

(続紙 1)

京都大学	博士 (理学)	氏名	荒木祥文
論文題目	Rapid divergence of local populations with different color forms in the dung beetle <i>Phelotrupes auratus</i> revealed by population genomics analyses (集団ゲノム解析で明らかになった食糞性甲虫オオセンチコガネにおける異なる色彩型の地域集団の急速な分化)		
(論文内容の要旨)			
<p>生物の多様化機構、特に種分化機構の解明は、生物学における究極的な課題の一つである。しかし、種分化の最初期の段階である地域集団の形成と、そこで生じている進化的現象については未解明な部分が多い。本研究では、種分化につながる可能性のある集団間分化の一例として、地理的に顕著な色彩変異を示すオオセンチコガネ <i>Phelotrupes auratus</i> に着目した。本種は、特にシカなどの大型草食哺乳類の糞を利用する食糞性甲虫で、鞘翅の層構造により、大別して赤色、緑色、瑠璃色の 3 つの色彩を示すが、同所的に複数の色彩型が共存することは極めて稀であり、明瞭な地理的分化が成立している。しかし、先行研究におけるミトコンドリア DNA の部分配列を用いた全国レベルでの種内系統推定では、系統分化と色彩型の間関係は明瞭ではなく、どのように地域集団が成立したのかはわかっていなかった。そこで本研究では、地域集団形成の過程と要因を明らかにすることを目的に、集団ゲノミクス的手法を用いて集団遺伝学的構造と歴史的集団動態を解明した。</p> <p>まず、制限酵素関連サイト DNA のシーケンス (RAD-seq) によって取得したゲノムワイドな SNP を用いた集団遺伝学的構造解析、表現型および遺伝子型のクライン解析、およびゲノムワイド連関解析 (GWAS) を実施した。その結果、近畿地方のオオセンチコガネは遺伝的に 3 系統に分かれるが、その地理的分化は色彩型の分布を反映しておらず、遺伝的系統 (西、東、南) と色彩型 (赤色型、緑色型、瑠璃色型) の組み合わせにより、5 つの地域集団 (西/赤、東/赤、南/赤、南/緑、南/瑠璃) に分化していることが明らかになった。さらにクライン解析により、狭い交雑帯が 2 ヶ所存在することが明らかになり、系統間で遺伝子流動が制限されていることが示唆された。交雑帯の一方では位置や規模が色彩型の移行帯とは一致しなかったことから、体色は集団間の隔離に必ずしも寄与していないことが示唆された。また、色彩と相関を示す SNP が複数見つかったことから、本種の構造色が複数の遺伝子座によって複合的に制御されている可能性が示唆された。</p> <p>続いて、集団遺伝学的構造推定によって明らかになった 5 つの地域集団間の遺伝子流動の大きさを評価し、集団分化の時期と有効集団サイズの変動を明らかにするために本種の全ゲノム配列を決定し、全ゲノムリシーケンシングで得られたより詳細な SNP でデータを用いて、地域集団の過去の動態を推定した。その結果、5 つの地域集団は約 3,800 年前、2,100 年前、600 年前、200 年前に分化したことが示唆された。この集団分化には約 4,000~3,600 年前の寒冷化と、約 2,000 年前以降のヒトの急速な人口増加にともなうシカなどの大型哺乳類の集団のサイズ縮小や生息地の分断化が影響し</p>			

ている可能性が考えられた。また、5つの地域集団間には、有効な遺伝子流動が見られず、地理的な隔離が成立していることが明らかとなった。色彩型が各地域集団内に固定された経緯は不明だが、瑠璃色型および緑色型が分化した際に集団サイズの縮小が見られることから、遺伝的浮動が色彩の集団内への固定に寄与した可能性がある。本研究により、近畿地方のオオセンチコガネは過去3,800年間に、寒冷化や人間活動の影響によって5つの独立した地域集団へと急速に分化したこと、そして地域集団間に遺伝子流動を妨げる何らかの隔離機構が作用していることが示唆された。本研究の結果は、形質の異なる、遺伝的に独立した地域集団間の形成が、我々の想像以上に急速に、容易に、かつ微細なスケールで進行し、種分化の機会をもたらしている可能性を示すものである。

