INSC None PXDN PXDN RCOR1 PRKN OHIA DKC1 LMO1 MCIR SPRY1 MAZ NIK2 MGAT5 B3GNT2 KIF20B GPR1711 None EMLIN2 ARID18 AMDHD2 SSN02 PDGFD MFSD1 None ZFAND3 MUC12 CPNE9
AF_00548637.1 DENN domain-Containing protein 20 isolom X1 [Creachromis initiations] XP_0054864013.1 protein inscuteable homolog isoform X1 [Creachromis initiations] XP_005461995.1 REST corepressor 1 [Creachromis initiations] XP_00546197.1 acidic mammane inclutinas [Creachromis initiations] XP_00546197.1 acidic mammane necessor 1 [Creachromis initiations] XP_00546177.1 initiation initiations [Creachromis initiations] XP_00546177.1 initiation initiations] XP_00546177.2 myc-associated ainc finger protein [Creachromis initiations] XP_00546177.2 myc-associated ainc finger protein [Creachromis initiations] XP_00546177.2 myc-associated ainc finger protein [Creachromis initiations] XP_005473728.1 N-acetylladosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminyltransferase B isoform X1 [Creachromis initiations] XP_005473728.1 N-acetylladosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminyltransferase B isoform X1 [Creachromis initiations] XP_00547378.1 N-acetylladosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminyltransferase B isoform X1 [Creachromis initiations] XP_00547378.1 N-acetylladosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminyltransferase B isoform X1 [Creachromis initiations] XP_00547379.1 N-acetylladosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminyltransferase B isoform X1 [Creachromis initiations] XP_00547379.1 npm. (NC 2) [Creachromis initiations] XP_00547379.1 npm. (NC 2) [Creachromis initiations] XP_00547379.1 npm. (NC 2) [Creachromis initiations] XP_00547379.2 npm. (NC 2) [Creachromis initiations] XP_01312741.1 Anti-type incle fing	LRIF1 INSC None PXDN PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R SPRY1 MAZ MGAT5 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 B3GNT2 KIR72 CPNE9
AF_00548853.1 DEXN domain-Containing protein 20 isouth X 1 (preachromis niloicus) XP_005480451.1 Igand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 (preachromis niloicus) XP_005461995.1 S-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 (preachromis niloicus) XP_005461995.1 S-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 (preachromis niloicus) XP_005461995.1 CM OULLITY PROTEIN: Ersuxidasin homolog (preachromis niloicus) XP_005461995.1 REST corepressor 1 (preachromis niloicus) XP_005461995.1 rest orepressor 1 (preachromis niloicus) XP_005461917.1 addici mammalian chilinase (preachromis niloicus) XP_005461917.1 addici mammalian chilinase (preachromis niloicus) XP_005461971.1 addici mammalian chilinase (preachromis niloicus) XP_005467046.1 thombotin-1 (preachromis niloicus) XP_005467046.1 thombotin-1 (preachromis niloicus) XP_005467056.1 protein sprouty homolog 1 (Preachromis niloicus) XP_005467075.1 melanocyte-stimulating hormone receptor [Oreochromis niloicus] XP_005467076.1 alpha-1.6-mannosydgivcoprotein 6-beta-N-acetylglucosaminiytansferase B isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005473728.1 N-acetylacdosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminiytansferase B isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_00547373.1 N-acetylacdosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminiytansferase B isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_00547577.1 probable 6-protein coupled receptor 171 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_00547577.1 probable 6-protein coupled receptor 171 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_00547577.1 EMILIN-2 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005476777.1 EMILIN-2 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005476777.1 EMILIN-2 isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01312481.1 protein HoreOla Q I isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01312419.1 protein terve Nohomola Q I isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01312419.1 protein terve Nohomola Q I isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_01312407.1 Patient-derived qowth factor D isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_0131247560.1 homeobox pr	LRIF1 INSC None PXDN PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R SPRY1 MAZ NMC1R MGAT5 B3GNT2 KIF20B GPR171 None EMILIN2 ARID1B AMDHD2 SBN02 PDGFD PDGFD PDGFD PDGFD PDGFD MFSD11 None ZFAND3 MUC12 CPNE9 HEATR5A GPC6
AF_00548863.1 DEXN domain-Containing protein 20 isouthn' A (productionins initiations) XP_00548845.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor () Creochromis nitoticus] XP_005461995.1 S-AMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 (Dreochromis nitoticus) XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: Providasin homolog (Oreochromis nitoticus) XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: Exouxidasin homolog (Dreochromis nitoticus) XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: Exouxidasin homolog (Dreochromis nitoticus) XP_005461945.2 LOW QUALITY PROTEIN: Exouxidasin homolog (Dreochromis nitoticus) XP_00546270.4 Li/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_00546270.4 Li/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_00546270.4 Li/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_00546270.4 Li/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_00546270.4 Li/ACA ribonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_005470571.5 I melanocyte-stimulating hormone receptor [Oreochromis nitoticus] XP_00546270.4 Li/ACA ribonucleoprotein Complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_005470591.7 a serine/interione-protein [Oreochromis nitoticus] XP_005470577.1 serine/interione-protein [Oreochromis nitoticus] XP_005470577.1 serine/interione-protein Kinase NLK2 [Oreochromis nitoticus] XP_005476577.1 serine/interione-protein coupler exeptor 171 isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_005476577.1 EMLIN-2 isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_005476577.1 EMLIN-2 isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_005476577.1 EMLIN-2 isoform X1 [Oreochromis nitoticus] XP_013720547.1 Protein Series and text and tex	LRIF1 INSC None PXDN RCOR1 PRKN OCHA DKC1 LMO1 MC1R SPRY1 MAZ NK2 MGAT5 B3GNT2 KIF20B GPR171 None EMLIN2 ARID1B AMDD2 SSN02 PDGFD MS011 SSN02 PDGFD MS011 CFNE9 HEATR5A GPC6 MR1
ArU0549863/.1 Denviol domain-Containing protein 2c isouthin X (Procohomis initiatus) XP_00545845.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 (Oreochromis initiatus) XP_005461915.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 (Oreochromis initiatus) XP_005461935.1 REST corepressor 1 (Oreochromis initiatus) XP_00546197.1 addic mammalian chitinase (Dreochromis initiatus) XP_00546197.1 addic mammalian chitinase (Dreochromis initiatus) XP_00546177.1 addic mammalian chitinase (Dreochromis initiatus) XP_00546177.1 addic mammalian chitinase (Dreochromis initiatus) XP_00546177.1 indeina cybinase receptor (Oreochromis initiatus) XP_00546177.1 melanocybis-stimulating homene receptor (Oreochromis initiatus) XP_00546177.2 my-associated and finger protein [Oreochromis initiatus] XP_00546177.2 my-associated and finger protein [Oreochromis initiatus] XP_005477026.1 iserinethreonine-protein Kinase NLK2 (Oreochromis initiatus) XP_00547772.1 hivesinuk@protein KIP208 biosform X1 (Oreochromis initiatus) XP_0054777005.1 iserinethreonion initiatus] XP_005477905.1 iserinethreonion initiatus] XP_00547790.1 hivesinuk@protein KIP208 biosform X1 (Oreochromis initiatus) XP_00547790.1 hivesinuk@protein KIP208 biosform X1 (Oreochromis initiatus) XP_00547595.1 protein XIP0005607701 protein KIP208 biosform X1 (Oreochromis initiatus) XP_00547595.1 protein XIP005607701 protein KIP208 biosform X1 [Oreochromis initiatus] XP_01312169.1 protein XIP005007701 protein KIP0050 biosform X1 [Oreochromis initiatus] XP_013121610.1 horeobox protein horeobs X1 [Oreochromis initiatus] XP_01312529.1 UNC93-like protein MX-B501 [Oreochromis initiatus] XP_01312529.1 UNC93-like protein MX-B501 [Oreochromis initiatus] XP_01312529.1 UNC93-like protein MX-B501 [Oreochromis initiatus] XP_	LRIF1 INSC None PXDN PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MCIR SPRY1 MAZ NGCR SPRY1 MAZ NGCR SPRY1 MAZ MGAT5 B3GNT2 KIF20B GPR171 None EMLIN2 ARID18 AMDHD2 SBN02 PDGFD MFSD1 NGD1 SN02 PDGFD MFSD1 NGD1 CFNE9 HEATR5A GPC6 MR1 RPS7
AF_U0549805.1 DENN domain-Containing protein 20 isolom X1 [Oreochromis niloticus] XP_0054804013.1 protein inscuteable homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005461995.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloticus] XP_005461905.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloticus] XP_00546197.1 acidic mammane neore provide the soft of	LRIF1 INSC None PXDN PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 KC1 SPRY1 MAZ MGAT5 B3GNT2 KIF20E GPR171 None EMILIN2 ARID1B AMDHD2 SBN02 EMILIN2 ZFAND3 MUC12 CPNE9 DGFD MFSD11 None ZFAND3 MUC12 CPNE9 HEATR5A GPC6 MR1 RFS7 RNF14
Arg_0549805.1 1 Delivit domain-containing protein 20 isouthit X [Discontromis miloicus] XP_005480405.1 ligand-dependent nuclear receptor-interacting factor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005461095.1 S-MMP-activated protein kinase subunit gamma-1-like isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005461095.1 Conceptor V PROTEIN: Expressional Giveochromis niloicus] XP_005461095.1 Conceptor V PROTEIN: Expressional Giveochromis niloicus] XP_005461095.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloicus] XP_005461095.1 rest of additional and hitinase [Oreochromis niloicus] XP_005461095.1 rest or additional and hitinase [Oreochromis niloicus] XP_005461076.1 radiotic mammanian chitinase [Oreochromis niloicus] XP_005467046.1 rhombotin-1 [Oreochromis niloicus] XP_005467046.1 rhombotin-1 [Oreochromis niloicus] XP_005467046.1 rhombotin-1 [Oreochromis niloicus] XP_005467075.1 melanocyte-stimulating homome receptor [Oreochromis niloicus] XP_005467076.1 alpha-1.6-mannosytig/coprotein 6-beta-N-acetylglucosaminiytansferase B isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_005473728.1 N-acetylactosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminiytansferase B isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_00547378.1 N-acetylactosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminiytansferase B isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_00547378.1 N-acetylactosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminiytansferase B isoform X1 [Oreochromis niloicus] XP_00547378.1 N-acetylactosaminide beta-1.3-N-acetylglucosaminiytansferase 2 [Oreochromis niloicus] XP_00547595.1 pro:MCH 2 [Oreochromis niloicus] XP_00547705.1 pro:MCH 2 [Oreochromis niloicus] XP_013121315.1 pro:McH 2 [Oreochromis niloicus] XP_013121315.3 praiot in	LRIF1 INSC None PXDN PCN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMC1 LMC1 KC1 SPRY1 MAZ NGC1 SPRY1 MAZ NGC1 SPRY1 MAZ NGC1 SPRY1 MAZ NGC1 SPRY1 None EMILIN2 ARD1B AMDHD2 SBN0
ArDU-9549637.1 Elystochard and a second se	LRIF1 INSC None PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R SPRY1 MAZ NG1R SPRY1 MAZ SPRY1 MAZ GATS B3GNT2 KF20B GPR171 None EMLIN2 ARID1B AMDHD2 SIN02 PDGFD MS011 SIN02 CPNE9 HEATR5A GPC6 MR1 RF57 RNF14 B4GALT2 CD244 MP1
Ar- JU-3946671. J EchA voltatin-Containing protein 2D south Ar [Oreochromis niloidus] XP_005458465.1 ignad-dependent nuclear receptor (Preochromis niloidus] XP_005461915.1 ignad-dependent nuclear receptor [Oreochromis niloidus] XP_005461915.1 test Corepressor 1 [Oreochromis niloidus] XP_005461915.1 REST corepressor 1 [Oreochromis niloidus] XP_00546171.1 relation and hitmas [Oreochromis niloidus] XP_00546171.1 relation and the set of	L RIF1 INSC None PXDN PXDN RCOR1 PRKN OHIA DKC1 LMO1 MCIR SPRY1 MAZ NK2 MGAT5 B3GNT2 KIF20B GPR171 None EMLIN2 ARID18 AMDHD2 SBN02 PDGFD MFSD11 NO18 AMDHD2 SBN02 PDGFD MFSD11 NO18 AMDHD2 SBN02 PDGFD MFSD11 NO18 AMDHD2 SBN02 PDGFD MFSD11 NO19 CFNE9 HEATR5A GPC6 MR1 RPS7 RNF14 RPS7 RNF14 RPS7 RNF14 RPS7 RNF14 RD57 RD57 RD57 RD57 RD57 RD57 RD57 RD57
Ar0.0549863.1 Igen4.dependent nuclear receptor interacting factorin sindicus] XP_005458463.1 igen4.dependent nuclear receptor interacting factorin sindicus] XP_005461955.1 Igen5 compressor 1 [Oreochromis niloticus] XP_005461965.1 REST compressor 1 [Oreochromis niloticus] XP_005461975.1 REST compressor 1 [Oreochromis niloticus] XP_00546270.1 HIACA thonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_00546270.1 HIACA thonucleoprotein complex subunit DKC1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005467175.1 melanocyte-stimulating hormone receptor [Oreochromis niloticus] XP_005467175.1 melanocyte-stimulating hormone receptor [Oreochromis niloticus] XP_005467175.1 melanocyte-stimulating hormone receptor [Oreochromis niloticus] XP_005467005.1 alpha-1.6-mannesylgtycoprotein Greechromis niloticus] XP_00547005.1 alpha-1.6-mannesylgtycoprotein Greechromis niloticus] XP_00547005.1 alpha-1.6-mannesylgtycoprotein G-beta-N-acetylglucosaminyttransferase E [oreochromis niloticus] XP_00547379.1 kinesin-like protein KIF20B isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_00547379.1 proMbc1 2 (Dreochromis niloticus] XP_00547577.1 EMILIN-2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_005476577.1 EMILIN-2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] XP_012776007.2 M-acetylglucosamine6-beta-3140848 [Mayandia zabra] XP_012776007.2 M-acetylglucosamine6-beta-3140848 [Mayandia zabra] XP_012776007.2 M-acetylglucosamine6-beta-31408441.0 [Alpha-Beta-Beta-Beta-Beta-Beta-Beta-Beta-Bet	LRIF1 INSC None PXDN PCNN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 DKC1 LMO1 KCR SPRY1 MAZ SPRY1 MAZ SPRY1 MAZ GPR171 None EMILIN2 ARID1B AMDHD2 SBNC2 PDGFD MFSD11 None ZFAND3 MUC12 CPNE9 DFGFD MFSD11 None ZFAND3 MUC12 CPNE9 CFAD3 CPNE9 CFAD3 CPNE9
Arg. Userseo. J. Detwice University of Constrained and State 11 (Preochromis Indicus) XP_0054684651 (Signal-dependent nuclear receptor interacting factor 1 (Preochromis Indicus) XP_0054619451 (Signal-dependent nuclear receptor) (Preochromis Indicus) XP_00546197151 (Indicus) XP_0054671751 (Indicus) XP_00547775281 (Indicus) XP_005477759 (Indicus) XP_005477759 (Indicus) XP_005477759 (Indicus) XP_005477759 (Indicus) XP_005477759 (Indicus) XP_005477759 (Indicus) XP_005477759 (Indicus) XP_005477691 (Indicu	LRIF1 INSC None PXDN PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R SPRY1 MAZ NMC1R MAZ NMC12 MGAT5 B3GNT2 KIF20B GPR171 None EMILIN2 ARID1B AMDHD2 SBN02 PDGFD MFSD11 None ZFAND3 MUC12 CFNE9 DGFD MFSD11 None RCF3 RNF14 BGQLT2 CD244 MR1 None RCSR3 RNF14 BGQLT2 CD244 RR1 None RCSR3 RNF14 BGQLT2 CD244 RR1 None RCSR3 RNF14 BGQLT2 CD244 RR1 None RCSR3 RNF14 BGQLT2 CD244 RR1 None RCSR3 RNF14 BGQLT2 CD244 RR1 None RCSR3 RNF14 BGQLT2 CD244 RR1 None RCSR3 RNF14 BGQLT2 CD244 RR1 RNF14 BGQLT2 CD244 RR1 RNF14 BGQLT2 CD244 RR1 RNF14 BGQLT2 CD244 RR1 RNF14 BGQLT2 CD244 RR1 RNF14 BGQLT2 CD244 RR1 RNF14 BGQLT2 RNF14 BGQLT2 RNF14 RNF14 RNF14 RNF14 RNF14 BGQLT2 RNF14 R
Arg. Use Association in Exercise and a second secon	L RIF1 INSC None PXDN RCOR1 PRKN CHIA DKC1 LMO1 MC1R SPRY1 MAZ SPRY1 MAZ SPRY1 MAZ SPRY1 MAZ GATS B3GNT2 KIF20B GPR171 None EMILIN2 ARID1B ARID1B ARID1B ARID1B ARID1B ARID1B CPNE9 HEATR5A GPCFD MR1 RPS7 CPNE9 HEATR5A GPC6 MR1 RPS7 RNF14 BNG4LT2 CD244 MR1 None RCOR3 BRSK1 PDRG

