

## 学位論文の審査結果の要旨

地球上で種多様性が最も高い生物分類群は昆虫である。昆虫全体（92.5万種）のうちコウチュウ目、チョウ目、ハエ目、ハチ目に代表される植食性昆虫が40万種を占めている。これら植食性昆虫の殆どが被子植物を利用しており、植食性昆虫は被子植物と関係をもちながら種多様化してきたと考えられる。広腰亜目はハチ目の祖先的かつ多系統からなる種群で8500種からなる。そのなかでもハバチ上科は最も種多様性が高く、現存6科約7500種からなる。本研究では、ハバチ上科の高い種多様性と、被子植物をホストとして利用する関係を遺伝子解析から検討した。内容は以下の4つである。(1) ハバチ上科の系統関係を分子系統の構築から推定する。(2) 起源時期を分岐年代推定によって求めた。(3) ハバチ上科内での被子植物食の起源を現存ハバチ類のホストから推定し、(4) シダハバチ亜科に着目して19種のミトコンドリアDNAと核遺伝子を用いて分子系統解析をおこない、ホスト植物の多様化時期と比べた。

その結果、信頼性の高い分子系統樹が構築され、化石記録と矛盾のない各科・亜科の起源年代が推定された。推定された各科・亜科の起源年代をふまえると、ハバチ上科内で被子植物食が起源した時期は約2.2億年前と1.5億年前であることが示された。これらの時期は、最近の分子系統学的解析で推定された被子植物の起源・多様化時期と同時期にあたり、ハバチ上科の種多様化は被子植物の起源と種多様化に影響されている可能性を示した。みずから解析した遺伝子情報はシダハバチ亜科56種のうち31種である。必ずしも新しいデータは多くはないが、既存のデータとの比較解析がよくなされた。

もとよりハバチ上科やシダハバチ亜科の分子系統情報が少なかったことと、植食性の起源と多様化の分子系統の対応研究がなされておらず、ホスト植物の起源と種多様化と植食性の起源時期・多様化時期の関係を示した研究には新規性があり、その推定年代が従来予想されていた時期よりもより古い時期である可能性を示したことに価値がある。さらに多くのハバチ類の分子系統情報蓄積の必要性はあるものの、シダ植物食やイネ科食のシダハバチ亜科の多様化も1.5億年に起こった可能性も示し、現世シダ植物の多様化も被子植物の多様化と同時期に起こったとされる仮説も支持する結果となる。植食性ハバチ上科の系統から植食性昆虫の起源・多様化やシダ植物起源・多様化、裸子植物・イネ科植物の多様化の時期の同時性は新しい発見であり、蓄積された分子系統解析のデータベースを活用できたことも、新しい視点につながり、博士論文に値すると判断した。さらなる応用研究の発展が期待される。

### 公表主要論文名

- Yuichi Isaka and Toshiyuki Sato. Was species diversification in Tenthredinoidea (Hymenoptera: Symphyta) driven by the origin and diversification of angiosperms?. *Canadian Entomologist*. Doi10.4039/tce.2014.60 (2014年10月 on line)
- Yuichi Isaka and Toshiyuki Sato. Molecular phylogeny and divergence time estimation analyses of the sawfly subfamily Selandriinae (Hymenoptera: Tenthredinidae). *Entomological Science* 17(4):435-439. (2014年10月発行に掲載)

