

## Population genetic analyses of *Taxodium distichum*, a wetland coniferous tree in North America, based on amplicon sequencing

池崎, 由佳

<https://hdl.handle.net/2324/1806843>

---

出版情報 : 九州大学, 2016, 博士 (理学), 課程博士  
バージョン :  
権利関係 : やむを得ない事由により本文ファイル非公開 (2)

氏 名	池崎 由佳			
論 文 名	Population genetic analyses of <i>Taxodium distichum</i> , a wetland coniferous tree in North America, based on amplicon sequencing (北米産湿地性針葉樹ヌマスギのアンプリコンシークエンス解析に基づく集団遺伝学的解析)			
論文調査委員	主 査	九州大学	教授	館田 英典
	副 査	筑波大学	教授	津村 義彦(生命環境系)
	副 査	九州大学	准教授	楠見 淳子 (比較社会文化学府)
	副 査	九州大学	准教授	Alfred E. Szmidt

### 論 文 審 査 の 結 果 の 要 旨

生物進化を考える上でどのように種が分化し形質の進化が起きてきたかを知ることは重要である。このためには最近に分岐し形質が異なっている集団の歴史、つまり集団の分岐時点、過去のサイズや移住率、を推定し、また形質変化の遺伝的機構を明らかにすることが必要となる。

針葉樹ヌマスギ (*Taxodium distichum*) には北米湿地に生育し形質や生育地が異なる 2 変種 *baldcypress* と *pondcypress* があり、種の分化が起こりつつある樹木種として種分化過程を明らかにするための格好の研究材料である。そこで本論文では、集団遺伝学的手法を使って北米ヌマスギ集団の解析を行った。

まず、北米各地の 12 集団で合計 96 個体のヌマスギから針葉をサンプルし、各個体の 47 核遺伝子座の塩基配列を、次世代シークエンサーを使って決定した。サンガーシークエンサーを使って決定した少数個体での塩基配列との比較により、次世代シークエンサーから得られたデータが、適切な処理を行った後は十分解析に使える精度を持つことを確かめた。得られたデータに Bayes 法など尤度を使う統計的手法を適用し、ヌマスギ集団の構造と歴史及び過去に働いた自然淘汰の推定を行った。その結果、ヌマスギ集団はミシシッピー川沿いの *baldcypress*、フロリダの *baldcypress* と *pondcypress* の 3 グループに分かれ、この 3 グループは数百万年前に分岐した後、比較的高いレベルの遺伝子流動を保って進化してきたことが推定された。しかもミシシッピー川の *baldcypress* とフロリダの *pondcypress* はフロリダの *baldcypress* との分岐時点で非常に小さな集団であったがその後拡大したことが示唆され、*pondcypress* やミシシッピーの *baldcypress* がフロリダの *baldcypress* から生じた集団であることが推測された。またフロリダの *pondcypress* と *baldcypress* の遺伝的分化の指標である  $F_{ST}$  値は 7% 程度だったが、この遺伝的分化には少数の遺伝子座のみが寄与しており、これらの遺伝子座が形態や生態的な違いに関与していることが示唆された。

次にヌマスギの適応形質の一つとして早魃耐性を選び、その遺伝的機構を知るために早魃が起きたテキサス集団から 95 個体のヌマスギをサンプルし、各個体の枯損状況と 141 核遺伝子座の塩基配列を決定して関連解析を行った。枯損状況と有意な関連を持つ遺伝子は見つからなかったが、樹高と相関を持つ 1 遺伝子座が見つかった。樹高と枯損状況に相関があるので、サンプル数や遺伝子座数を増やすことによって、今後この遺伝子の早魃耐性への関与を明らかにする必要がある。

以上の研究は、進化生物学と集団遺伝学についての重要な貢献である。よって、本論文は博士(理学)の学位論文に値するものと認める。