

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 名	Population genetic and systematic studies of pinewood nematode, <i>Bursaphelenchus xylophilus</i> 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)		
論文調査委員	主 査	九州大学	教 授 吉 田 茂二郎
	副 査	九州大学	教 授 古 屋 成 人
	副 査	九州大学	名誉教授 白 石 進

論 文 審 査 の 結 果 の 要 旨

世界のマツ林に壊滅的な被害を及ぼしているマツ材線虫病に対する効果的な防除法を開発するためには、その病原体である *Bursaphelenchus xylophilus* (マツノザイセンチュウ, 以下材線虫) の系統変異や集団構造等の遺伝的特性に関する知見が不可欠となる。材線虫の伝播には媒介昆虫(カミキリ類)に加え、人間活動おもに木材の移動など複数の要因が大きく関与していることから、複雑な集団構造が形成されていると考えられるが、未だ明らかになっていない。本研究は、集団遺伝学および系統分類学的解析手法を用いて、アジアでの最初の材線虫侵入地である九州地域において、材線虫集団の遺伝的多様性と遺伝的集団構造を定量的に解明したものである。

まず、核ゲノムの EST (Expressed Sequence Tag) 遺伝子座の変異情報を用いて、九州の 8 地域に生息する材線虫集団について、九州全域、地域集団、被害木内集団の各階層で保持されている遺伝的多様性を定量的に評価し、集団の遺伝的構造の解明を世界で初めて行っている。その結果、地域間の多様性は遺伝子分化係数 (G_{ST}) で表すが、九州全域での値は 0.53 となり、多様性の半分以上が地域集団間に存在し、地域間に大きな遺伝的差異があることを明らかにした。さらに、多様性が極めて高い集団がある一方で、多様性がほとんどない集団も同時に存在し、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を日本で初めて明らかにした。これは、一世紀に及び繰り返されたマツ林の消長の過程で起こったボトルネックもしくは創始者効果によって引き起こされた可能性を示唆している。また、多様性が高い地域集団では、地域内の被害木内集団間にも大きな差違があることを確認している。

次に、ミトコンドリアゲノムの多型情報を用いて、九州の 12 地域集団 (計 285 個体) 間の系統分類学的関係の解明を行っている。材線虫のミトコンドリアゲノムサイズの半分にあたる 8,060 bp の塩基配列にある一塩基多型と挿入・欠失からなる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存在していることを明らかにした。さらに、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 (ハプロタイプ多様度: 0.83) を保有していることを初めて示した。既往の研究ではミトコンドリアゲノムにおける変異は極めて低いとされているが、これは、多数の材線虫個体 (アイソレイト) を一括して分析しているため、出現頻度の低い変異を検出できないことに起因していると考えられる。そこで本研究では、微小な材線虫から一頭単位で塩基配列情報を取得する手法を確立し、ミトコンドリアゲノムにも

高い多様性が存在することを初めて明らかにした。さらに、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、その後に起こった地域間での遺伝子流動によって材線虫系統の分布に大きな変動が起っていることを明らかにした。

以上、要するに本研究は、マツ材線虫病の病原体である材線虫について、2つの遺伝情報（核ゲノムとミトコンドリアゲノム）から、遺伝的多様性と遺伝的集団構造を定量的に解明したものであり、森林保護学、森林遺伝学ならびに線虫学上価値ある業績である。

よって、本研究者は博士（農学）の学位を得る資格を有するものと認める。