

論文 / 著書情報
Article / Book Information

| | |
|-------------------|---|
| 題目(和文) | 染色体進化の統合的理解に向けた鱗翅目昆虫の比較ゲノム解析 |
| Title(English) | Comparative genomic analysis of Lepidoptera for an integrated understanding of chromosomal evolution |
| 著者(和文) | 山部貴央 |
| Author(English) | Takahiro Yamabe |
| 出典(和文) | 学位:博士(理学), 学位授与機関:東京科学大学, 報告番号:甲第241号, 授与年月日:2025年3月26日, 学位の種別:課程博士, 審査員:伊藤 武彦,本郷 裕一,立花 和則,二階堂 雅人,山田 拓司 |
| Citation(English) | Degree:Doctor (Science), Conferring organization: Institute of Science Tokyo, Report number:甲第241号, Conferred date:2025/3/26, Degree Type:Course doctor, Examiner:,,,, |
| 学位種別(和文) | 博士論文 |
| Category(English) | Doctoral Thesis |
| 種別(和文) | 審査の要旨 |
| Type(English) | Exam Summary |

論文審査の要旨及び審査員

| 報告番号 | 甲第 | | 号 | 学位申請者氏名 | | 山部 貴央 | |
|-------------|-----|--------|---|---------|-----|-------|-----|
| 論文審査 審査員 | | 氏名 | | 職名 | | 氏名 | 職名 |
| | 主査 | 伊藤 武彦 | | 教授 | 審査員 | 山田 拓司 | 准教授 |
| | 審査員 | 本郷 裕一 | | 教授 | | | |
| | | 立花 和則 | | 准教授 | | | |
| | | 二階堂 雅人 | | 准教授 | | | |

論文審査の要旨 (2000 字程度)

本論文は「染色体進化の統合的理解に向けた鱗翅目昆虫の染色体比較ゲノム解析(Comparative genomic analysis of Lepidoptera for an integrated understanding of chromosomal evolution)」と題し、鱗翅目昆虫における染色体進化のメカニズムを解明するために行った一連の研究結果をまとめたものであり、全四章より構成されている。

第一章「序論」では、本研究の対象である鱗翅目昆虫について、種や核型の多様性の特徴、さらには染色体の分裂・融合など進化的観点から見られる特徴を紹介している。続いて、鱗翅目のゲノム解析により明らかになった染色体長や核型変化が進化に与える影響、ならびに性染色体であるZ染色体の特異性について詳述すると共に、従来の研究で提唱されたFaster-Z仮説とSlower-Z仮説の2つの仮説が混在している現状を整理した上でその解明の意義を論じている。さらに本研究の主題として、「染色体長がゲノム進化に与える影響の解明」と「Faster-Z仮説の包括的検証」を設定し、染色体進化の多面的なメカニズムを探ることの重要性を述べている。

第二章「オオスカシバの染色体比較ゲノム解析」では、スズメガ科の昆虫オオスカシバゲノムを対象に、染色体長が進化動態に与える影響についての研究成果を述べている。オオスカシバは、鱗翅目のモデル生物であるタバコスズメガやカイコと異なる核型を持つため、染色体融合の変遷および、融合に伴う染色体長変化がゲノム進化に与える影響の解明に適したモデルである。本研究では、本種の染色体レベルの全ゲノムアセンブルを構築し、近縁種との比較ゲノム解析を行うことで、短い染色体ほど種間で配列分化が速く種内多様性が高いこと、リピート配列の割合が増加することを明らかにした。この結果は、短い染色体では変異頻度が高く、ゲノム配列の適応進化を促進する可能性を示唆している。また、染色体融合によって染色体長が増加すると、リピート配列の蓄積や進化速度が変化することも合わせて確認し、「染色体長」が進化特性を規定する主要因の一つであると述べている。

第三章「鱗翅目46種におけるZ染色体の進化解析」では、46種の鱗翅目ゲノムデータを用いた解析を通じて、Z染色体の進化的特性についての解析結果を述べている。本研究では、これまで少ない種の遺伝子領域に限定されていたFaster-Z仮説の検証を、46種の全ゲノム配列に解析対象を広げることで、遺伝子の有無による偏りなく評価することを可能とした。加えて、構造変異(SV)も考慮に入れた解析を行った。まず全ゲノム配列の比較により、Z染色体は常染色体に比べて急速な配列分化を示し、鱗翅目全般でFaster-Z仮説を支持する結果が得られた。さらに、シンテニー(遺伝子の順序)解析によりゲノム構造比較を行ったところ、Z染色体上では染色体再編成の頻度も高いことが明らかとなった。この急速な配列分化の基盤となるメカニズムを解明するため、リファレンスゲノムの相同染色体配列であるAlternate haplotype配列を活用する新たな解析手法を導入し、二倍体ハプロタイプ間の構造変異および一塩基変異(SNV)の検出を行ったところ、Z染色体全体で低い遺伝的多様性が観察された。これはZ染色体の有効集団サイズが小さいことから、遺伝的浮動の影響が顕著であり、進化速度の加速に寄与していることが理由であると考えられる。また、SVとSNVの割合を比較したところ、Z染色体ではSVに起因する変異の割合がSNVの19.4倍と、全染色体中で最も高い値を示した。この結果から、遺伝的浮動によるSVの蓄積がFaster-Zの大きな要因である可能性が示された。これらの成果は、従来議論されてきたFaster-Z仮説を支持するとともに、新たな進化メカニズムを提示するものであると述べている。

第四章「総論」では、短い染色体やZ染色体特有の進化動態を総括している。本研究を通じて、短い染色体が種間・種内で高い多様性を維持しており、新規遺伝子の獲得や適応進化に貢献している可能性を示唆するとともに、染色体融合がゲノム進化特性に与える影響を明らかにした。またZ染色体については、配列分化の加速化、染色体再編成の頻発といった常染色体と異なる特異的な進化動態が確認され、特に逆位によるFaster-Zの促進が示唆された。さらに、有効集団サイズの小ささが遺伝的浮動を引き起こし、それが進化速度の違いに寄与しているという新たな知見を提供したと論じている。

以上を要するに、本論文は鱗翅目昆虫の染色体進化に関する多面的な課題を扱い、そのメカニズムの包括的な解釈を実現したものである。特に、染色体長やZ染色体の進化特性について、全ゲノム配列スケールでの解析を通じて新たな進化的知見を提示しており、理学的貢献するところが大きい。よって、本論文は博士(理学)の学位論文として十分な価値があるものと認められる。

注意: 「論文審査の要旨及び審査員」は、東京科学大学リサーチリポジトリ (T2R2) にてインターネット公表されますので、公表可能な範囲の内容で作成してください。