XP_019214085.1 calcium-dependent secretion activator 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CADPS
XP_019215938.1 zinc finger and BTB domain-containing protein 45 [Oreochromis niloticus]	ZBTB45
XP_019215985.1 solute carrier family 22 member 7 [Oreochromis niloticus]	SLC22A7
XP_019217906.1 gastrula zinc finger protein XICGF57.1 [Oreochromis niloticus]	None
XP_019218563.1 probable G-protein coupled receptor 158 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	GPR158
XP_019219298.1 synaptojanin-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SYNJ1
XP_019221078.1 UDP-glucuronosyltransferase 2C1-like isoform X1 [Oreochromis niloticus]	None
XP_019221517.1 DNA excision repair protein ERCC-6-like 2 [Oreochromis niloticus]	ERCC6L2
XP_024654747.1 protein NLRC3 [Maylandia zebra]	NLRC3
XP_024661191.1 collagen alpha-3(VI) chain-like isoform X1 [Maylandia zebra]	COL6A3
XP_025754015.1 bromodomain-containing protein 8 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	BRD8
XP_025754264.1 fibrinogen-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	FGL1
XP_025754755.1 ankyrin repeat domain-containing protein 6 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ANKRD6
XP_025754959.1 peroxisomal biogenesis factor 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	PEX7
XP_025755516.1 putative interleukin-17 receptor E-like [Oreochromis niloticus]	IL17REL
XP_025755867.1 uncharacterized protein LOC112842779 [Oreochromis niloticus]	None
XP_025756725.1 myelin transcription factor 1-like protein isoform X1 [Oreochromis niloticus]	MYT1L
XP_025757129.1 tripartite motif-containing protein 54 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TRIM54
XP_025762019.1 cytochrome P450 2K1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CYP2K1
XP_025763297.1 pleckstrin homology domain-containing family A member 6 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	PLEKHA6
XP_025763965.1 myomesin-2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	MYOM2
XP_025763972.1 rho-related GTP-binding protein RhoU isoform X1 [Oreochromis niloticus]	RHOU
XP_025765917.1 LOW QUALITY PROTEIN: zinc finger homeobox protein 4 [Oreochromis niloticus]	ZFHX4
XP_025766212.1 peroxisome biogenesis factor 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	PEX2
XP_025766524.1 uncharacterized protein LOC100699848 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	None
XP_035760162.1 amine sulfotransferase-like [Neolamprologus brichardi]	None

Mwa-Mak (same) (4)

NCBIに登録されている遺伝子名	ヒトでの遺伝子名
XP_003450037.1 DNA repair protein complementing XP-A cells [Oreochromis niloticus]	XPA
XP_003459858.1 ATP-binding cassette sub-family F member 1 [Oreochromis niloticus]	ABCF1
XP_004556535.1 proline-rich transmembrane protein 2 [Maylandia zebra]	PRRT2
XP_005450837.1 transcription factor SOX-4 [Oreochromis niloticus]	SOX4
XP_005452449.1 cytochrome P450 2K4 [Oreochromis niloticus]	CYP2K4
XP_005455794.1 malignant fibrous histiocytoma-amplified sequence 1 homolog [Oreochromis niloticus]	MFHAS1
XP_005457838.1 adhesion G protein-coupled receptor E1 [Oreochromis niloticus]	ADGRE1
XP_005469290.1 protein glass [Oreochromis niloticus]	None
XP_013128153.1 supervillin isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SVIL
XP_019220041.1 acyl-CoA-binding domain-containing protein 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ACBD7
XP_019220043.1 acyl-CoA-binding domain-containing protein 7 isoform X2 [Oreochromis niloticus]	ACBD7
XP_024660859.1 olfactory receptor 478-like [Maylandia zebra]	None
XP 025764115.1 GTP-binding protein 2 [Oreochromis niloticus]	GTPBP2

Mwa-CJ (same) (5)

Mwa-CJ (same) (5)	
NCBIに登録されている遺伝子名	ヒトでの遺伝子名
XP_003448504.1 gamma-soluble NSF attachment protein [Oreochromis niloticus]	NAPG
XP_003449512.1 Bardet-Biedl syndrome 1 protein isoform X1 [Oreochromis niloticus]	BBS1
XP_003449540.1 cGMP-dependent protein kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	PRKG1
XP_003456722.1 bifunctional heparan sulfate N-deacetylase/N-sulfotransferase 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	NDST2
XP_005449020.1 EMILIN-2 [Oreochromis niloticus]	EMILIN2
XP_005450505.1 C-X-C chemokine receptor type 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CXCR2
XP_005453962.1 HMG box transcription factor BBX isoform X1 [Oreochromis niloticus]	BBX
XP_005471552.1 nucleoside diphosphate-linked moiety X motif 13 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	NUDT13
XP_005471571.1 kinesin-like protein KIF20B isoform X1 [Oreochromis niloticus]	KIF20B
XP_005472341.1 periostin isoform X1 [Oreochromis niloticus]	POSTN
XP_005475099.2 sodium/bile acid cotransporter [Oreochromis niloticus]	SLC10A1
XP_013123155.1 zinc finger SWIM domain-containing protein 8 [Oreochromis niloticus]	ZSWIM8
XP_013131576.1 nuclear GTPase SLIP-GC [Oreochromis niloticus]	NUGGC
XP_014268478.1 E3 ubiquitin-protein ligase CBL-B isoform X1 [Maylandia zebra]	CBLB
XP_019212115.1 sacsin-like isoform X1 [Oreochromis niloticus]	None
XP_025765576.1 ryanodine receptor 2 [Oreochromis niloticus]	RYR2

Mak-CJ (same) (6)

Wak-CJ (Same) (0)	
NCBIに登録されている遺伝子名	ヒトでの遺伝子名
XP_003448186.1 leucine-rich repeat-containing G-protein coupled receptor 5 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	LGR5
XP_003455739.1 kinesin-like protein KIF11 [Oreochromis niloticus]	KIF11
XP_005450866.1 brain aromatase isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CYP19A1
XP_005452510.1 neuromedin-B receptor [Oreochromis niloticus]	NMBR
XP_005460997.1 uncharacterized protein LOC102076879 [Oreochromis niloticus]	None
XP_005473147.1 transmembrane protein 132C [Oreochromis niloticus]	TMEM132C
XP_019208864.1 tubulin polyglutamylase TTLL4 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TTLL4
XP_019212084.1 uncharacterized protein LOC109200956 [Oreochromis niloticus]	None
XP_019216143.1 uncharacterized protein LOC109202680 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	None
XP_019216481.1 uncharacterized protein LOC100690076 [Oreochromis niloticus]	None
XP_019217511.1 heat shock factor protein 4 [Oreochromis niloticus]	HSF4
XP_019222205.1 LOW QUALITY PROTEIN: solute carrier family 22 member 15-like [Oreochromis niloticus]	SLC22A15
XP_025753024.1 titin-like [Oreochromis niloticus]	None
XP_025761379.1 macrophage-capping protein isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CAPG
XP_025767233.1 LOW QUALITY PROTEIN: regulating synaptic membrane exocytosis protein 2 [Oreochromis niloticus]	RIMS2

Mwa vs Mak (divergent) (7)

