

平成22年4月1日現在

研究種目：若手研究（B）

研究期間：2006～2008

課題番号：18770058

研究課題名（和文）半翅系昆虫における特異的な分子進化のパターンとプロセスの解明

研究課題名（英文）Unusual molecular evolutionary pattern in paraneopteran insects

研究代表者

吉澤 和徳（YOSHIZAWA, Kazunori）

北海道大学・大学院農学研究院・准教授

研究者番号：10322843

研究成果の概要：（1）シラミ，チャタテムシの詳細な高次系統関係を推定した（2）シラミとコナチャタテにおいて，塩基置換速度の加速，塩基含有量の変化，リボソームRNA二次構造の変化と言った特異的な進化現象が，互いに相関して起こっていることを明らかにした（3）シカハジラミのミトコンドリアゲノムが，複数の微小環から構成されていることを明らかにした（4）特異的な進化傾向によって，遺伝子情報のアライメントが困難となるが，このような領域の解析に広く使われている方法論である直接最適化法に重大な問題点が存在することを明らかにした（5）ジュズヒゲムシの特異的な分子進化傾向を明らかにするとともに，このことによって塩基配列データがこの昆虫の高次系統推定に当たって有用な情報をもたらさないことを明らかにした。

交付額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2006年度	1,700,000	0	1,700,000
2007年度	800,000	0	800,000
2008年度	1,100,000	330,000	1,430,000
年度			
年度			
総計	3,600,000	330,000	3,930,000

研究分野：生物学

科研費の分科・細目：生物多様性・分類

キーワード：分子進化，シラミ，チャタテムシ，系統解析，塩基置換速度

## 1. 研究開始当初の背景

申請者らの近年の研究により，半翅系昆虫（チャタテムシ，シラミ，アザミウマ，アブラムシ，セミ，カメムシ等から構成される単系統群）の分子進化に，以下の特異な傾向が見られる事が明らかとなってきた：1) シラミ

のミトコンドリアにおけるGC含有量の有意な上昇；2) シラミの塩基置換速度の急激な加速；3) シラミやアブラムシのリボソームDNAにおける大規模な挿入欠損と2次構造の変形；4) シラミとアザミウマにおける大規模なミトコンドリアゲノム再配置（以下ゲノム再配置）。これらの現象の進化パターンと

プロセスの研究は、形態や行動の研究同様、半翅系昆虫の進化と多様性を解明する一つの鍵となる。さらに、分子進化パターンの詳細な理解は、分子系統推定における各遺伝子領域の有用性や問題点を知る上でも重要である。しかし、これまでに検討された分類群と遺伝子領域がごく限られている事や、半翅系昆虫の詳細な高次系統関係が不明確なため、これらの現象を包括的に扱った研究は全く進んでいない。

## 2. 研究の目的

半翅系昆虫の高次系統関係を解明し、それに基づき本群内での分子進化のパターンとプロセスを明らかにすることを目的とする。

## 3. 研究の方法

(1) 系統関係の解明 - 200 種程度を末端分類群とし、核の 18S, Histone 3, Wingless, ミトコンドリアの 12S, 16S, COI 塩基配列データと、さらに形態形質データも加えて、半翅系昆虫の詳細な系統関係を明らかにする。

(2) 置換速度、挿入欠損、GC含有量 - (1) で用いたデータ、系統樹に基づき、各遺伝子領域の置換速度、GC 含有量、挿入欠損の程度を解析する。特に、シラミのミトコンドリアで明らかとなっている、置換速度と GC 含有量の上昇、および大規模な挿入欠損といった現象が、他の遺伝子領域、分類群でも見られるのか、さらにそれぞれの現象の間に相関関係はあるのか、という点に注目する。

(3) ゲノム再配置 - (1) の系統解析で明らかとなった各主要クレード (亜目レベル) から 1-3 種を選び、ミトコンドリアゲノム全周の塩基配列を決定する。これに基づきゲノム再配置の起源と進化パターンを明らかにし、ゲノム再配置の系統情報としての価値も検討する。

## 4. 研究成果

(1) 18S, Histone 3, Wingless, 16S, COI

の 5 遺伝子座を用いた系統解析により、シラミ、チャタテムシの詳細な高次系統関係を明らかにした。とくに、シラミが多系統群であることを再確認し、形態データからも分子系統の結果を支持する結果が得られた。一方で、Histone 3 を除く全ての遺伝子において、塩基置換速度の加速や塩基含有量の有意な変化がシラミおよびその近縁群で確認された ( (2) も参照のこと)。これらの特異的な分子進化傾向は、系統推定に当たって誤ったバイアスをもたらすため、結果の解釈には注意が必要であることも示された。

(2) シラミとコナチャタテにおいて、塩基置換速度の加速、塩基含有量の変化、リボソームRNA二次構造の変化と言った特異的な進化現象が、互いに相関して起こっていることを明らかにした。上記で示した通り、これらの特異的な分子進化傾向は、系統推定に当たり、誤ったバイアスをもたらす。一方、核の蛋白コード領域の進化傾向には明瞭な特異性は確認されなかった。このことから、今後の高次系統解析には、核の蛋白コード領域を用いることが有効であると結論づけた。

