

博士論文の内容の要旨
Abstract of Doctoral Dissertation

| | |
|--|---------------------------|
| 氏名 Full Name | 上木岳 |
| 学位名 Name of Degree | 博士 Doctor of (理学/SCIENCE) |
| 学位授与年月日 Date of The Degree Conferral | 2023年 3月20日/March 20th |
| 論文題目 Dissertation Title | 共生から紐解くクワガタムシ科の進化生物学的研究 |

(博士論文の内容の要旨 Abstract of Doctoral Dissertation)

本研究ではクワガタムシを取り巻く共生系に着目し、クワガタムシ科における生態学的なニッチの多様化と種の多様化の解明を目的とする。

第1章では、クワガタムシ科における食性および生息環境の多様化と共生酵母との共進化の関係性に迫る。枯死木を利用するクワガタムシにおいて、共生酵母は木成分の代謝の補助を担うと考えられる。そこで、クワガタムシ科における祖先的なグループから新しいグループを網羅する日本のクワガタムシ全属の共生酵母の系統関係を明らかにした。その結果、褐色腐朽食性を示す祖先的なクワガタムシはセロビオース発酵性の共生酵母をもつのに対し、白色腐朽食性を示す新しいグループのクワガタムシはキシロース発酵性の共生酵母を保持していた。幼虫の食性の祖先質の結果から、広葉樹に生息するクワガタムシ科において白色腐朽食性を示すクワガタムシは、キシロース発酵性酵母の獲得、新規ニッチである白色腐朽の利用を可能にし、それにとともなうクワガタムシ科の適応を促進したことを推測された。また、白色腐朽食性のクワガタムシの系統の中から、より高い栄養源を求めて腐植質へと進化した分類群では共生酵母の喪失あるいは新規共生酵母の獲得が生じたことが明らかになった。さらに、異質な環境の枯死木を利用するクワガタムシ類の共生酵母は、既知の共生酵母には近縁な種おらず、未記載の共生酵母であった。このことから共生酵母との共進化とクワガタムシの生態学的ニッチの多様化には密接な関わりがあることが示唆される。クワガタムシ科の共生酵母の詳細な系統関係を解明したところ、共生酵母の系統は宿主クワガタムシの種あるいは属などに特異的であり、基本的には共生酵母は成虫から幼虫への垂直伝搬により獲得すると考えられる。しかしながら、両者の系統関係は一致せず、宿主クワガタムシの生息する植生帯などの生息環境に対する共生酵母の系統分化が認められた。この結果は、同所的に生息するクワガタムシ種間での共生酵母の水平伝搬を示唆するものである。

そこで第2章では、共生酵母の水平伝搬経路に注目した。日本に分布するルリクワガタ属10種は共通の祖先から種分化した。しかし、その共生酵母の系統関係に注目すると中国地方から九州北部に生息するニシコルリクワガタは、朝鮮半島のルリクワガタ属と同系統の共生酵母を保持していた。また朝鮮半島では系統的に近縁ではないルリクワガタ属とオニクワガタ属、同じ系統の共生酵母を保持していた。そこで、対馬産キンオニクワガタ、および九州産のオニクワガタの共生酵母も追加した系統解析を実施した。その結果、ニシコルリクワガタと朝鮮半島のルリクワガタ属の間で共生酵母の水平伝搬が生じたのではなく、対馬のキンオニクワガタを介して朝鮮半島由来の共生酵母をニシコルリクワガタが獲得したことが示唆された。また対馬のキンオニクワガタにおいても、九州本土のオニクワガタからの共生酵母の水平伝搬が生じており、対馬の集団内において共生酵母の置換が生じていることが明らかになった。このことから、歴史的に分布域重複し、選好する生息環境類似する種間においては別属どうしにも関わらず共生酵母の水平伝搬が生じ得ることが示唆された。

第3章ではブナと被食-捕食の関係にあるヒメオオクワガタの地理的な遺伝構造を解明し、宿

主であるブナの分布変遷 及ぼす影響を究明した。mtDNA とゲノムワイドな SNPs に基づく分子系統解析および集団遺伝構造解析の結果、ヒメオオクワガタは北海道、本州全域および四国の集団から構成されるクレード I と九州の集団のみから構成されるクレード II に大きく分化した。さらに両クレードにおいて、日本海側の集団と太平洋側の集団間において遺伝的分化 認められ、ブナの地理的な遺伝的分化と合致した。また、ヒメオオクワガタの地理的な遺伝的変異は、中部地方以南の西南日本では遺伝的多様性 高い一方で、中部地方以北の東北日本では遺伝的多様性 低く、ブナの地理的な遺伝的変異と合致した。加えて、ブナとヒメオオクワガタの生息適地推定の結果から、両者の分布域は最終氷期最寒冷期には北緯 40 度以南に後退するとともに、本州地域では日本海側と太平洋側の沿岸部へと分布 分断された。また、東北日本と比較して九州を中心とした西南日本では歴史的にブナ 安定して分布していた。このことから、ヒメオオクワガタは寄主であるブナの分布変遷にともな いて分布域を変動させてきたこと 明らかになった。以上の結果から、西南日本ではヒメオオクワガタの集団 長期間にわた いて安定維 持されてきたため高い遺伝的多様性を示す。一方で、東北日本では最終氷期最寒冷期の北限のレフュジアに由来する集団 、その後の間氷期に急速に北方へと分布拡大し、それによる創始者効果の影響で遺伝的多様性 低いこと 示唆された。加えて、氷期におけるブナの日本海側と太平洋側への分断分布は、ヒメオオクワガタにおいても日本海側と太平洋側の集団間の遺伝子を制限したと思われる。また、ヒメオオクワガタ集団間の歴史的なブナ林の接続性は、集団間の遺伝子流動との相関関係 認められた。これらの結果からヒメオオクワガタは寄主であるブナと同じような分布変遷を辿 ってきた結果、両者の遺伝構造 合致したと考えられる。