NCBIに登録されている遺伝子名	ヒトでの遺伝子名
XP_003442498.3 LOW QUALITY PROTEIN: double C2-like domain-containing protein alpha [Oreochromis niloticus]	DOC2A
XP_003442614.1 E3 ubiquitin-protein ligase CHIP [Oreochromis niloticus]	STUB1
XP_003447168.1 transmembrane and TPR repeat-containing protein 2 [Oreochromis niloticus]	TMTC2
XP_003447660.2 melatonin receptor type 1A [Oreochromis niloticus]	MTNR1A
XP_003447687.1 protocadherin-12 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	PCDH12
XP_003447884.1 pantothenate kinase 3 [Oreochromis niloticus]	PANK3
XP_003449520.2 interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 5 [Oreochromis niloticus]	IFIT5
XP_003449534.2 ATP-binding cassette sub-family A member 5 [Oreochromis niloticus]	ABCA5
XP_003450000.1 sodium/potassium/calcium exchanger 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SLC24A2
XP_003452807.3 TNF receptor-associated factor 5 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TRAF5
XP_003454129.2 immediate early response gene 2 protein [Oreochromis niloticus]	IER2
XP_003454844.1 intraflagellar transport protein 80 homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus]	IFT80
XP_003456202.1 dehydrogenase/reductase SDR family member 11 [Oreochromis niloticus]	DHRS11
XP_003457729.1 olfactory receptor 52N5-like [Oreochromis niloticus]	OR52N5
XP_004565274.2 rho GTPase-activating protein SYDE1 [Maylandia zebra]	SYDE1
XP_005451393.1 serine/threonine-protein kinase ULK1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ULK1
XP_005453272.1 proton-coupled amino acid transporter 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SLC36A1
XP_005458738.1 coiled-coil domain-containing protein 130 [Oreochromis niloticus]	CCDC130
XP_005459378.1 structural maintenance of chromosomes protein 4 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SMC4
XP_005462696.1 mitotic spindle assembly checkpoint protein MAD1 [Oreochromis niloticus]	MAD1L1
XP_005464866.1 uridine-cytidine kinase-like 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	UCKL1
XP_005471550.1 transcription factor COE3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	EBF3
XP_005474838.1 protein PROCA1 [Oreochromis niloticus]	PROCA1
XP_005474846.1 C2 domain-containing protein 3 [Oreochromis niloticus]	C2CD3
XP_005475861.1 F-box only protein 15 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	FBXO15
XP_013128362.1 lysyl oxidase homolog 3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	LOXL3
XP_013128476.1 axin-2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	AXIN2
XP_013130209.2 C-Jun-amino-terminal kinase-interacting protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	MAPK8IP1
XP_019208843.1 receptor tyrosine-protein kinase erbB-4 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ERBB4
XP_019213094.1 caskin-2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CASKIN2
XP_019216848.1 uncharacterized protein LOC100709838 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	None
XP_019216873.2 LOW QUALITY PROTEIN: sodium/hydrogen exchanger 5 [Oreochromis niloticus]	SLC9A5
XP_019218612.1 structural maintenance of chromosomes flexible hinge domain-containing protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SMCHD1
XP_019219752.1 basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein isoform X1 [Oreochromis niloticus]	HSPG2
XP_019220473.1 protein FAM198A isoform X1 [Oreochromis niloticus]	GASK1A
XP_025753399.1 uncharacterized protein LOC112841986 [Oreochromis niloticus]	None
XP_025754090.1 seizure protein 6 homolog [Oreochromis niloticus]	SEZ6
XP_025755943.1 cell adhesion molecule 3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CADM3
XP_025756759.1 mirror-image polydactyly gene 1 protein [Oreochromis niloticus]	MIPOL1
XP_025765192.1 transcription factor 4 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TCF4
XP_025765439.1 NLR family CARD domain-containing protein 3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	NLRC3
XP_025766917.1 sialic acid-binding lg-like lectin 14 [Oreochromis niloticus]	SIGLEC14
XP_025766920.1 myeloid cell surface antigen CD33-like [Oreochromis niloticus]	None
XP_025766969.1 hemicentin-1 [Oreochromis niloticus]	HMCN1

Mwa vs CJ (divergent) (8)

NCBIに登録されている遺伝子名	ヒトでの遺伝子名
MAGP4-D (Hatashima, unpublished data)	None
NP_001266379.1 DNA repair protein RAD51 homolog 2 [Oreochromis niloticus]	RAD51B
XP_003447880.2 LOW QUALITY PROTEIN: rab3 GTPase-activating protein non-catalytic subunit [Oreochromis niloticus]	RAB3GAP2
XP_003449455.1 phosphatidylinositol 3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase and dual-specificity protein phosphatase PTEN isoform X1 [Oreochromis niloticus]	PTEN
XP_003449514.1 ATPase family AAA domain-containing protein 1 [Oreochromis niloticus]	ATAD1
XP_003450118.1 ras-related protein Rab-26 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	RAB26
XP_003453028.1 5'-nucleotidase domain-containing protein 1 [Oreochromis niloticus]	NT5DC1
XP_003454184.1 V-type proton ATPase subunit e 2 [Oreochromis niloticus]	ATP6V1E2
XP_003460145.1 aryl hydrocarbon receptor repressor [Oreochromis niloticus]	AHRR
XP_003460261.1 ankyrin repeat domain-containing protein 9 [Oreochromis niloticus]	ANKRD9
XP_005447870.1 potassium voltage-gated channel subfamily G member 4 [Oreochromis niloticus]	KCNG4
XP_005449990.1 bile salt export pump isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ABCB11
XP_005452477.2 5'-3' exoribonuclease 2 [Oreochromis niloticus]	XRN2
XP_005452478.1 homeobox protein Nkx-2.4 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	NKX2-4
XP_005456558.1 zinc finger matrin-type protein 4 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ZMAT4
XP_005467176.1 differentially expressed in FDCP 8 homolog isoform X1 [Oreochromis niloticus]	DEF8
XP_005471655.1 gastrula zinc finger protein xFG20-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	None
XP_005474585.1 ventricular zone-expressed PH domain-containing protein homolog 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	VEPH1
XP_005475200.1 CASP8-associated protein 2 [Oreochromis niloticus]	CASP8AP2
XP_005475206.1 mitogen-activated protein kinase kinase kinase 7 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	MAP3K7
XP_005475215.1 potassium voltage-gated channel subfamily H member 8 [Oreochromis niloticus]	KCNH8
XP_013127976.1 cadherin-13 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CDH13
XP_013131989.1 breast carcinoma-amplified sequence 3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	BCAS3
XP_019201272.1 midasin isoform X1 [Oreochromis niloticus]	MDN1
XP_019204333.1 tectonin beta-propeller repeat-containing protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TECPR2
XP_019209610.1 E3 ubiquitin-protein ligase TRIM39 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TRIM39
XP_019210875.1 baculoviral IAP repeat-containing protein 6 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	BIRC6
XP_019217909.1 gastrula zinc finger protein XICGF57.1 [Oreochromis niloticus]	None
XP_019217954.1 ribonuclease P protein subunit p30 [Oreochromis niloticus]	RPP30
XP_019219312.1 UDP-olucuronosvitransferase 2C1 lOreochromis niloticus]	UGT2C1

XP_025761861.1 secretory phospholipase A2 receptor-like [Oreochromis niloticus]	None
XP_025761992.1 nuclear GTPase SLIP-GC isoform X1 [Oreochromis niloticus]	NUGGC
XP_025763705.1 titin isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TTN

Mak vs CJ (divergent) (9)

Mak vs CJ (divergent) (9)	
NCBIに登録されている遺伝子名	ヒトでの遺伝子名
XP_003442611.2 LOW QUALITY PROTEIN: serine/threonine-protein kinase TAO2 [Oreochromis niloticus]	TAOK2
XP_003445379.1 zinc finger protein GLI2 [Oreochromis niloticus]	GLI2
XP_003446529.1 ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	UBE2V1
XP_003447656.1 SPARC [Oreochromis niloticus]	SPARC
XP_003447678.2 vesicular integral-membrane protein VIP36 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	LMAN2
XP_005454646.1 LOW QUALITY PROTEIN: ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 25 [Oreochromis niloticus]	USP25
XP_005458443.1 solute carrier family 12 member 5 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SLC12A5
XP_005460425.2 pleckstrin homology domain-containing family A member 5 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	PLEKHA5
XP_012771067.1 neuron navigator 3 isoform X1 [Maylandia zebra]	NAV3
XP_019203968.1 acyl-coenzyme A thioesterase 3 [Oreochromis niloticus]	ACOT3
XP_019205713.1 LOW QUALITY PROTEIN: zinc finger protein 385A [Oreochromis niloticus]	ZNF385A
XP_019211048.1 5-hydroxytryptamine receptor 4 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	HTR4
XP_025757587.1 ketch domain-containing protein 8B [Oreochromis niloticus]	KLHDC8B
XP_025759294.1 fer-1-like protein 6 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	FER1L6

XP_025759294.1 fer-1-like protein 6 isoform X1 [Oreochromis niloticus]

Mwa-Mak vs CJ (divergent) (10)

Mwa-Mak vs CJ (divergent) (10)		
NCBIに登録されている遺伝子名	ヒトでの遺伝子名	
XP_005457667.1 glutamate receptor subunit 2A isoform X1 [Oreochromis niloticus]	GRIN2A	
XP_025763998.1 glycine receptor subunit beta isoform X1 [Oreochromis niloticus]	GLRB	
XP_003454128.1 protein Asterix [Oreochromis niloticus]	WDR83OS	
XP_004574487.1 WD repeat domain-containing protein 83 [Maylandia zebra]	WDR83	
XP_025764116.1 atlastin-2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	ATL2	

Mwa vs Mak-CJ (divergent) (12)

NCBIに登録されている遺伝子名	ヒトでの遺伝子名
XP_003447881.1 uncharacterized protein LOC100709251 [Oreochromis niloticus]	None
XP_005451541.1 SH2 domain-containing protein 3C isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SH2D3C
XP_005459601.1 dachshund homolog 2 [Oreochromis niloticus]	DACH2
XP_005461064.1 chordin isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CHRD

Mwa vs Mak vs CJ (divergent) (13)

