

[別紙2]

## 論文審査の結果の要旨

申請者氏名 正田 悅子

スギカミキリ (*Semanotus japonicus*) はカミキリムシ科の昆虫の1種である。本種はスギ・ヒノキを主な食樹とし、幼虫はそれらの樹皮下で発育するため、材部の腐朽を引き起こす材質劣化害虫として知られ、スギ造林地ではもっとも重大な林業害虫とみなされている。そのため防除を目的とした応用上の研究も多くなされているが、供試虫の産地の違いから異なる結果が得られた例もある。スギカミキリは外部形態に地理的変異を持つことが知られており、その他の形質にも地理的な変異を有する可能性をもつ。本研究は地域個体群間の遺伝的分化を形態と遺伝子から解析し、遺伝的構造が生活史形質の分化におよぼす効果を解明することを試みたものである。5章から構成され、第2～4章においてそれぞれ形態学的、分子生物学的、生理学的アプローチによる解析がまとめられている。

本種の地理的変異の分布は最終氷期最盛期におけるスギの退避地の分布と対応があり、氷期の隔離分布により遺伝的構造が形成されたと推察されている。第2章では多変量解析を用いて本州、四国の10個体群について形態的分化を評価した。その結果日本海側の若狭湾周辺（福井、京都）と太平洋側（茨城、千葉、愛媛、高知）の個体群間で、斑紋サイズを中心に形態が大きく異なった。中国地方（鳥取、岡山、島根）と岩手個体群はそれらの中間であった。スギの最終氷期における退避地は、日本海と太平洋沿岸の限られた範囲であったことが花粉分析から示されていて、この形態的差異は、最終氷期に太平洋側と日本海側に分断されていたスギの退避地間で遺伝的分化したという仮説を支持した。

続いて、第3章では異なる形態的特徴を示した岩手、福井、島根、愛媛の4個体群について、遺伝子解析により個体群間の遺伝的分化の度合を測定し、変異間の系統関係を調査した。ミトコンドリア DNACOI～COII領域の部分配列 1150 塩基対を 52 個体に

ついて決定し、10ハプロタイプを検出した。全ての個体群間で有意な遺伝的分化が認められた。距離系統樹とハプロタイプネットワーク解析から、系統は2クレードに大別されることが示され、それぞれ、太平洋岸、日本海岸のスギ退避地に由来する2系統であると考えられた。岩手個体群では日本海側と太平洋側の双方のハプロタイプが検出された。東北のスギは氷期後に若狭湾と伊豆半島から北上してきたスギ個体群のコロナイズにより形成されたことが花粉分析から考察されている。岩手では氷期後のスギの移動に伴い、スギカミキリの両系統が二次的接触したと考えられた。

さらに第4章では、遺伝的分化が生活史形質に与える影響を解明することを目的として、遺伝子解析により遺伝距離が計測された4個体群で採集された成虫が産下した卵の孵化までの日数を、14から21℃の3段階の温度条件下で測定した。全ての温度条件下で発育速度の有意な差異が個体群間で認められた。愛媛個体群の卵は他の個体群の卵よりも遅く孵化した。すべての温度条件下で、地域個体群間における発育速度の差異は個体群間の遺伝的分化との有意な対応を示した。偏マンテル検定により緯度の効果を一定として、遺伝的構造と卵期発育速度の差異の対応を検定した結果、環境の差異を表すと考えられる緯度の差異の効果が一定であっても、遺伝的構造化により卵期発育速度の差異が説明できた。したがって、最終氷期最盛期に隔離されていた個体群間で発育速度が分化し、個体群間の発育速度の変異は系統的な違いから生じていることが考察された。

このように本論文により、スギカミキリの種内変異の分布が示され、個体群間の遺伝距離が測定された。また、個体群間における卵期発育速度に変異があることが判明し、生活史形質の変異も個体群のたどった歴史の違いにより形成されたことが推察された。応用上重要な生活史形質の種内変異と遺伝的構造との対応を解明した研究は少なく、特に森林昆虫の研究において本研究は先駆的なものである。森林昆虫の害虫化や伝播過程の解明、防除法の確立に貢献するところが少なくない。よって審査員一同は、本論文が博士（農学）の学位論文として価値あるものと認めた。