(3) 哺乳類寄生性のシカハジラミのミトコンドリアゲノムが、通常の本一の環状構造ではなく、複数の微小環から構成されていることを明らかにした。現段階では、COI, 16S, 12S がそれぞれ別個の微小環を構成していることを確認している。それぞれの微小環には、特異的な二次構造を作る非コード領域が存在し、これがコントロール領域となっていることが示唆された。この他、鳥類寄生性の 4 属 (Anaticola, Quadriceps, Philopterus, Coloceras) においてミトコンドリアゲノムが通常の本一の環状構造をとらないことが示されている。この発見は、シラミの特異的な分子進化傾向の中でも特に興味深い現象であり、海外の研究者とも協力の上、今後も解析を勧めて行く予定である (オーストラリア CSIRO の Stephen Cameron 博士および合衆国イリノイ自然史研究所 Kevin Johnson 博士との共同研究)。

(4) 特異的な進化傾向の存在は、塩基配列

同士のアライメントを困難にする。このような領域の解析に広く使われている方法論である直接最適化法に重大な問題点が存在することを明らかにした。具体的に、この方法論を用いたソフトウェアであるPOYは、アライメントが不確かなどんなデータ領域（完全にランダムなデータや、矛盾する系統情報を含むデータ）からでも、他のしっかりとアライメントされた領域と一致するようなシグナルを抽出してしまう。また、アライメントの安定した領域にわずかな系統シグナルしか含まれていない場合、不安定な領域の偶然の一致が増幅され、偽の系統情報が作り出されてしまい、またそうして作り出された人為シグナルの量と質は、アライメントの安定した領域に含まれる本来のシグナルを圧倒してしまう。

(5) 系統的位置が不明瞭で、半翅系昆虫に近縁と見なす研究者もいる昆虫の一群、ジュズヒゲムシ（絶翅目）の18Sにおいて、特異的な分子進化傾向が見られることを明らかにした。分子と形態双方を用いて系統解析を行った結果、互いに矛盾する結果をもたらした。尤度比検定を行った結果、分子は形態から得られた結果を有意に棄却することは無かった。このことによって塩基配列データがこの昆虫の高次系統推定に当たって有用な情報をもたらさないことを明らかにした。

#### 5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

〔雑誌論文〕 (計7件)

(1) Yoshizawa, K. & Johnson, K. P. 2010. How stable is the "Polyphyly of Lice" hypothesis (Insecta: Psocodea)? A comparison of phylogenetic signal in multiple genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 55: 939-951.

【査読あり】

(2) Yoshizawa, K. 2010. Direct optimization overly optimizes data. *Systematic Entomology* 35: 199-206.

【査読あり】

(3) Yoshizawa, K. 2009. Description of *Kimunpsocus takumai* n. gen. & n. sp. from Hokkaido, Japan (Psocodea: 'Psocoptera': Psocidae: Ptyctini). *Insecta matsumurana, new series* 65: 149-155.

【査読あり】

(4) Yoshizawa, K. & Johnson, K.P. 2008. Molecular systematics of the barklouse family Psocidae (Insecta: Psocodea: 'Psocoptera') and implications for morphological and behavioral evolution. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 46: 547-559.

【査読あり】

(5) Yoshizawa, K. 2007. The Zoraptera problem: evidence for Zoraptera + Embiodea from the wing base. *Systematic Entomology*, 32: 197-204.

【査読あり】

(6) Yoshizawa, K. & Johnson, K.P. 2006. Morphology of male genitalia in lice and their relatives and phylogenetic implications. *Systematic Entomology* 31: 350-361.

【査読あり】

(7) Yoshizawa, K., Lienhard, C. & Johnson, K.P. 2006. Molecular systematics of the suborder Trogiomorpha (Insecta: Psocodea: "Psocoptera"). *Zoological Journal of the Linnean Society* 146: 287-299.

【査読あり】

〔学会発表〕 (計5件)

(1) Yoshizawa, K., Lienhard, C. (2009年9月19日) Are booklice true lice? Phylogeny of Liposcelididae and their allies (Psocodea) (4th Dresden Meeting on Insect Phylogeny: ドレスデン動物学博物

館)

【招待講演】

(2) 吉澤和徳・水越敦 (2009年10月12日) シカハジラミから見いだされたミトコンドリア微小環 (日本昆虫学会大会：三重大学)

(3) 吉澤和徳・水越敦 (2009年9月3日) シカハジラミのミトコンドリアに見られる特異性—特に微小環について— (日本進化学会大会：北海道大学)

【招待講演】

(4) 吉澤和徳・水越敦 (2009年1月21日) シカハジラミから見いだされたミトコンドリア微小環 (日本昆虫学会北海道支部大会：北海道大学)

(5) 吉澤和徳 (2006年9月17日) やっぱり形態！翅基構造に基づくジュズヒゲムシの系統的位置 (日本昆虫学会大会：鹿児島大学)

〔図書〕 (計1件)

吉澤和徳 (2008) 六脚類の系統と進化. バイオダイバーシティシリーズ6, 節足動物の多様性と進化, 裳華房, 東京

【査読あり】

## 6. 研究組織

### (1)研究代表者

吉澤和徳 (YOSHIZAWA, Kazunori)

研究者番号：10322843