XP_034379222 EF-hand calcium-binding domain-containing probin 14 [Orecchromis niloticus] EFCAB14 XP_03442515.1 (pic domain-containing probin 8 [Orecchromis niloticus] JMJO8 XP_03442616.1 UBA-like domain-containing probin 10 [Coechromis niloticus] UBALD2 XP_03442615.1 ipic domain-containing probin 10 [Coechromis niloticus] UBALD2 XP_03442615.1 isolectine=RNA1[Jagas. mitchondini [Coechromis niloticus] URA XP_03445602 transcription regulator protein BACH21 isoform X1 [Orechromis niloticus] GXM XP_03445612 transcription regulator protein BACH21 isoform X1 [Orechromis niloticus] GXM XP_0345602 transcription regulator protein BACH21 isoform X1 [Orechromis niloticus] GXM XP_0345602 transcription regulator protein SACH21 isoform X1 [Orechromis niloticus] GXM XP_034562431 polypeptide N-acetylgalaclosaminytransferase 14 isoform X1 [Orechromis niloticus] GXL XP_034564251 (uprobacide N-acetylgalaclosaminytransferase 14 isoform X1 [Orechromis niloticus] GXL XP_034564251 (uprobacide N-acetylgalaclosaminytransferase 14 isoform X1 [Orechromis niloticus] GXL XP_034564251 (uprobacide N-acetylgalaclosaminytransferase 14 isoform X1 [Orechromis niloticus] GXL XP_034564251 (uprobacide N-acetylgalaclosaminytransferase 14 isoform X1 [Orechromis niloticus] GXL XP_034564251 (Uprobacide	NCBIに登録されている遺伝子名	ヒトでの遺伝子名
XP_00342257.1 eukaryotic translation inflation factor 3 subunit D isoform X1 [Creochromis niloicus]IRISDXP_00342251.1 ling/c domain-containing protein 2 [Creochromis niloicus]UBALD2XP_00342757.1 isoleurine-FRN lingse, mitch ondrial [Creochromis niloicus]KRS2XP_00342561.2 trashine kinase Mytep [Creochromis niloicus]GACH2XP_00345601.2 pap junction alpha-10 protein [Creochromis niloicus]GACH2XP_00345601.2 pap junction alpha-10 protein [Creochromis niloicus]GACH2XP_00345601.2 pap junction alpha-10 protein [Creochromis niloicus]GALN1XP_00455601.1 forkfead box protein JA Maghandia zabra]GALN1XP_0045561.1 protein Gach TRA Mytep [Creochromis niloicus]GALN1XP_0045561.1 protein Gach TRA Mytep [Creochromis niloicus]GALN1XP_0045561.1 protein Gach TRA Mytep [Creochromis niloicus]GALN1XP_0045561.1 protein Gach TRA (Creochromis niloicus]GALN1XP_00455676.1 heterogeneous unclear ribon clearcy [Creochromis niloicus]GALCAXP_00545767.1 heterogeneous unclear ribon clearcy [Creochromis niloicus]GALCAXP_00545776.1 heterogeneous unclear ribon clearcy [Creochromis niloicus]GALCAXP_00545776.1 heterogeneous unclear ribon clearcy [Creochromis niloicus]GALCAXP_00545776.1 heterogeneous unclear ribon clearcy [Creochromis niloicus]GALCAXP_012124555.1 hin offREF-like prot	XP_003437922.2 EF-hand calcium-binding domain-containing protein 14 [Oreochromis niloticus]	EFCAB14
XP_00342613.1 jmjC domain-containing protein 3 [Oreochromis niloticus]JUBAXP_00342581.2 localine-FNNA ligase, mitochondrial [Oreochromis niloticus]RRS2XP_003425812.1 restine kinase M-ype [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003456812.1 ceratine kinase M-ype [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003456812.1 ceratine kinase M-ype [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003456812.1 ceratine kinase M-ype [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003456812.1 sep junction alpha-10 protein [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003455811.1 forkhead box protein J1-A Maylandia zebra]RKS2XP_003455824.1 protocatherin Fat2 [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003455824.1 protocatherin Fat2 [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003453274.1 protocatherin Fat2 [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003458274.1 protocatherin Fat2 [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003458742.1 protocatherin Fat2 [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003458742.1 protocatherin Fat2 [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003458742.1 protocatherin Fat2 [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003458742.1 protocatherin Siloticus]RKS2XP_003458742.1 protocatherin Siloticus]RKS2XP_003458775.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Like isoform X1 [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003458776.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein I [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003458776.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein I [Oreochromis niloticus]RKS2XP_003458776.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein I [Oreochromis niloticus]RKS2XP_013128857.1 solumbile acid cotransporter isoform X1 [Oreoc	XP_003442557.1 eukaryotic translation initiation factor 3 subunit D isoform X1 [Oreochromis niloticus]	EIF3D
XP_003442616.1 UBA-like domain-containing protein 2 (procedromis niloticus] UBA.D2 XP_003442616.1 reactive kines M-type (precedromis niloticus] CKM XP_003456080.2 transcription regulator protein BACH2 isoform XI (procedromis niloticus] BACH2 XP_003456080.1 transcription regulator protein BACH2 isoform XI (procedromis niloticus] None XP_00456500.11 forthead box protein ID-4 Mayandia zebra] GTT3A XP_004574455.1 transcription factor IM Mayandia zebra] GTT3A XP_005452745.1 transcription factor IM Mayandia zebra] GMAN XP_005458740.1 complement C3 (Drocchromis niloticus] GMAN XP_005458740.1 complement C3 (Drocchromis niloticus] GMAN XP_005458740.1 sonfmere Life protein 1 isoform X1 (Drocchromis niloticus] GMAN XP_005458740.1 sonfmere Life protein 1 isoform X1 (Drocchromis niloticus] GMAN	XP_003442613.1 jmjC domain-containing protein 8 [Oreochromis niloticus]	JMJD8
XP_00347879.1 IoselectionRNA ligase, mitochondrial [Oreochromis niloitcus] CM XP_00345808.2 Creation kinase M-kype [Oreochromis niloitcus] BACH2 XP_00345808.0.2 Creation kinase M-kype [Oreochromis niloitcus] GMA XP_00345808.0.2 Canscription regulator protein BACH2 isoform X1 [Oreochromis niloitcus] GMA XP_004542445.1 Tanscription factor IIA [Maylandia zebra] GMA XP_0045542445.1 polypeptide N-acety/galaclosaminyltransferase 14 isoform X1 [Oreochromis niloitcus] GMA XP_005452476.1 prolocadherin Fat 2 (Dreochromis niloitcus] GMA XP_005456776.1 hebrogeneous nucleoprobein 1-like isoform X1 [Oreochromis niloitcus] GMA XP_005456478.1 huoral monitorial Silotus GRECG XP_005456478.1 huoral monitorial Silotus GRECG XP_005456478.1 huoral monitorial Silotus GRECG XP_005456478.1 huoralenicitus GRECG <	XP_003442616.1 UBA-like domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus]	UBALD2
XP_003452812.1 creative kinase M-kype [Oreochromis niloticus]CKMXP_003456080.2 transcription regulator protein BACH2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]BACH2XP_003456081.2 gap junction anlpha-10 protein filofecus]NoneXP_004555501.1 forkhead box protein J1-A [Maylandia zebra]GILNT14XP_00545214.1 transcription factor IIIA [Maylandia zebra]GALNT14XP_00545214.1 proteochromis niloticus]GALNT14XP_00545214.1 proteochromis niloticus]GALNT14XP_00545274.1 proteochromis niloticus]GALNT14XP_00545276.1 hebrogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like isoform X1 [Oreochromis niloticus]GRACXP_00545876.1 hebrogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like isoform X1 [Oreochromis niloticus]GRACXP_005458776.1 hebrogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like isoform X1 [Oreochromis niloticus]GRACXP_005458740.1 complement C3 [Oreochromis niloticus]GRACXP_005468740.1 complement C3 [Oreochromis niloticus]GRACXP_005469710.1 glutamine-rich protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]KIRREL3XP_0151218151.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]NoneXP_019207852.1 soluticubile acid cohrasporter isoform X1 [Oreochromis niloticus]SC10A1XP_019213181.1 amine sulforansferase [Oreochromis niloticus]GCAN1AXP_019213181.1 amine nuclear protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]GRACN1AXP_019219898.1 silica cal-binding [Jeke lectin 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]GCAN1AXP_019219898.1 silica cal-binding [Jeke lectin 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]GRACN1AXP_019219898.1 silica cal-bind	XP_003447879.1 isoleucinetRNA ligase, mitochondrial [Oreochromis niloticus]	IARS2
XP_003456080.2 transcription regulator protein BACH2 (soform X1 [Oreochromis niloticus]BACH2XP_003456081.2 gap junction alpha-10 protein [Oreochromis niloticus]NoneXP_004556501.1 forkhead box protein 11-A [Maylandia zebra]AINTXP_00545244.3.1 polypedide N-acetylgalacbasminytransferase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]AINTXP_00545247.1 protocadherin Fat2 [Oreochromis niloticus]GM2AXP_00545247.1 protocadherin Fat2 [Oreochromis niloticus]GM2AXP_00545577.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Li-like isoform X1 [Oreochromis niloticus]GM2AXP_00545677.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein niloticus]SINIXP_00545677.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein niloticus]GM2AXP_0054577.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein niloticus]SINIXP_0054577.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein niloticus]GM2AXP_0054577.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein niloticus]GM2AXP_0054577.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein niloticus]GM2AXP_0054577.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein niloticus]GM2AXP_0054577.1 hite of IRRE-like protein 3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]MREL1XP_0054577.1 hite of IRRE-like protein 3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]NoneXP_01921318.1 maine sulfortansferase [Oreochromis niloticus]GM2AXP_01921318.1 namise nuclear heteronicus niloticus]GM2AXP_019213188.1 namise nuclear heteronicus niloticus]GM2AXP_019213188.1 namise nuclear heteronicus niloticus]GM2AXP_019213188.1 namise nuclear heteronicus niloticus]GM2AX	XP_003452812.1 creatine kinase M-type [Oreochromis niloticus]	CKM
XP_003450812 gap junction alpha-10 protein [Oreochromis niloticus] QAI01 XP_004556501.1 forthlead box protein 1/A [Maylandia zebra] GTESA XP_0054524485.1 transcription factor IIM [Maylandia zebra] GALNT14 XP_0054524485.1 transcription factor IIM [Maylandia zebra] GALNT14 XP_005452456.1 pangliosite fact 2 [Oreochromis niloticus] GALNT14 XP_005453276.1 petrogeneous nuclear ribonucleoprotein Like isoform X1 [Oreochromis niloticus] GALNT14 XP_005457675.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Like isoform X1 [Oreochromis niloticus] GALNT14 XP_00545775.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Like isoform X1 [Oreochromis niloticus] GALNT14 XP_00545775.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Siloticus] GALNT14 XP_00545775.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Siloticus] GALNT14 XP_005459775.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Siloticus] GALNT14 XP_005459775.1 heterogeneous nuclear ribonum X1 [Oreochromis niloticus] KIREL3 XP_0131243155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] KIRREL1 XP_0131243155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] None XP_0131243155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] RCON14 XP_0132134355.1 kin of IRRE-li	XP_003456080.2 transcription regulator protein BACH2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	BACH2
XP_049556501.1 forkhead box protein 1.1-A Maylandia zebra]NoneXP_004552521.1 forkhead box protein 1.1-A Maylandia zebra]GRIXT14XP_005452454.3 1 polypeptide N-acetylajalacbosaminyltransferase 14 isoform X1 [Oreochromis niloticus]GRIXT14XP_005452276.1 paraljoiside GM2 activator [Oreochromis niloticus]GRIXXP_005452762.1 signalioside GM2 activator [Oreochromis niloticus]GRIXXP_005452762.1 signalioside GM2 activator [Oreochromis niloticus]GRIXXP_005456776.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Like isoform X1 [Oreochromis niloticus]GRIXXP_005456776.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Like isoform X1 [Oreochromis niloticus]GRIXXP_005456776.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Inflocus]GRIXXP_005456776.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein niloticus]GRIXXP_005456776.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein niloticus]GRIXXP_005456776.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein niloticus]GRIXXP_005456776.1 heterogeneous nuclear ribonucle TI [Oreochromis niloticus]GRIXXP_005456776.1 heterogeneous nuclear ribonucle TI [Oreochromis niloticus]MRIXXP_005456775.1 sodium/bile acti otoransporter isoform X1 [Oreochromis niloticus]NoneXP_019215755.1 sodium/bile activatorserized (Oreochromis niloticus]SCIX04XP_019215755.1 sodium/bile activatorserized (Oreochromis niloticus]GRIXXP_019215755.2 LOW QUALT/PROTEIN: Valuega-dependent PIC-type calcium channel subunit alpha-14 [Oreochromis niloticus]GRIXXP_0192157555.2 LOW QUALT/PROTEIN: Valuega-dependent PIC-type calcium channel subunit alpha-14 [Oreochromis niloticus]G	XP_003456081.2 gap junction alpha-10 protein [Oreochromis niloticus]	GJA10
XP_004574485.1 transcription factor IIIA [Maylandia zebra] GFI3A XP_n05452443.1 polypeptide N-acetylgalacbosanityltransferase 14 isoform X1 [Orechronis niloticus] GALNT14 XP_005453276.1 protocathenin Fat2 [Orecchronis niloticus] GM2A XP_005453276.1 particulation isolation isolation in loticus] GM2A XP_005455377.6 Interogeneous nuclear robonucleoprotein L-like isoform X1 [Orecchronis niloticus] HNRNPLL XP_00545767.1 heterogeneous nuclear robonucleoprotein loticus] SUN1 XP_00546492.1 SUN domain-containing protein 1 [Orecchronis niloticus] GR2A XP_00546492.1 guluamine-interprotein 2 isoform X1 [Orecchronis niloticus] GR1CH2 XP_00546492.1 guluamine-interprotein 2 isoform X1 [Orecchronis niloticus] GR1CH2 XP_00546492.1 guluamine-interprotein 2 isoform X1 [Orecchronis niloticus] KIRREL XP_013128155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Orecchronis niloticus] None XP_01920383.1 pizzo-kpe mechanosensitive ion channel soubornis niloticus] SC10A1 XP_019213184.1 amine sulforbansferase [Orecchronis niloticus] GR2CH2 XP_019213885.1 LowouluLTY PROTEIN: voltage-dependent PC-kpe calcium channel subunit alpha-14 [Orecchronis niloticus] GR2CH2 XP_019219898.1 siaica ad-binding Ju-kie lectin 10 isoform X1 [Orecchromis niloticus] GR2CH2	XP_004556501.1 forkhead box protein J1-A [Maylandia zebra]	None
XP_00545243.1 polypeptide N-acetylgalacbsaminyltransferase 14 isoform X1 [Oreochronis niloticus] GALNT14 XP_005453274.1 protocadherin Fat 2 [Oreochronis niloticus] GMZA XP_005455372.5 sills add-binding lg-like lectin 9 [Oreochronis niloticus] GMZA XP_005455374.2 sills add-binding lg-like lectin 9 [Oreochronis niloticus] GMZA XP_00545597.2 sills add-binding lg-like lectin 9 [Oreochronis niloticus] KIRNPLL XP_00545697.0 complement C3 [Oreochronis niloticus] SINI XP_00546492.1 SUM domain-containing protein 1 [Oreochronis niloticus] GRICH2 XP_00546492.1 SUM domain-containing protein 1 [Oreochronis niloticus] KIRREL3 XP_013124155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochronis niloticus] KIRREL3 XP_013124155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochronis niloticus] KIRREL3 XP_013124155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochronis niloticus] KIRREL3 XP_013124155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochronis niloticus] None XP_013124155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochronis niloticus] RCOMAIN XP_013213188.1 maine sulforansferase [Oreochronis niloticus] None XP_013213188.1 transient receptor ponetical 2 condum X1 [Oreochronis niloticus] CACMAIN XP_01321388.1 transient receptor	XP_004574485.1 transcription factor IIIA [Maylandia zebra]	GTF3A
XP_00545327.1 protocadmenin Fat2 [Oreochromis niloticus] FAT2 XP_00545327.1 protocadmenin Fat2 [Oreochromis niloticus] GM2A XP_00545327.5 inlice add-binding l-vilke lecin 9 [Oreochromis niloticus] SIGLEG9 XP_00545677.5 inleterogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like isoform X1 [Oreochromis niloticus] GN3 XP_00545674.5 inleterogeneous nuclear ribonucleoprotein L/like isoform X1 [Oreochromis niloticus] SUN1 XP_00546912.5 ISUM domain-containing protein 1 [Oreochromis niloticus] GN3 XP_00546912.5 ISUM domain-containing protein 1 [Oreochromis niloticus] GN3 XP_00546912.5 ISUM domain-containing protein 1 [Oreochromis niloticus] GN3 XP_00546912.1 glutamine-rich protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] KIREL3 XP_013124834.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] SIGL00 XP_0191203838.1 piezo-type mechanosensitive ion channel component 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] None XP_0191213188.1 amine sulfortansferase [Oreochromis niloticus] GSGL200 XP_0191213188.1 amine sulfortansferase [Oreochromis niloticus] GSGL200 XP_0191219398.1 sialica add-binding l-kike lecin 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] GSGL200 XP_025782083.1 CuB and sulf domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus] GSGL200	XP_005452443.1 polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 14 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	GALNT14
XP_00545328.1 ganglioside CM2 activator [Oreochromis niloticus] GMA XP_00545376.1 betrogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like isoform X1 [Oreochromis niloticus] HNRNPLL XP_00545676.1 betrogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like isoform X1 [Oreochromis niloticus] C3 XP_00545676.1 betrogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like isoform X1 [Oreochromis niloticus] SNI XP_00546492.1 SUN domain-containing protein 1 (Oreochromis niloticus] QRCH2 XP_0054612.1 glutamine-rich protein 2 Isoform X1 [Oreochromis niloticus] KIRREL3 XP_013124153.1 kin of IRRE-like protein 3 isoform X1 [Oreochromis niloticus] KIRREL1 XP_013124153.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] SC 1004 XP_013124153.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] None XP_013213183.1 amine sulfotansferase [Oreochromis niloticus] SC 2004 XP_013213184.1 amine sulfotansferase [Oreochromis niloticus] CACN14 XP_013213184.1 amine sulfotansferase [Oreochromis niloticus] CACN14 XP_013213184.1 amine sulfotansferase [Oreochromis niloticus] CACN14 XP_013213184.1 amine sulfotaning protein 2 [Oreochromis niloticus] CACN14 XP_013213985.1 club QuALITY PROTEIN: voltage-dependent P/Q-type calcum channel subunit alpha-16 [Oreochromis niloticus] CACN14 <td>XP_005453274.1 protocadherin Fat 2 [Oreochromis niloticus]</td> <td>FAT2</td>	XP_005453274.1 protocadherin Fat 2 [Oreochromis niloticus]	FAT2
XP_00545547.2 sink: acid-binding l-fike lectin 9 (Oreochromis niloticus) SGLEC9 XP_005455476.1 heterogeneous nuclear riborucisoprotein L-like isoform X1 (Oreochromis niloticus) KNRNPLL XP_00545470.1 complement C3 (Oreochromis niloticus) SUMI XP_00545492.1 SUM domain-containing protein 1 (Oreochromis niloticus) QRIC42 XP_00545492.1 SUM domain-containing protein 1 (Oreochromis niloticus) QRIC42 XP_01312415.1 kin of IRRE-like protein 3 isoform X1 (Oreochromis niloticus) KIRREL1 XP_01312415.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 (Oreochromis niloticus) KIRREL1 XP_01312415.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 (Oreochromis niloticus) None XP_01312415.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 (Oreochromis niloticus) None XP_01312415.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 (Oreochromis niloticus) None XP_01321318.1 amine sulfotransferase [Oreochromis niloticus] None XP_01321318.1 transient treeptor potential calcid-nation channel subunit alpha-1A [Oreochromis niloticus] None XP_01321318.1 transient treeptor potential calcid-nation protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA14 XP_025750730.1 chioride channel protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA1 XP_02575730.1 chioride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA1 XP_02575730.1 chioride channel protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA1 XP_02575730.1 chioride channe	XP_005453286.1 ganglioside GM2 activator [Oreochromis niloticus]	GM2A
XP_00545767.1 hebrogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like isoform X1 [Oreochromis niloicus] NRNPL XP_005456767.1 hebrogeneous nuclear ribonucleoprotein Like isoform X1 [Oreochromis niloicus] SUM XP_005456716.1 complement C3 [Oreochromis niloicus] SUM XP_005456716.1 SUM domain-containing protein 1 [Oreochromis niloicus] GRCH2 XP_01512453.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] KIRREL3 XP_0151255.1 solum/bile acid cohransporter isoform X1 [Oreochromis niloicus] KIRREL3 XP_01520338.1 piezo-type mechanosensitive ion channel component 2 isoform X1 [Oreochromis niloicus] None XP_01521555.2 LOW QUALTY PROTEIN: voltage-dependent PIO-type calcium channel subunit alpha-14 [Oreochromis niloicus] RCM1 XP_015215552.2 LOW QUALTY PROTEIN: voltage-dependent PIO-type calcium channel subunit alpha-14 [Oreochromis niloicus] RCM1 XP_015215855.2 LOW QUALTY PROTEIN: voltage-dependent PIO-type calcium channel subunit alpha-14 [Oreochromis niloicus] RCM1 XP_015218886.1 transient receptor potential cation channel subtanily M member 4 [Oreochromis niloicus] RCM1 XP_025750030.1 chindré channel protein 2 [Oreochromis niloicus] CLCN1 XP_025750303.1 chindré channel protein 2 [Oreochromis niloicus] CLCN1 XP_0257570303.1 chindré channel protein 1 [Soform X1 [Oreochromis niloicus] CLCN1	XP_005455947.2 sialic acid-binding Ig-like lectin 9 [Oreochromis niloticus]	SIGLEC9
