

氏 名	にしむらしんや 西村 慎哉
学位(専攻分野)	博 士 (農 学)
学 位 記 番 号	論 農 博 第 2663 号
学位授与の日付	平 成 20 年 1 月 23 日
学位授与の要件	学 位 規 則 第 4 条 第 2 項 該 当
学 位 論 文 題 目	Studies of Gene Flow and Population Genetic Structure in the Kanzawa Spider Mite, <i>Tetranychus kanzawai</i> Kishida (Acari: Tetranychidae), Using Highly Polymorphic Molecular Markers (高度な多型性を示す分子マーカーを用いたカンザワハダニ個体群の 遺伝子交流と遺伝的構造に関する研究)
論文調査委員	(主 査) 教 授 高 藤 晃 雄 教 授 東 順 一 教 授 縄 田 栄 治

論 文 内 容 の 要 旨

本論文は、異所的あるいは同所的に分布するカンザワハダニ個体群間の遺伝子交流を調べるためのツールとして、高度な多型性を示すマイクロサテライトマーカーを開発し、これを用いて、地理的スケールの異なる複数の調査地でカンザワハダニの野外個体群の遺伝的構造を解析し、本種の個体群分化のメカニズムを分子生物学的手法によって明らかにしたものである。その結果は次のように要約される。

1. カンザワハダニのゲノムから新たに単離されたマイクロサテライトマーカーの遺伝様式を調べたところ、子世代での遺伝子型の分離比はメンデルの分離の法則から期待された値（1：1）となり、単離したマーカーがすべて核ゲノム上に存在することが示された。また、マーカー間での連鎖群解析を行ったところ、3つの組み合わせで有意な連鎖が認められた。野外個体群内での遺伝子頻度を調査したところ、高度な多型性が認められた。よって、新たに単離したマーカーは、カンザワハダニの個体群構造解析のツールとして有用であると考えられた。

2. 開発したマーカーを用いて、和歌山県中部で、複数の異なる寄主上に同所的に発生する局所個体群の遺伝的構造を時空間的に解析した。空間的な解析の結果、個体群間の遺伝的分化は地理的距離よりも寄主植物の影響で大きくなることが明らかとなった。アケビやクサギに発生する個体群間では互いに頻繁な遺伝子交流が認められたが、アジサイ上の個体群とその他の寄主植物に発生していた個体群間での遺伝子交流は明らかに少なかった。また、時間的な解析では、4月から5月の期間には個体群間の頻繁な遺伝子交流のために個体群の遺伝的分化は小さくなっていたが、5月から10月の期間ではボトルネック効果あるいは遺伝的浮動の影響で個体群分化が大きくなっていたことが分かった。

3. 次に東北地方において、複数の異なる寄主上に発生する個体群の遺伝的構造を地域レベルで解析したところ、2と同様に地理的距離よりも寄主植物の影響で個体群分化が進んでいることが明らかとなった。クズ上で発生していた個体群は、アケビ、アジサイ、サクラソウなどの寄主植物から採集した個体群から明らかに遺伝的に分離していた。

4. 続いて、北海道北部で異所的に分布する個体群間の遺伝子交流について調査した。本調査地では、寄主植物の影響を排除するために、同種の寄主植物からカンザワハダニ個体群を採集したが、それでもなお地理的距離による個体群の遺伝的分化は認められなかった。個体群内の遺伝的多様性は小さい一方で、個体群間の遺伝的変異が大きいことから、本調査地ではカンザワハダニ個体群は主に同系交配によって個体群を維持していると考えられた。

以上の結果から、カンザワハダニの個体群分化には、地理的距離ではなく寄主植物が大きな役割を果たしていることが分子生物学的手法によって実証された。この結果は、これまでの生態学的な研究から得られた知見と同様に、カンザワハダニにホストレースが存在すること、さらに本種が寄主転換を介した同所的種分化の過程にあることが示唆された。

論文審査の結果の要旨

農作物や野生植物など広範な寄主植物上で発生するカンザワハダニには、種内に大きな遺伝的変異・多様性が認められており、種分化の観点から大変興味深い研究対象である。しかし、従来の分子マーカーでは、十分なレベルの多型性が得られないことから、これまで個体群間の遺伝子交流や遺伝的構造については詳細に調査することができなかった。本論文では、高度な多型性を示すマイクロサテライトマーカーを新たに開発し、これをツールとして異所的あるいは同所的に存在するカンザワハダニ個体群間の遺伝子交流や遺伝的構造を解明することを目的としたものであり、特に評価すべき点は以下の通りである。

(1) 開発したマイクロサテライトマーカーは高度な多型性を示し、個体群内の短期間の遺伝的変化や、同所的個体群間の空間的な遺伝的変異を高感度で検出できることを実証した。また、開発した分子マーカーの遺伝様式と連鎖群を明らかにし、新しいマーカーの基礎データを明確にした。

(2) 複数の異なる寄主植物上に発生する個体群間の遺伝子交流を、メタ個体群レベルおよび地域レベルで解析し、個体群の遺伝的分化には地理的距離よりも寄主植物の影響が関与していることを明らかにした。

(3) 同一の寄主植物から採集した個体群の遺伝的構造についても調査し、寄主植物の影響を排除した場合でも、地理的距離によって個体群分化が促進されないことを明らかにした。

以上のように、本研究は、新たに開発したマイクロサテライトマーカーを個体群解析のツールとして利用することにより、これまで不明であったカンザワハダニ個体群の遺伝的分化のメカニズムを明らかにし、分子マーカーを用いた遺伝解析が、ハダニ類の種分化・進化プロセスを解明する上で有効であることを示すものであり、進化生物学、集団遺伝学、個体群生態学、害虫管理学、植物ダニ学などに対して寄与するところが大きい。

よって、本論文は博士（農学）の学位論文として価値あるものと認める。

なお、平成19年11月14日、論文並びにそれに関連した分野にわたり試問した結果、博士（農学）の学位を授与される学力が十分にあるものと認めた。