



Title	Ecological consequences of genetic variation in a foundation species on above -and below-ground communities in the field [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	鍵谷, 進乃介
Citation	北海道大学. 博士(環境科学) 甲第13894号
Issue Date	2020-03-25
Doc URL	http://hdl.handle.net/2115/78586
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/
Type	theses (doctoral - abstract and summary of review)
Additional Information	There are other files related to this item in HUSCAP. Check the above URL.
File Information	Shinnosuke_KAGIYA_review.pdf (審査の要旨)



[Instructions for use](#)

学位論文審査の要旨

博士 (環境科学)

氏名 鍵谷進乃介

審査委員	主査	准教授	内海俊介
	副査	教授	齊藤隆
	副査	教授	露崎史朗
	副査	准教授	岸田治
	副査	准教授	九町健一 (鹿児島大学大学院理工学研究科)

学位論文題名

Ecological consequences of genetic variation in a foundation species on above- and below-ground communities in the field

(地上部-地下部群集への生態系基盤種の遺伝的変異の影響に関する生態学的研究)

植物種内の遺伝的変異は、表現形質の変異を介して多様な生物の群集構造へ波及効果をもたらす。しかし先行研究のほとんどは、圃場実験を用いた均質な環境下で行われている。そのため、生物群集形成における植物の遺伝的変異の重要性に関して、複雑な野外環境下での実態について理解は不十分である。また、それらの研究は、植物と植食者の間の捕食-被食相互作用に基づく群集形成に着目している一方、同じく自然界に普遍的にみられる共生相互作用とその波及効果の考慮はなされていない。したがって、植物の種内変異から生物群集にもたらされる波及効果をより深く理解するためには、野外において、捕食-被食に基づく地上部群集と共生関係に基づく地下部群集の形成パターンについて、統合的に扱うアプローチが必要である。本研究は、次世代シーケンサーを用いたゲノム解析を野外の群集研究に適用し、(1) 樹上性節足動物と地下部共生細菌のそれぞれの群集形成に対して植物の遺伝的変異がもたらす影響の相対的重要性を解明し、(2) 地上部と地下部の生物群集の植物を介した相互作用を明らかにすることで、野外生物群集の形成における生態系基盤種の遺伝的変異の役割を包括的に解明することを目的とした。

北海道大学雨龍研究林に生育するハンノキ成木を対象として、ゲノムワイド多型解析と節足動物群集の野外調査を行った。節足動物群集は、遺伝的に離れたハンノキ集団ほど異なる関係がみられた。そして、周囲の樹種構成や地理的距離などに比べて、ハンノキの遺伝的距離が節足動物群集の違いを説明する上で最も重要であることを定量的に明らかにし、野外において遺伝的類似則が支持されることが分かった。

次に、森林内における共生可能なフランキアの遺伝的多様性とその遺伝的空間構造を明らかにするため、同研究林内に生育するハンノキ稚樹 213 個体に形成された根粒を採取し、遺伝解析を行った。その結果、森林内には遺伝的に異なるタイプのフランキアが、弱い地理構造を伴ってモザイク状に分布していることを明らかになった。

さらに、上記のハンノキ成木に共生するフランキアと、周囲の土壤中に存在するフランキアの組成をメタバーコーディングによって調べた。これによって、環境中のフランキア・プールと、実際に共生関係が成立している共生細菌メンバーを比較し、フィルタリングの作用を推定した。相利共生が維持されるためには、利益を搾取する相手との関係を避け、より利益をもたらすパートナーを選別するメカニズムが働くと考えられるため、植物-共生細菌系では強力なフィルタリングによる群集形成が卓越していることが予想される。実際に、周囲の土壤中には多様なフランキア遺伝子型が検出されたにも関わらず、ハンノキ根粒中からは特定の遺伝子型のみが検出され、ほとんどのハンノキ個体が共通した遺伝子型のフランキアで構成されていた。環境プールからの確率的選抜から期待される以上に有意に制限されたメンバーであり、フィルタリングが強力に働いていることが示された。そして、植物の遺伝的変異は土壤中・共生のいずれのフランキア組成も説明しなかった。その一方で、推定されたフィルタリングの程度には樹木の遺伝的変異との相関が検出され、何らかの遺伝子の作用が働いている可能性が考えられた。

最後に、ハンノキ個体内のフランキア組成が、植物の表現形質を介して植食者の成長や生存、嗜好性に与える影響を検証した。フランキア組成の異なるハンノキを利用し、ハンノキハムシ幼虫をもちいた採餌実験と同成虫の選好性実験を行った。その結果、フランキア組成によってハムシ幼虫の生存率が異なり、ハムシ生存率に対して正と負の相反する効果を与える遺伝子型がフランキア組成に存在しており、植物防衛形質に対する共生細菌の遺伝的変異の効果が示唆された。

本研究より、野外環境下において、樹木の遺伝的変異が樹上性節足動物の群集構造の違いに対する重要な決定要因であると考えられる一方で、共生細菌群集はフィルタリング機構によって植物の遺伝的変異によらず均質性の高い組成となっていることが明らかにされた。同時に、共生細菌の群集のわずかな組成の違いが植食性昆虫の生存に影響を与えうることが示唆されており、この作用を組み込むことによって、樹木の遺伝的変異だけでは説明できなかった残差がよく説明される可能性がある。以上の研究は、植物の被食-捕食相互作用に関わる形質の遺伝基盤の重要性を示したことに加え、共生相互作用に関わる遺伝基盤の野外における生態学的波及効果の重要性も指摘するもので、進化と生物群集の連関についての理解を前進させるものである。審査委員一同は、これらの成果を高く評価するとともに、研究者としての誠実さと情熱、大学院博士課程における研鑽もあわせ、申請者が博士（環境科学）の学位を受けるのに十分な資格を有するものと判定した。