XP_00548740.1 complement C3 [Oreochromis niloicus] C3 XP_005469740.1 SUN domain-containing protein 1 [Oreochromis niloicus] SUN1 XP_005469762.1 glutamine-rich protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloicus] KIRREL3 XP_013124834.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] KIRREL3 XP_013124155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] KIRREL1 XP_013124155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] SC 10A1 XP_013213185.1 shin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] None XP_013213185.1 shin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] None XP_013213185.1 shin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloicus] None XP_013213185.1 mainel component 2 isoform X1 [Oreochromis niloicus] CACNA1A XP_013213185.1 mainel subtransferase [Oreochromis niloicus] KIRREL1 XP_013213185.1 lansile treeptor potential cation channel subtranip M member 4 [Oreochromis niloicus] CACNA1A XP_013213185.1 Lansilent treeptor potential cation channel subtranip inloicus] CACNA1 XP_02576303.1 CLB and subt domain-containing protein 2 [Oreochromis niloicus] CACNA1 XP_025762365.1 catapin-15 [Oreochromis niloicus] CACNA1 XP_025763305.1 LUW QUALITY PROTEIN: voltage-dependent T-type calcum channel subunit alpha-11[Oreochromis niloicus] CACNA1 XP_025763305.1 LUW QUALITY PROTEIN: voltage-dependent T-type c	XP_005457676.1 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like isoform X1 [Oreochromis niloticus]	HNRNPLL
XP_00544929.1 SUN domain-containing protein 1 (Dreachromis niloicus) SUN1 XP_005464929.1 SUN domain-containing protein 2 isoform X1 [Oreachromis niloicus] QRICH2 XP_013124155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreachromis niloicus] KIRREL3 XP_013124155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreachromis niloicus] SLC10A1 XP_013124155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreachromis niloicus] SLC10A1 XP_013124155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreachromis niloicus] None XP_013213183.1 amice sulfortansferase [Oreachromis niloicus] None XP_013213183.1 manice sulfortansferase [Oreachromis niloicus] CACNA14 XP_013213183.1 manice sulform [Oreachromis niloicus] SIGLEC10 XP_01321383.1 laici acid-binding ly-like lectin 10 isoform X1 [Oreachromis niloicus] CACNA1 XP_025753730.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreachromis niloicus] CACNA1 XP_025754265.1 clapain-15 [Oreachromis niloicus] CACNA1 XP_025763803.1 but-tubulin kinase 1 isoform X1 [Oreachromis niloicus] CACNA1 XP_025763803.1 but-tubulin kinase 1 isoform X1 [Oreachromis niloicus] CACNA1 XP_025763803.1 but-tubulin kinase 1 isoform X1 [Oreac	XP_005458740.1 complement C3 [Oreochromis niloticus]	C3
XP_00549162.1 glutamine-rich probein 2 isoform X1 [Oreochromis niloitcus] KRREL3 XP_01312453.1 kin of RRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloitcus] KIRREL1 XP_013201759.1 soidum/bile acid cotransporter isoform X1 [Oreochromis niloitcus] KIRREL3 XP_013201759.1 soidum/bile acid cotransporter isoform X1 [Oreochromis niloitcus] KIRREL3 XP_019203738.1 piezo-type mechanosensitive ion channel component 2 isoform X1 [Oreochromis niloitcus] None XP_019218188.1 maine sulforansferase [Oreochromis niloitcus] KCNN1A XP_019217595.2 LOW QUALITY PROTEIN: voltage-dependent PlC-type calcium channel subunit alpha-1A [Oreochromis niloitcus] CACNN1A XP_019218188.1 transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 [Oreochromis niloitcus] SGLEC10 XP_025758093.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloitcus] CLCNX1 XP_025758093.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloitcus] CLCNX2 XP_025758093.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloitcus] CLCNX1 XP_025758093.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloitcus] CLCNX1 XP_025758093.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloitcus] CLCNX1 XP_025758093.1 Loub subuli ninase 1 isoform X1 [Oreochromis niloitcus] CLCNX1 XP_025758093.1 Loub subuli ninase 1 isoform X1 [Oreochromis niloitcus] CLCNX1 XP_0257579265.1 calpain-15 [Oreochromis niloitcus] CLCNX1 <td>XP_005464929.1 SUN domain-containing protein 1 [Oreochromis niloticus]</td> <td>SUN1</td>	XP_005464929.1 SUN domain-containing protein 1 [Oreochromis niloticus]	SUN1
XP_0131248341. kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis nilotcus] KIRREL3 XP_0131248341. kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis nilotcus] KIRREL3 XP_01321551. Isio dirmRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis nilotcus] SLC10A1 XP_013213783.1 piezo-type mechanosensitive ion channel component 2 isoform X1 [Oreochromis nilotcus] PIEZO2 XP_013213783.1 piezo-type mechanosensitive ion channel component 2 isoform X1 [Oreochromis nilotcus] None XP_013213783.1 mine sulfotransferase [Oreochromis nilotcus] CACNA1A XP_013213782.2 LOW QUALTY PROTEIN: Voltage-dependent PIC-type calcium channel subunit alpha-14 [Oreochromis nilotcus] CACNA1A XP_013213983.1 silica calci-binding l-like lectin 10 isoform X1 [Oreochromis nilotcus] GLC02 XP_025782083.1 CUB and subit domain-containing protein 2 [Oreochromis nilotcus] CLCN2 XP_025782083.1 cuB and subit domain-containing protein 2 [Oreochromis nilotcus] TBK1 XP_025782083.1 cuB and subit domain-containing protein 2 [Oreochromis nilotcus] CACNA1 XP_025782083.1 Lau-tubulin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis nilotcus] TBK1 XP_025783983.1 Lub vubulin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis nilotcus] CACNA1 XP_025783985.1 LOW QUALTY PROTEIN: vubage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11[Oreochromis nilotcus] CACNA1 <td< td=""><td>XP_005469162.1 glutamine-rich protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]</td><td>QRICH2</td></td<>	XP_005469162.1 glutamine-rich protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	QRICH2
XP_013128155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] KIREL1 XP_013201759.1 sodium/bile acid ochransporter isoform X1 [Oreochromis niloticus] SLC10A1 XP_01920338.1 piezo-type mechanosensitive ion channel component 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] None XP_019201388.1 anime sulfortansferase [Oreochromis niloticus] None XP_019213188.1 anime sulfortansferase [Oreochromis niloticus] CACNA1A XP_019215855.2 LOW QUALITY PROTEIN: voltage-dependent P(-Atype calcium channel subunit alpha-1A [Oreochromis niloticus] CACNA1A XP_01921888.1 tansient receptor potentia cation channel subfamily M member 4 [Oreochromis niloticus] SIGLEC10 XP_01921898.1 sialic acid-binding la-like lectin 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CINP XP_025753730.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CSMD2 XP_025762865.1 clapian-15 [Oreochromis niloticus] CAN15 XP_025763803.1 tau-tubulin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025763803.1 tau-tubulin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025763803.1 tau-tubulin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025763803.1 tau-tubulin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025763803.1 tau-tubulin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	XP_013124834.1 kin of IRRE-like protein 3 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	KIRREL3
XP_019201759.1 sodiumbile acid cotransporter isoform X1 [Oreochromis niloticus] SIC 10A1 XP_019201383.1 parce home component 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] None XP_01921385.1 anime sulfbransferase [Oreochromis niloticus] None XP_01921385.1 anime sulfbransferase [Oreochromis niloticus] CACNA1A XP_01921385.1 anime sulfbransferase [Oreochromis niloticus] CACNA1A XP_01921385.1 anime sulfbransferase [Oreochromis niloticus] SIGLEC10 XP_01921385.1 transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 [Oreochromis niloticus] SIGLEC10 XP_01921385.1 solia caci-binding lg-like ledin 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] SIGLEC10 XP_025758093.1 CUB and sushi domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus] CANP15 XP_025758093.1 CUB and sushi domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus] TBK1 XP_025758093.1 CUB and sushi domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus] CANP15 XP_025758093.1 Lub ubultin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] TBK1 XP_025758093.1 Lub ubultin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025758093.1 Lub ubultin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025758093.1 Lub ubultin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_0257580	XP_013128155.1 kin of IRRE-like protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	KIRREL1
XP_019203338.1 piezo-ype mechanosensitive ion channel omponent 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] PIEZQ2 XP_01921188.1 mine suffortansferase [Oreochromis niloticus] None XP_01921585.2 LOW QUALTY PROTEIN: voltage-dependent PIO-type calcium channel subunit alpha-1A [Oreochromis niloticus] CACNA1A XP_019218186.1 transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 [Oreochromis niloticus] TRPM4 XP_019219898.1 sinic acid-binding lg-like lectin 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] GLEC10 XP_025757030.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CLCN2 XP_025757030.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CLN2 XP_0257570303.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACN41 XP_025762265.1 calpain-15 [Oreochromis niloticus] TBK1 XP_025763803.1 Lub-ubulin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACN41 XP_025763805.1 LoW QUALTY PROTEIN: voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11 [Oreochromis niloticus] CACN41 XP_025763805.1 low point calcium channel subunit alpha-16 [Oreochromis niloticus] CACN41 XP_0257674865.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-16 [Oreochromis niloticus] CACN41 XP_0257674765.1 glubanatir ecopto inontopic, (ellam-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] GRI01 <	XP_019201759.1 sodium/bile acid cotransporter isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SLC10A1
XP_019213188.1 amine sulfotransferase [Oreochromis niloidcus] None XP_019213188.1 amine sulfotransferase [Oreochromis niloidcus] CACNA1A XP_019215855.2 LOW QUALITY PROTEIN: voltage-dependent P/O-type calcium channel subunit alpha-1A [Oreochromis niloidcus] TRPM4 XP_01921188.1 transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 [Oreochromis niloidcus] SIGLEC10 XP_01921188.1 transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 [Oreochromis niloidcus] SIGLEC10 XP_025753730.1 chloride channel protein 2 loform X1 [Oreochromis niloidcus] CLON2 XP_025754205.1 clapian-15 [Oreochromis niloidcus] CAPN15 XP_025756205.1 tau-bubini kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloidcus] CAPN15 XP_025762265.1 clapian-15 [Oreochromis niloidcus] CACNA11 XP_025763803.1 Low Lubulini kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloidcus] CACNA11 XP_025763803.1 Low QuALITY PROTEIN: voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11[Oreochromis niloidcus] CACNA11 XP_025763803.1 Low QuALITY PROTEIN: voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11[Oreochromis niloidcus] CACNA11 XP_025764085.1 voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11[Oreochromis niloidcus] CACNA11 XP_025764085.1 voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11[Oreochromis niloidcus] CACNA11 XP_025764085.1 voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11[Oreochromis niloidcus] CACNA11 XP_02576408	XP_019203838.1 piezo-type mechanosensitive ion channel component 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	PIEZO2
XP_019215855.2 LOW QUALITY PROTEIN: voltage-dependent PIO-type calcium channel subunit alpha-1A [Oreochromis niloticus] CRCNA1A XP_019218186.1 transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 [Oreochromis niloticus] TRPM4 XP_019218186.1 transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 [Oreochromis niloticus] SIGLEC10 XP_01925753730.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CLCN2 XP_025758093.1 CUB and sushi domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus] CAPN15 XP_025763930.1 cub and sushi domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus] CAPN15 XP_025763930.1 cub and sushi domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus] TBK1 XP_025763930.1 cub and sushi domain-containing protein 3 [Iofeochromis niloticus] TBK1 XP_025763930.1 tub-tubulin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] TBK1 XP_025763930.1 two pore calcium channel protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025764865.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-1B [Oreochromis niloticus] CACNA14 XP_025764665.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-1B [Oreochromis niloticus] CACNA16 XP_025764665.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-1B [Oreochromis niloticus] CACNA16 XP_025764665.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit a	XP_019213188.1 amine sulfotransferase [Oreochromis niloticus]	None
XP_019218188.1 transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 [Oreochromis niloticus] TPPM4 XP_019218988.1 stailic acid-binding lylike ledin 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] SIGLEC10 XP_025753730.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CLCN2 XP_025752056.1 calpain-15 [Oreochromis niloticus] CSMD2 XP_025753093.1 CUB and sushi domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus] CAPN15 XP_025752056.1 calpain-15 [Oreochromis niloticus] CANN1 XP_025753993.1 CUB and sushi domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus] TBK1 XP_025753993.1 CUB and sushi domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus] CANN1 XP_0257539395.1 LOW QUALITY PROTEIN: voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_0257539395.1 LOW opore calcium channel subunit alpha-1B [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_0257579395.1 Juduamate receptor inontopic, dellar-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_02575797.1 glutamate receptor inontopic, dellar-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] GRI01 XP_02575797.1 glutamate receptor inontopic, dellar-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] GRI01 XP_02575797.1 glutamate receptor inontopic, dellar-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] GRI01	XP_019215855.2 LOW QUALITY PROTEIN: voltage-dependent P/Q-type calcium channel subunit alpha-1A [Oreochromis niloticus]	CACNA1A
XP_019219898.1 siaic acid-binding l-jike lectin 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus] SIGLE 0 XP_025753730.1 chloride channel protein 2 lofore M1 [Oreochromis niloticus] CLCN2 XP_025758093.1 CUB and suchi domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus] CSMD2 XP_025762865.1 calpain-15 [Oreochromis niloticus] CAPN15 XP_025762865.1 calpain-15 [Oreochromis niloticus] TBK1 XP_025763803.1 Luw-Lubuin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025763805.1 LOW QUALTY PROTEIN: voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11[Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025763805.1 Low Qualt TY PROTEIN: voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11[Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025764865.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-11[Oreochromis niloticus] CACNA18 XP_0257674865.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-18[Oreochromis niloticus] GRI01 XP_0257674665.1 woltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-18[Oreochromis niloticus] GRI01 XP_0257674665.1 woltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-18[Oreochromis niloticus] GRI01 XP_0257674665.1 woltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-18[Oreochromis niloticus] GRI01	XP_019218186.1 transient receptor potential cation channel subfamily M member 4 [Oreochromis niloticus]	TRPM4
XP_025753730.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CLCN2 XP_025753730.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CSMD2 XP_025758093.1 CUB and sushi domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus] CAPN15 XP_0257639805.1 Lou-bublin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] TTBK1 XP_0257639805.1 Lou QUALITY PROTEIN: voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_0257639805.1 lou oper calcium channel protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025764865.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-18 [Oreochromis niloticus] CACNA18 XP_025764685.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-18 [Oreochromis niloticus] CACNA18 XP_025764685.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-18 [Oreochromis niloticus] CACNA18 XP_025766166.1 methyltransferase-like protein 4 [Oreochromis niloticus] GRID1	XP_019219898.1 sialic acid-binding Ig-like lectin 10 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	SIGLEC10
XP_025758093.1 CUB and sushi domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus] CAMD1 XP_025762265.1 calapian-15 [Oreochromis niloticus] CAPN15 XP_025763930.1 stau-bublin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] TTBK1 XP_025763930.1 stau-bublin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025763930.1 stau-bublin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025763930.1 two pore calcium channel protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025764685.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-1B [Oreochromis niloticus] CACNA18 XP_025764685.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-1B [Oreochromis niloticus] CACNA18 XP_025766166.1 methyltransferase-like protein 4 [Oreochromis niloticus] GRID1	XP_025753730.1 chloride channel protein 2 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	CLCN2
XP_025782265.1 calapian-15 [Oreochromis niloticus] CAPN15 XP_025782305.1 calapian-15 [Oreochromis niloticus] TTBK1 XP_025783805.1 LOW QUALTY PROTEIN: voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025783895.1 LOW QUALTY PROTEIN: voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11 [Oreochromis niloticus] TPCN1 XP_025784885.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-16 [Oreochromis niloticus] CACNA18 XP_0257874851.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-16 [Oreochromis niloticus] GRID1 XP_025787471.1 glutamate receipto inontopic, caltan-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] GRID1 XP_025787471.1 glutamate receipto inontopic, caltan-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] GRID1 XP_025787471.1 glutamate receipto inontopic, caltan-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] METL4	XP_025758093.1 CUB and sushi domain-containing protein 2 [Oreochromis niloticus]	CSMD2
XP_025763803.1 tau-tubulin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] TTBK1 XP_025763805.1 LOW QUALITY PROTEIN: voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11 [Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025763985.1 LOW QUALITY PROTEIN: voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11 [Oreochromis niloticus] TPCN1 XP_025764865.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-1B [Oreochromis niloticus] CACNA18 XP_02576797.1 glutamate receptor ionotropic, delta-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] GRID1 XP_025766166.1 methyltransferase-like protein 4 [Oreochromis niloticus] METTL4	XP_025762265.1 calpain-15 [Oreochromis niloticus]	CAPN15
XP_025763985.1 LOW QUALITY PROTEIN: voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11[Oreochromis niloticus] CACNA11 XP_025763980.1 two pore calcium channel protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] TPCN1 XP_025764685.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-1B [Oreochromis niloticus] CACNA18 XP_025765197.1 glutamate receipto inontropic, dellar-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] GRID1 XP_025766166.1 methyltransferase-like protein 4 [Oreochromis niloticus] METTL4	XP_025763803.1 tau-tubulin kinase 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TTBK1
XP_025763390.1 two pore calcium channel protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] TPCN1 XP_025764865.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-1B [Oreochromis niloticus] CACNA18 XP_02576791.1 glutamate receptor inontropic, dellar-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] GRID1 XP_025766166.1 methyltransferase-like protein 4 [Oreochromis niloticus] METL4	XP_025763985.1 LOW QUALITY PROTEIN: voltage-dependent T-type calcium channel subunit alpha-11 [Oreochromis niloticus]	CACNA1I
XP_025764685.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-1B [Oreochromis niloticus] CACNA1B XP_025765797.1 glutamate receptor ionotropic, delta-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] GRID1 XP_025766166.1 methyltransferase-like protein 4 [Oreochromis niloticus] METL4	XP_025763990.1 two pore calcium channel protein 1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	TPCN1
XP_025765797.1 glutamate receptor ionotropic, delta-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus] GRID1 XP_025766166.1 methyltransferase-like protein 4 [Oreochromis niloticus] METL4	XP_025764685.1 voltage-dependent N-type calcium channel subunit alpha-1B [Oreochromis niloticus]	CACNA1B
XP_025766166.1 methyltransferase-like protein 4 [Oreochromis niloticus] METTL4	XP_025765797.1 glutamate receptor ionotropic, delta-1 isoform X1 [Oreochromis niloticus]	GRID1
	XP_025766166.1 methyltransferase-like protein 4 [Oreochromis niloticus]	METTL4

