

Title	タンパク質をコードする核遺伝子による昆虫類の系統関係の解明
Author(s)	石渡, 啓介
Citation	大阪大学, 2011, 博士論文
Version Type	
URL	<a href="https://hdl.handle.net/11094/58603">https://hdl.handle.net/11094/58603</a>
rights	
Note	著者からインターネット公開の許諾が得られていないため、論文の要旨のみを公開しています。全文のご利用をご希望の場合は、 <a href="https://www.library.osaka-u.ac.jp/thesis/#closed">〈a href="https://www.library.osaka-u.ac.jp/thesis/#closed"〉</a> 大阪大学の博士論文について <a href="https://www.library.osaka-u.ac.jp/thesis/#closed">〈/a〉</a> をご参照ください。

***Osaka University Knowledge Archive : OUKA***

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

Osaka University

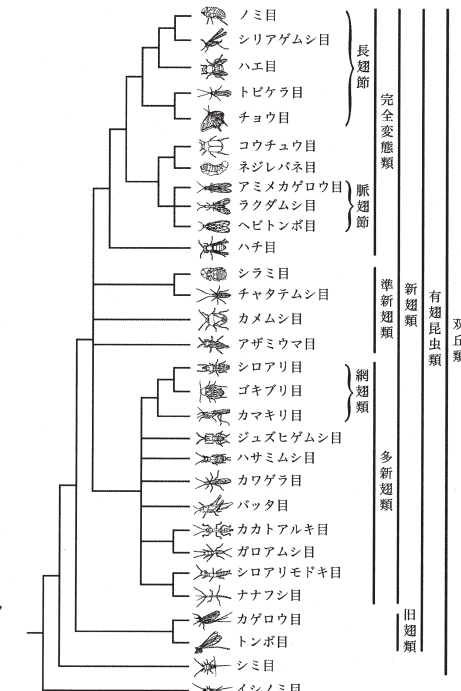
[51]

氏名	石 渡 啓 介
博士の専攻分野の名称	博 士 (理 学)
学位記番号	第 24346 号
学位授与年月日	平成23年3月25日
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当 理学研究科生物科学専攻
学位論文名	タンパク質をコードする核遺伝子による昆虫類の系統関係の解明
論文審査委員	(主査) 招聘教授 蘇 智慧 (副査) 教 授 常木和日子 招聘教授 橋本 主税

論文内容の要旨

昆虫類の高次分類群間(目間を含む)の系統関係を明らかにするため、形態形質および分子データに基づく多くの研究がこれまでなされてきた。しかし、昆虫類の系統関係は依然として明らかになっていない。この問

題に対し、新たなアプローチとして本研究では DNA polymerase  $\delta$  catalytic subunit, RNA polymerase II largest subunit, second largest subunit のタンパク質をコードする三つの核遺伝子、または RNA polymerase III largest subunit, second largest subunit も加えた合計五つの核遺伝子を用いて昆虫類の系統解析を行った。昆虫類全30目(各目より1-4種ずつ)からこれらの遺伝子(三つないし五つ)のcDNA配列を決定したうえで、推定されたアミノ酸配列を使用し、さまざまなアミノ酸置換モデルを用いて最尤法とベイズ法で系統解析を実行した。得られた系統樹から双丘類, 有翅昆虫類, 旧翅類, 新翅類, 多新翅類, 完全変態類がそれぞれ単系統群であることが強く支持された。多新翅類の間では(シロアリ目, ゴキブリ目, カマキリ目)が一つのクレード(網翅類と呼ばれる)になり,(網翅類, ジュズヒゲムシ目),(ハサミムシ目, カワゲラ目),(カカトアルキ目, ガロアムシ目),(シロアリモドキ目, ナナフシ目)がそれぞれ姉妹群となった。準新翅類は単系統群とならずに(シラミ目, チャタテムシ目),(カメムシ目, アザミウマ目)の二つのクレードにわかれ,前者のクレードは強く支持された。完全変態類ではほとんどの目間でその系統関係が高い信頼度で支持され,ハチ目は完全変態類のもっとも祖先的な系統であることが明らかになった。ハチ目以外の完全変態類は二つのクレードに分かれ,それぞれのクレード中の目間の関係も解明された。それらは(((ノミ目, シリアゲムシ目), ハエ目), (トビケラ目, チョウ目))と((コウチュウ目, ネジレバネ目), (アミメカゲロウ目, ラクダムシ目, ヘビトンボ目))である。さらにネジレバネ目とハチ目の系統的位置について,長く論争が続いてきたが,本研究では統計的検定(AU検定, KH検定, wSH検定)を行ったところ,ネジレバネ目がハエ目と姉妹群になる系統樹はいずれの検定でも有意に棄却され,また,ハチ目が長翅類と姉妹群になる系統樹はAU検定とKH検定で有意に棄却された。したがって,ネジレバネ目はハエ目ではなく,コウチュウ目に近縁であり,ハチ目は長翅類の姉妹群ではなく,完全変態類のもっとも祖先的な系統であると結論した。



本研究から得られた昆虫類の高次分類群間の系統関係信頼度の低い分岐を多分岐にした。

論文審査の結果の要旨

石渡啓介君の学位論文は、タンパク質をコードする複数の核ゲノム遺伝子を用いて、昆虫類の系統関係を緻密に解析したものです。材料としては、昆虫類のすべての目(30目)からサンプリングを行い、各目から1-4種のサンプルを得ました。方法としては、得られたサンプルから3つないし5つの核遺伝子(DPD1: the catalytic subunit of DNA polymerase delta; RPB1とRPB2: the two largest subunits of RNA polymerase II; RPC1とRPC2: the two largest subunits of RNA

polymerase III) の解析を行い、そのアミノ酸配列を用いてさまざまなモデルに基づいた最尤法と  
ベイズ法による系統解析を行いました。その結果、信頼性の高い系統樹が得られ、昆虫類の高次  
分類群である有翅昆虫類、旧翅類、新翅類、多新翅類、完全変態類の単系統性が強く支持され、  
完全変態類昆虫の目間の系統関係も明らかになりました。特に、ハチ目が完全変態類において最  
初に分岐した系統であることと、ネジレバネ目(その系統的位置が長く論争されてきた)がコウ  
チュウ目に近縁であることを解明したことは注目すべき点です。また、多新翅類が単系統群であ  
ることを強く支持したのは分子系統解析におけるはじめての証拠であり、学術的価値が極めて高  
いと考えます。本論文が示した昆虫の系統関係は今後昆虫類の進化を考える際のスタンダードな  
ものになっていくことが強く期待できます。

本論文は、昆虫類のすべての目のサンプルの収集、分子マーカーの探索、詳細かつ緻密な系統  
解析、学術的価値が高い結果と考察、いずれにおいても力作であり高く評価できる。よって、本  
論文は博士(理学)の学位論文として十分価値あるものと認める。