(続紙2)

(論文審査の結果の要旨)

生物の種分化は、ほとんどの場合、地理的に隔離された異所的集団の遺伝的分化から始まる。現在みられる種内の地域集団間の遺伝的形質の変異は、将来の種分化につながる可能性のある地域集団の分化を表しており、種分化の初期過程を理解するのに好適な研究対象である。動物の体色は、最も分かりやすい適応形質の1つで、その種内変異は遺伝的な集団内多型や地域集団間の遺伝的分化を反映していることが多く、体色に着目して種内における地理的集団間の分化過程を調べることは、異所的種分化の初期過程の理解に役立つと考えられる。申請者は、近畿地方で構造色の顕著な地理的変異を示す食糞性甲虫オオセンチコガネに着目し、色彩の異なる地域集団の遺伝的分化について、全ゲノムデータを用いた詳細な集団遺伝学的解析を行った。オオセンチコガネは森林性で、シカなどの大型哺乳類の糞を餌とする。成虫は構造色でメタリックな体色を持つが、その色彩は反射スペクトルの波長により赤、緑、瑠璃色に分類できる。近畿地方では、琵琶湖の西部と東部に赤色集団、南部に緑色集団、その南から紀伊半島にかけて瑠璃色の集団が存在する。構造色による体色変異は連続的であるにも関わらず、比較的狭い地域で異なる色彩の集団が分化しているため、集団の分化過程・分化要因に興味を持たれていた。

申請者は、近畿地方各地から採集したオオセンチコガネ成虫の鞘翅の反射スペクトルを測定して色彩表現型を定量的に評価するとともに、ゲノム全体から制限酵素サイトに続く配列を読み取る縮約的なゲノム解析法であるRADシーケンス法を用いて地域集団の遺伝的構造を解析した。その結果、3つの色彩と3つの遺伝的系統の組み合わせにより、近畿地方のオオセンチコガネの地域集団が5集団に分けられることを明らかにした。このうち2つの地域集団境界(色彩移行帯)では狭い交雑帯が存在し、遺伝子流動の制限によって移行帯が維持されていたが、南部の3集団間では、遺伝的組成に目立った違いがないまま色彩が移行していた。次に申請者は、オオセンチコガネの全ゲノム配列を解読し、5つの地域集団のサンプル個体の全ゲノムリシーケンスデータを取得して、地域集団の分化過程について詳細な集団遺伝学的解析を行った。その結果、5集団が3800年前から200年前という比較的最近に分化し、分化の過程で集団サイズが縮小し、分化後の集団間の遺伝子流動がほとんど起こっていないことを明らかにした。地域集団の遺伝的分化に関わる要因に関しては、これまでに明らかになっている過去の気候変化、ヒトの歴史的個体群動態、大型哺乳類の歴史的分布変遷等の知見から、約4,000~3,600年前の寒冷化と、約2,000年前以降のヒトの急速な人口増加にともなうシカなどの大型哺乳類の集団サイズ縮小や森林生息地の分断化が集団分化に影響していると推定した。また、緑色・瑠璃色集団の分化に関しては、集団サイズの縮小が見られることから、遺伝的浮動が色の固定に寄与した可能性を指摘した。

申請者の研究は、比較的狭い地理的範囲の中で、顕著な色彩変異を示す地理的集団が短期間で分化しうることを、全ゲノムデータを用いた詳細な解析によって示した点で評価できる。さらに、野生の大型哺乳類の糞を餌とする昆虫の集団が分化する過程

で、人間活動による森林の分断、大型哺乳類の減少が影響した可能性を示唆する結果を得たが、これは昆虫の地理的集団分化の過程においてこれまであまり知られていなかった側面である。今後、餌の糞を提供する大型哺乳類の歴史的個体群動態をゲノム解析によって明らかにすることにより、人間活動の影響が関係する完新世の昆虫と動物の個体群動態や進化過程を解明する研究につながることを期待される。よって、本論文は博士（理学）の学位論文として価値あるものと認める。また、令和4年11月30日、論文内容とそれに関連した事項について試問を行った結果、合格と認めた。

要旨公表可能日：令和 年 月 日以降