H. chilotes の分集団において正の自然選択を受けている可能性が高い適応候補遺伝子のリスト。Fsr 値および PBS 値から正の自然選択の痕跡が検出された分集団の組み合わせに基づき、適応候補遺伝子を13 種類に分類した。Mwa はムワンザ湾内集団、Mak は Makobe 集団、CJ は Chamagati-Juma 集団を指す。例えば、Mwa (1)はムワンザ湾内集団でのみ正の自然選択が働いている遺伝子を意味しており、()内の数字は本文中の 3.2.6 に記載した分類番号に相当する。

参考文献

- Alexander DH, Novembre J, Lange K. 2009. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Res.* 19:1655–1664.
- Andrews S. 2010. FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data. Available from: http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc
- Barrett RDH, Schluter D. 2008. Adaptation from standing genetic variation. Trends Ecol. Evol. 23:38-44.
- Baumgarten L, Machado-Schiaffino G, Henning F, Meyer A. 2015. What big lips are good for: On the adaptive function of repeatedly evolved hypertrophied lips of cichlid fishes. *Biol. J. Linn. Soc.* 115:448–455.
- Bezault E, Mwaiko S, Seehausen O. 2011. Population genomic tests of models of adaptive radiation in Lake Victoria region cichlid fish. *Evolution* 65:3381–3397.
- Birney E, Clamp M, Durbin R. 2004. GeneWise and Genomewise. Genome Res. 14:988–995.
- Boulenger G. 1911. On a third collection of fishes made by Dr. E. Bayon in Uganda, 1909-1910. Ann Mus Civ Stor Nat Genova 45:64–78.
- Brawand D, Wagner CE, Li YI, Malinsky M, Keller I, Fan S, Simakov O, Ng AY, Lim ZW, Bezault E, et al. 2014. The genomic substrate for adaptive radiation in African cichlid fish. *Nature* 513:375–381.
- Browning SR, Browning BL. 2007. Rapid and accurate haplotype phasing and missing-data inference for whole-genome association studies by use of localized haplotype clustering. *Am. J. Hum. Genet.* 81:1084–1097.
- Cescon M, Gattazzo F, Chen P, Bonaldo P. 2015. Collagen VI at a glance. J. Cell Sci. 128:3525-3531.
- Chen S, Zhou Y, Chen Y, Gu J. 2018. Fastp: An ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. *Bioinformatics* 34:i884–i890.
- Churakov G, Smit AFA, Brosius J, Schmitz J. 2005. A novel abundant family of retroposed elements (DAS-SINEs) in the nine-banded armadillo (Dasypus novemcinctus). *Mol. Biol. Evol.* 22:886–893.

