

Population genetics systematic studies of pinewood nematode, *Bursaphelenchus xylophilus* in Kyushu

張, 涵泳

<https://hdl.handle.net/2324/2236304>

出版情報 : 九州大学, 2018, 博士 (農学), 課程博士
バージョン :
権利関係 :

氏 名 : 張 涵泳

論文題名 : Population genetic and systematic studies of pinewood nematode, *Bursaphelenchus xylophilus* in Kyushu
(九州地域におけるマツノザイセンチュウの集団遺伝学および系統分類学的研究)

区 分 : 甲

論 文 内 容 の 要 旨

マツノザイセンチュウ (*Bursaphelenchus xylophilus* (Steiner et Buhner) Nickle (以下、材線虫)) は強い病原性と伝染性をもつ植物寄生線虫の一種で、マツ材線虫病の病原体である。その伝播と発病のスピードが速いことから、全世界のマツ林に甚大な被害を引き起こしている。伝染の拡大や未感染地域への伝播を防ぐためには、材線虫の伝播ルートや分布拡大についての知見の集積が不可欠である。材線虫の伝播には近距離間での媒介昆虫 (カミキリ類) や遠距離間での人間活動 (木材の移動) など複数の要因が関与していることから、材線虫は複雑な集団構造を形成していると考えられており、その解明には集団遺伝学および系統分類学的解析が必要である。一方、材線虫では、既に全ゲノムの塩基配列が決定され、さらに発現遺伝子の配列解析から多数の EST (Expressed Sequence Tag) が報告されていることから、生物ゲノム中に広く分布する SNP (Single Nucleotide Polymorphism、一塩基多型) 情報の活用が可能となっている。また、近年、次世代シーケンサーの普及によって、ハイスループットに塩基情報の収集が可能となり、生物種を問わず SNP 情報の取得が容易になっている。そこで本研究では、アジアでの最初の侵入地である九州において、核ゲノムおよびミトコンドリアゲノムの SNP 情報を利用して、材線虫集団の遺伝的構造と地域集団間の系統分類学的関係の解明を行った。

まず、核ゲノムの 10 個の EST 遺伝子座の SNP 情報を用いて、九州の 8 地域 (唐津、松浦、天草、新富、宮崎、日南、川内、指宿) に生息する材線虫集団について、九州全域、地域集団、被害木内集団 (亜集団) の各階層で保持されている遺伝的多様性を集団遺伝学的解析手法を用いて定量化し、集団の遺伝的構造を解析した。その結果、九州全域の遺伝子分化係数 (G_{ST}) は 0.53 で、全遺伝子多様度 ($H_T = 0.63$) の半分以上が地域集団間に存在し、集団間に大きな差異があった。8 地域集団の H_T は 0.12~0.59 であり、多様性に富んでいたのは、川内、新富、松浦、唐津 (それぞれ、0.59、0.57、0.56、0.55) で、地域集団内における G_{ST} (それぞれ、0.43、0.35、0.25、0.25) も高く、亜集団間に大きな差違があった。一方、多様性が特に低かったのは、天草、宮崎 (それぞれ、0.12、0.18) で、その G_{ST} も小さく (それぞれ、0.01、0.02)、亜集団間の違いは極めて小さかった。これらの 2 集団の形成には、ボトルネック/創始者効果が影響していることが示された。また、九州では各地域集団が保有する多様性において二極化が進行していることが示唆された。

次に、ミトコンドリアゲノムの SNP 情報を用いて、九州の 12 地域集団 (松浦、唐津、糸島、行橋、築上、天草、新富、宮崎、日南 N、日南 S、川内、指宿) 間の系統分類学的関係の解明を行った。材線虫のミトコンドリアゲノムサイズは約 16 kbp とされており、本研究ではこの約半分にあたる 8,060 bp の塩基配列上の SNP を探索した。その結果、供試した 285 個体で、158 個の SNP と 5

個の indel からなる 163 の多型サイトを検出し、九州の材線虫には 30 種類のハプロタイプが内在していることを明らかにした。ハプロタイプ多様度は 0.83 と高い値を示し、九州に生息する材線虫集団はミトコンドリアゲノムにおいても高い多様性を保有していることが示された。近隣結合法を用いて 30 ハプロタイプの系統関係を分析した結果、九州北部の地域集団に出現する 14 ハプロタイプの中の 12 種類は同じクレードを形成したが、南部の集団で出現するハプロタイプでは明確な傾向は認められなかった。一方、各集団のハプロタイプ頻度から算出した地域集団間の G_{ST} と遺伝的距離はそれぞれ 0.33 と 0.144~0.916 となり、12 集団のミトコンドリアゲノム組成に地域分化が認められた。また、既報の九州における材線虫の侵入伝播ルートとの比較から、地域間での遺伝子流動によって材線虫系統の分布にダイナミックが起っていることが示唆された。

本研究では真核生物が有する 2 つの遺伝情報（核ゲノムとミトコンドリアゲノム）から、材線虫の集団遺伝学および系統分類学的解明を行った。その中で、核ゲノムにおいて多様性が低いと評価された天草は、ミトコンドリアゲノムでは高いハプロタイプ多様性を保有していた。これは両ゲノムの遺伝様式の違いに起因していると推察されることから、材線虫の遺伝学的研究においては遺伝様式を異にする両ゲノム情報の併用の重要性が示唆された。