- Cole TB, Stacey NE. 2006. Olfactory responses to steroids in an African mouth-brooding cichlid, Haplochromis burtoni (Günther). *J. Fish Biol.* 68:661–680.
- Cunningham F, Achuthan P, Akanni W, Allen J, Amode MR, Armean IM, Bennett R, Bhai J, Billis K, Boddu S, et al. 2019. Ensembl 2019. *Nucleic Acids Res.* 47:D745–D751.
- Danecek P, Auton A, Abecasis G, Albers CA, Banks E, DePristo MA, Handsaker RE, Lunter G, Marth GT, Sherry ST, et al. 2011. The variant call format and VCFtools. *Bioinformatics* 27:2156–2158.
- Darriba Di, Posada D, Kozlov AM, Stamatakis A, Morel B, Flouri T. 2020. ModelTest-NG: A New and Scalable Tool for the Selection of DNA and Protein Evolutionary Models. *Mol. Biol. Evol.* 37:291–294.
- Darwin C. 1859. On the Origin of Species by Means of Natural Selection. Murray, London
- Ellison AR, Uren Webster TM, Rey O, Garcia De Leaniz C, Consuegra S, Orozco-Terwengel P, Cable J. 2018. Transcriptomic response to parasite infection in Nile tilapia (Oreochromis niloticus) depends on rearing density. *BMC Genomics* 19:723.
- Ewing GB, Jensen JD. 2016. The consequences of not accounting for background selection in demographic inference. *Mol. Ecol.* 25:135–141.
- Flouri T, Izquierdo-Carrasco F, Darriba D, Aberer AJ, Nguyen LT, Minh BQ, Von Haeseler A, Stamatakis A. 2015. The phylogenetic likelihood library. *Syst. Biol.* 64:356–362.
- Garrison E, Kronenberg ZN, Dawson ET, Pedersen BS, Prins P. 2021. Vcflib and tools for processing the VCF variant call format. *bioRxiv* Available from: https://doi.org/10.1101/2021.05.21.445151

Gillespie JH, Langley CH. 1979. Are evolutionary rates really variable? J. Mol. Evol. 13:27-34.

- Greenwood PH. 1959. A revision of the Lake Victoria Haplochromis species (Pisces, Cichlidae). Part II. Bulletin of the British Museum (Natural History)
- Guerrero RF, Hahn MW. 2017. Speciation as a sieve for ancestral polymorphism. *Mol. Ecol.* 26:5362–5368.

- Gunter HM, Fan S, Xiong F, Franchini P, Fruciano C, Meyer A. 2013. Shaping development through mechanical strain: The transcriptional basis of diet-induced phenotypic plasticity in a cichlid fish. *Mol. Ecol.* 22:4516–4531.
- Hermisson J, Pennings PS. 2005. Soft sweeps: Molecular population genetics of adaptation from standing genetic variation. *Genetics* 169:2335–2352.
- Holsinger KE, Weir BS. 2009. Genetics in geographically structured populations: Defining, estimating and interpreting FST. *Nat. Rev. Genet.* 10:639–650.

Hudson RR. 1990. Gene genealogies and the coalescent process. Oxf. Surv. Evol. Biol 7:1-44.

- Hudson RR, Slatkin M, Maddison WP. 1992. Estimation of levels of gene flow from DNA sequence data. *Genetics* 132:583–589.
- Jiggins CD, Naisbit RE, Coe RL, Mallet J. 2001. Reproductive isolation caused by colour pattern mimicry. *Nature* 411:302–305.
- Johnson TC, Kelts K, Odada E. 2000. The Holocene History of Lake Victoria. Ambio 29:2-11.
- Kastenhuber E, Gesemann M, Mickoleit M, Neuhauss SCF. 2013. Phylogenetic analysis and expression of zebrafish transient receptor potential melastatin family genes. *Dev. Dyn.* 242:1236–1249.
- Keller-Costa T, Canário AVM, Hubbard PC. 2014. Olfactory sensitivity to steroid glucuronates in Mozambique tilapia suggests two distinct and specific receptors for pheromone detection. J. Exp. Biol. 217:4203–4212.
- Kimura M. 1968. Evolutionary Rate at the Molecular Level. Nature 217:624-626
- Kirschke H. 1998. Handbook of proteolytic enzymes. (Barrett AJ, Rawlings ND WJ, editor.). San Diego: Academic
- Kobayashi N, Watanabe M, Kijimoto T, Fujimura K, Nakazawa M, Ikeo K, Kohara Y, Gojobori T, Okada N. 2006. Magp4 Gene May Contribute To the Diversification of Cichlid Morphs and Their Speciation. *Gene* 373:126–133.

- Kocher TD. 2004. Adaptive evolution and explosive speciation: The cichlid fish model. *Nat. Rev. Genet.* 5:288–298.
- Kozlov AM, Darriba D, Flouri T, Morel B, Stamatakis A. 2019. RAxML-NG: A fast, scalable and userfriendly tool for maximum likelihood phylogenetic inference. *Bioinformatics* 35:4453–4455.
- Kratochwil CF, Liang Y, Gerwin J, Woltering JM, Urban S, Henning F, Machado-Schiaffino G, Hulsey CD, Meyer A. 2018. Agouti-related peptide 2 facilitates convergent evolution of stripe patterns across cichlid fish radiations. *Science* 362:457–460.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Mol. Biol. Evol.* 33:1870–1874.
- Lamichhaney S, Berglund J, Almén MS, Maqbool K, Grabherr M, Martinez-Barrio A, Promerová M, Rubin CJ, Wang C, Zamani N, et al. 2015. Evolution of Darwin's finches and their beaks revealed by genome sequencing. *Nature* 518:371–375.

Lande R. 1988. Genetics and Demography in Biological Conservation. Science 3:455–460.

- Li H. 2011. A statistical framework for SNP calling, mutation discovery, association mapping and population genetical parameter estimation from sequencing data. *Bioinformatics* 27:2987–2993.
- Li H. 2013. Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-MEM. 00:1–3. Available from: http://arxiv.org/abs/1303.3997
- Li H, Handsaker B, Wysoker A, Fennell T, Ruan J, Homer N, Marth G, Abecasis G, Durbin R. 2009. The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. *Bioinformatics* 25:2078–2079.
- Liao Y, Wang J, Jaehnig EJ, Shi Z, Zhang B. 2019. WebGestalt 2019: gene set analysis toolkit with revamped UIs and APIs. *Nucleic Acids Res.* 47:W199–W205.
- Lischer HEL, Excoffier L. 2012. PGDSpider: An automated data conversion tool for connecting population genetics and genomics programs. *Bioinformatics* 28:298–299.
- Loh YHE, Bezault E, Muenzel FM, Roberts RB, Swofford R, Barluenga M, Kidd CE, Howe AE, Di

Palma F, Lindblad-Toh K, et al. 2013. Origins of shared genetic variation in African cichlids. *Mol. Biol. Evol.* 30:906–917.

- Malaspinas AS, Westaway MC, Muller C, Sousa VC, Lao O, Alves I, Bergström A, Athanasiadis G, Cheng JY, Crawford JE, et al. 2016. A genomic history of Aboriginal Australia. *Nature* 538:207– 214.
- Malinsky M, Matschiner M, Svardal H. 2021. Dsuite Fast D-statistics and related admixture evidence from VCF files. *Mol. Ecol. Resour.* 21:584–595.
- Malinsky M, Svardal H, Tyers AM, Miska EA, Genner MJ, Turner GF, Durbin R. 2018. Whole-genome sequences of Malawi cichlids reveal multiple radiations interconnected by gene flow. *Nat. Ecol. Evol.* 2:1940–1955.
- Marques DA, Meier JI, Seehausen O. 2019. A Combinatorial View on Speciation and Adaptive Radiation. *Trends Ecol. Evol.* 34:531–544.
- Matuszewski S, Hermisson J, Kopp M. 2015. Catch me if you can: Adaptation from standing genetic variation to a moving phenotypic optimum. *Genetics* 200:1255–1274.
- Mayr E. 1942. Systematics and the Origin of Species, from the Viewpoint of a Zoologist. Cambridge Massacusetts: Harvard University Press
- McGee MD, Borstein SR, Meier JI, Marques DA, Mwaiko S, Taabu A, Kishe MA, O'Meara B, Bruggmann R, Excoffier L, et al. 2020. The ecological and genomic basis of explosive adaptive radiation. *Nature* 586:75–79.
- Meier JI, Marques DA, Mwaiko S, Wagner CE, Excoffier L, Seehausen O. 2017. Ancient hybridization fuels rapid cichlid fish adaptive radiations. *Nat. Commun.* 8:14363.
- Meier JI, Marques DA, Wagner CE, Excoffier L, Seehausen O. 2018. Genomics of parallel ecological speciation in Lake Victoria cichlids. *Mol. Biol. Evol.* 35:1489–1506.

Meier JI, Sousa VC, Marques DA, Selz OM, Wagner CE, Excoffier L, Seehausen O. 2017. Demographic

modelling with whole-genome data reveals parallel origin of similar Pundamilia cichlid species after hybridization. *Mol. Ecol.* 26:123–141.

Meier JI, Stelkens RB, Joyce DA, Mwaiko S, Phiri N, Schliewen UK, Selz OM, Wagner CE, Katongo C, Seehausen O. 2019. The coincidence of ecological opportunity with hybridization explains rapid adaptive radiation in Lake Mweru cichlid fishes. *Nat. Commun.* 10:5391.

Miles A, R. M, Ralph P, Harding N, Pisupati R, Rae S, Millar T. 2020. cggh/scikit-allel: v1.3.2.

- Miyagi R, Terai Y, Aibara M, Sugawara T, Imai H, Tachida H, Mzighani SI, Okitsu T, Wada A, Okada N. 2012. Correlation between nuptial colors and visual sensitivities tuned by opsins leads to species richness in sympatric Lake Victoria cichlid fishes. *Mol. Biol. Evol.* 29:3281–3296.
- Mort J. 1998. Handbook of proteolytic enzymes. (Barrett AJ, Rawlings ND WJ, editor.). San Diego: Academic
- Nakamura H, Aibara M, Kajitani R, Mrosso HDJ, Mzighani SI, Toyoda A, Itoh T, Okada N, Nikaido M. 2021. Genomic Signatures for Species-Specific Adaptation in Lake Victoria Cichlids Derived from Large-Scale Standing Genetic Variation. *Mol. Biol. Evol.* 38:3111–3125.
- Nikaido M, Ota T, Hirata T, Suzuki H, Satta Y, Aibara M, Mzighani SI, Sturmbauer C, Hagino-Yamagishi K, Okada N. 2014. Multiple episodic evolution events in v1r receptor genes of East-African cichlids. *Genome Biol. Evol.* 6:1135–1144.
- Ohta T. 1972. Population size and rate of evolution. J. Mol. Evol. 1:305–314.
- Ohta T. 1973. Slightly Deleterious Mutant Substitutions in Evolution. Nature 246:96–98.
- Ortiz E. 2019. vcf2phylip v2.0: convert a VCF matrix into several matrix formats for phylogenetic analysis. *Zenodo*.
- Patterson N, Moorjani P, Luo Y, Mallick S, Rohland N, Zhan Y, Genschoreck T, Webster T, Reich D. 2012. Ancient admixture in human history. *Genetics* 192:1065–1093.

Patterson N, Price AL, Reich D. 2006. Population structure and eigenanalysis. PLoS Genet. 2:2074–2093.

- Pauquet G, Salzburger W, Egger B. 2018. The puzzling phylogeography of the haplochromine cichlid fish Astatotilapia burtoni. *Ecol. Evol.* 8:5637–5648.
- Pérez-Sánchez J, Estensoro I, Redondo MJ, Calduch-Giner JA, Kaushik S, Sitjà-Bobadilla A. 2013. Mucins as Diagnostic and Prognostic Biomarkers in a Fish-Parasite Model: Transcriptional and Functional Analysis. *PLoS One* 8:1–9.
- Petren K, Grant PR, Grant BR, Keller LF. 2005. Comparative landscape genetics and the adaptive radiation of Darwin's finches: The role of peripheral isolation. *Mol. Ecol.* 14:2943–2957.
- Pfeifer B, Wittelsbürger U, Ramos-Onsins SE, Lercher MJ. 2014. PopGenome: An efficient swiss army knife for population genomic analyses in R. *Mol. Biol. Evol.* 31:1929–1936.
- Pfeffer GJ. 1896. Die Thierwelt Ost-Afrikas und der Nachbargebiete. Lief. v. Die Fische Ost-Afrikas. Die Fische Ost-Afrikas, Vol. 3p i-xviii+1–72.
- Plenderleith M, Van Oosterhout C, Robinson RL, Turner GF. 2005. Female preference for conspecific males based on olfactory cues in a Lake Malawi cichlid fish. *Biol. Lett.* 1:411–414.
- Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MAR, Bender D, Maller J, Sklar P, De Bakker PIW, Daly MJ, et al. 2007. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *Am. J. Hum. Genet.* 81:559–575.
- Rajkov J, Weber AAT, Salzburger W, Egger B. 2018. Immigrant and extrinsic hybrid inviability contribute to reproductive isolation between lake and river cichlid ecotypes. *Evolution (N. Y)*. 72:2553–2564.
- Ramanoudjame L, Rocancourt C, Lainé J, Klein A, Joassard L, Gartioux C, Fleury M, Lyphout L, Kabashi E, Ciura S, et al. 2015. Two novel COLVI long chains in zebrafish that are essential for muscle development. *Hum. Mol. Genet.* 24:6624–6639.
- Ronco F, Büscher HH, Indermaur A, Salzburger W. 2020. The taxonomic diversity of the cichlid fish fauna of ancient Lake Tanganyika, East Africa. *J. Great Lakes Res.* 46:1067–1078.

- Rose MC, Voynow JA. 2006. Respiratory tract mucin genes and mucin glycoproteins in health and disease. *Physiol. Rev.* 86:245–278.
- Salzburger W. 2009. The interaction of sexually and naturally selected traits in the adaptive radiations of cichlid fishes. *Mol. Ecol.* 18:169–185.
- Salzburger W. 2018. Understanding explosive diversification through cichlid fish genomics. *Nat. Rev. Genet.* 19:705–717.
- Salzburger W, Mack T, Verheyen E, Meyer A. 2005. Out of Tanganyika: Genesis, explosive speciation, key-innovations and phylogeography of the haplochromine cichlid fishes. *BMC Evol. Biol.* 5:1–15.
- Samonte IE, Satta Y, Sato A, Tichy H, Takahata N, Klein J. 2007. Gene flow between species of Lake Victoria haplochromine fishes. *Mol. Biol. Evol.* 24:2069–2080.
- Schiffels S, Durbin R. 2014. Inferring human population size and separation history from multiple genome sequences. *Nat. Genet.* 46:919–925.
- Schiffels S, Wang K. 2020. MSMC and MSMC2: The Multiple Sequentially Markovian Coalescent. In: Dutheil J, editor. Statistical Population Genomics. Springer. p. 147–166.
- Seegers L. 2008. The fishes collected by G. A. Fischer in East Africa in 1883 and 1885/86. Zoosystematics Evol. 84:149–195.
- Seehausen O. 1996. Lake Victoria rock cichlids: taxonomy, ecology, and distribution. Zevenhuizen, The Netherlands: Verduijn Cichlids
- Seehausen O, Lippitsch E, Bouton N, Zwennes H. 1998. Mbipi, the rock-dwelling cichlids of Lake Victoria: description of three new genera and fifteen new species (Teleostei). *Ichthyol. Explor. Freshwaters* 9:129–228.
- Seehausen O, Terai Y, Magalhaes IS, Carleton KL, Mrosso HDJ, Miyagi R, Van Der Sluijs I, Schneider M V., Maan ME, Tachida H, et al. 2008. Speciation through sensory drive in cichlid fish. *Nature* 455:620–626.

- Sepahi A, Kraus A, Casadei E, Johnston CA, Galindo-Villegas J, Kelly C, García-Moreno D, Muñoz P, Mulero V, Huertas M, et al. 2019. Olfactory sensory neurons mediate ultrarapid antiviral immune responses in a TrkA-dependent manner. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 116:12428–12436.
- Stager JC, Johnson TC. 2008. The late Pleistocene desiccation of Lake Victoria and the origin of its endemic biota. *Hydrobiologia* 596:5–16.
- Stamatakis A. 2014. RAxML version 8: A tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30:1312–1313.
- Stankowski S, Ravinet M. 2021. Defining the speciation continuum. Evolution 75:1256–1273.
- Svardal H, Quah FX, Malinsky M, Ngatunga BP, Miska EA, Salzburger W, Genner MJ, Turner GF, Durbin R. 2019. Ancestral Hybridization Facilitated Species Diversification in the Lake Malawi Cichlid Fish Adaptive Radiation. *Mol. Biol. Evol.* 37:1100–1113.
- Svardal H, Salzburger W, Malinsky M. 2021. Genetic Variation and Hybridization in Evolutionary Radiations of Cichlid Fishes. *Annu. Rev. Anim. Biosci.* 9:55–79.
- Takeda M, Kusumi J, Mizoiri S, Aibara M, Mzighani SI, Sato T, Terai Y, Okada N, Tachida H. 2013. Genetic Structure of Pelagic and Littoral Cichlid Fishes from Lake Victoria. *PLoS One* 8:e74088.
- Takuno S, Miyagi R, Onami J ichi, Takahashi-Kariyazono S, Sato A, Tichy H, Nikaido M, Aibara M, Mizoiri S, Mrosso HDJ, et al. 2019. Patterns of genomic differentiation between two Lake Victoria cichlid species, Haplochromis pyrrhocephalus and H. sp. 'macula.' *BMC Evol. Biol.* 19.
- Tekin M, Chioza BA, Matsumoto Y, Diaz-Horta O, Cross HE, Duman D, Kokotas H, Moore-Barton HL, Sakoori K, Ota M, et al. 2013. SLITRK6 mutations cause myopia and deafness in humans and mice. J. Clin. Invest. 123:2094–2102.
- Terai Y, Mayer WE, Klein J, Tichy H, Okada N. 2002. The effect of selection on a long wavelengthsensitive (LWS) opsin gene of Lake Victoria cichlid fishes. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 99:15501–15506.

- Terai Y, Miyagi R, Aibara M, Mizoiri S, Imai H, Okitsu T, Wada A, Takahashi-Kariyazono S, Sato A, Tichy H, et al. 2017. Visual adaptation in Lake Victoria cichlid fishes: Depth-related variation of color and scotopic opsins in species from sand/mud bottoms. *BMC Evol. Biol.* 17:1–12.
- Terai Y, Seehausen O, Sasaki T, Takahashi K, Mizoiri S, Sugawara T, Sato T, Watanabe M, Konijnendijk N, Mrosso HDJ, et al. 2006. Divergent selection on opsins drives incipient speciation in Lake Victoria cichlids. *PLoS Biol.* 4:2244–2251.
- Terhorst J, Kamm JA, Song YS. 2017. Robust and scalable inference of population history from hundreds of unphased whole genomes. *Nat. Genet.* 49:303–309.
- Theis A, Ronco F, Indermaur A, Salzburger W, Egger B. 2014. Adaptive divergence between lake and stream populations of an East African cichlid fish. *Mol. Ecol.* 23:5304–5322.
- Tonelotto V, Trapani V, Bretaud S, Heumüller SE, Wagener R, Ruggiero F, Bonaldo P. 2019. Spatiotemporal expression and distribution of collagen VI during zebrafish development. *Sci. Rep.* 9:19851.
- Urban S, Nater A, Meyer A, Kratochwil CF. 2021. Different Sources of Allelic Variation Drove Repeated Color Pattern Divergence in Cichlid Fishes. *Mol. Biol. Evol.* 38:465–477.
- Verheyen E, Salzburger W, Snoeks J, Meyer A. 2003. Origin of the superflock of cichlid fishes from Lake Victoria, East Africa. *Science* 300:325–329.
- Verzijden MN, Ten Cate C. 2007. Early learning influences species assortative mating preferences in Lake Victoria cichlid fish. *Biol. Lett.* 3:134–136.
- Vranken N, Van Steenberge M, Kayenbergh A, Snoeks J. 2020. The lobed-lipped species of Haplochromis (Teleostei, Cichlidae) from Lake Edward, two instead of one. J. Great Lakes Res. 46:1079–1089.
- Wagner CE, Keller I, Wittwer S, Selz OM, Mwaiko S, Greuter L, Sivasundar A, Seehausen O. 2013. Genome-wide RAD sequence data provide unprecedented resolution of species boundaries and

relationships in the Lake Victoria cichlid adaptive radiation. Mol. Ecol. 22:787-798.

- Weber AA-T, Rajkov J, Smailus K, Egger B, Salzburger W. 2021. Speciation dynamics and extent of parallel evolution along a lake-stream environmental contrast in African cichlid fishes. *Sci. Adv.* 7:eabg5391.
- Weir BS, Cockerham CC. 1984. Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution* 38:1358–1370.
- Weiss JD, Cotterill FPD, Schliewen UK. 2015. Lake tanganyika A "melting pot" of ancient and young cichlid lineages (Teleostei: Cichlidae)? *PLoS One* 10:1–29.
- Witte F, Welten M, Heemskerk M, Van Der Stap I, Ham L, Rutjes H, Wanink J. 2008. Major morphological changes in a Lake Victoria cichlid fish within two decades. *Biol. J. Linn. Soc.* 94:41–52.

Wright S. 1931. EVOLUTION IN MENDELIAN POPULATIONS. Genetics 16:97–159.

- Yamashita MS de A, Melo EO. 2018. Mucin 2 (MUC2) promoter characterization: an overview. *Cell Tissue Res.* 374:455–463.
- Yi X, Liang Y, Huerta-Sanchez E, Jin X, Xi Ping Cuo Z, Pool JE, Xu X, Jiang H, Vinckenbosch N, Korneliussen TS, et al. 2010. Sequencing of Fifty Human Exomes Reveals Adaptations to High Altitude. *Science (80-.).* 329:75–78.

謝辞

本研究を行なうにあたり、二階堂研究室の皆様に大変お世話になりました。指導教官であ る二階堂雅人准教授には、研究室に博士課程学生として受け入れてくださったこと、研究 遂行にあたり多大なるご支援、ご指導をいただいたこと、深く感謝しております。相原光 人研究員にはシクリッドの生態や形態分類について多くのことを教えていただきました。 現在まで二階堂研究室で関わりのあった全ての皆様に研究面・精神面で支えていただきま した。心より御礼申し上げます。また、共同研究者である東京工業大学生命理工学院の岡 田典弘名誉教授(現・北里大学特任教授)、伊藤武彦教授、梶谷嶺助教、国立遺伝学研究 所の豊田敦特任教授、タンザニア水産研究所のSemvua I. Mzighani博士、Hillary D. J. Mrosso 研究員にも心より御礼申し上げます。

また、修士課程まで在籍しておりました九州大学の進化遺伝学研究室でお世話になった舘 田英典教授、手島康介准教授にも改めて御礼申し上げます。教えていただいた集団遺伝学 研究の知識や能力は研究を進める上での大きな原動力になってくれました。

最後に、私事ではありますが、長い学生生活において精神的・経済的に常に支え、応援し てくれた家族に心より感謝の気持ちをこの場を借りて述べさせていただきます。

131

報文目録

<u>Nakamura H</u>, Aibara M, Kajitani R, Mrosso HDJ, Mzighani SI, Toyoda A, Itoh T, Okada N, Nikaido M. (2021) Genomic Signatures for Species- Specific Adaptation in Lake Victoria Cichlids Derived from Large-Scale Standing Genetic Variation. *Mol. Biol. Evol*, 388:3111-3125. doi: https://doi.org/10.1093/molbev/msab084.