

樹のゲノムは虫のコミュニティを左右する

～樹木の遺伝的な違いから昆虫種の組合せを予測～

ポイント

- ・ 樹木個体間で異なるゲノム情報の比較により、樹上の多様な昆虫の「種の組合せ」を予測。
- ・ 樹木ゲノムの違いの程度によって樹上の昆虫種の組合せの地域差や年変異パターンを説明。
- ・ 樹木の位置情報や環境条件よりゲノムによる予測は圧倒的に強力で、種の集合を理解する鍵になる。

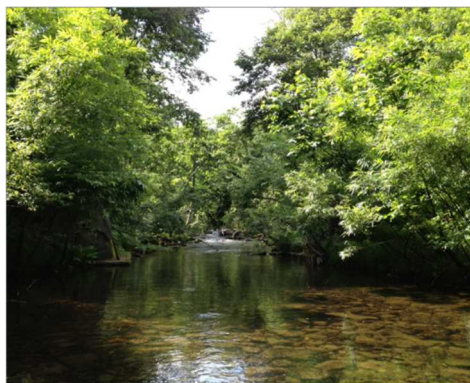
概要

北海道大学大学院環境科学院博士後期課程の鍵谷進乃介氏と同大学北方生物圏フィールド科学センターの内海俊介准教授らの研究グループは、樹木の遺伝的な違いから、その樹上に生息する多様な昆虫の種の組合せを予測する法則を発見しました。

生物種の集合において、「どの種とどの種が同じエリアに生息するか（種の組合せ）」は場所や年によって異なるのが一般的です。また、種の組合せの違いによって、地域全体の生物多様性の豊かさは大きく変わってきます。つまり、種の組合せは、生物多様性を効果的に保全するうえで極めて重要な情報です。しかし自然生態系では、気象条件や多様な生物のつながりなど複雑な要素が影響するため、種の組合せの予測は一般に困難と考えられてきました。

そこで、内海准教授らは、樹木のゲノム情報からその樹上に集まる昆虫種の組合せの違いを予測するというアプローチによってこの問題に取り組みました。その結果、昆虫種の組合せは樹木の遺伝的な変異が大きいほど異なっており、その予測精度は、位置情報や周囲環境の効果をはるかに上回っていることがわかりました。また、年による虫の変化パターンも、樹木の遺伝的な変異から説明できました。樹木の遺伝的な変異は、昆虫-植物間や昆虫間の様々な生物間相互作用を通して昆虫群集全体に大きな波及効果を持っていたのです。これは、複雑な自然生態系において、植物の遺伝子が従来考えられていたよりはるかに強く生物の集合に影響していることを示す結果です。同時に、種内の遺伝的な変異の損失という一見小さな事象でさえ、その地域の生物間の関係性に甚大な影響を及ぼすリスクが潜んでいることも示しています。

本研究成果は、2018年3月6日（火）公開の *Molecular Ecology* 誌（進化生物学・生態学の国際トップジャーナル）に掲載されました。



北海道大学雨龍研究林の河畔林とケヤマハンノキ上の虫たち（一部）写真：内海俊介

【背景】

地球上の生物は、周囲の生物と常に複雑に関わり合いながら生活しています。その関係は、利益を得るものから不利益を被るものまで様々です。そのため、生物群集（様々な生物種の集合）が形成されるルールを理解することは、生態系を適切に保全する上でも欠かせません。

また、種の組合せは場所によって異なるのが普通ですが、その背後にあるルールを知り、それを的確に予測することは、地域全体の生物多様性の効果的な保全に極めて重要です。しかし自然生態系では、めまぐるしく変わる気象条件や多様な生物の間のつながりなどの要素が複雑に絡み合うため、種の組合せを予測することは非常に困難だと考えられてきました。そこで内海准教授らは、地球上で最も多様な種を誇る昆虫類の群集を対象とし、それらが生息する森林を構成する樹木のゲノムから昆虫種の組合せを予測するアプローチをとりました。

生物のゲノムには、その生物の進化の歴史が刻印されています。そして、同種の生物であっても、全く同じゲノムをもつ個体はほとんどいません。それらの遺伝的変異は、生物と生物のつながり（生物間相互作用）を左右する生物の性質（形、色、硬さ、大きさ、成分など）の違いとなって表れます。

たとえば植物の場合、遺伝子の違いは昆虫による食害への防御の性質の違いとしばしば関係があります。この性質の違いは、その植物を食べる昆虫の数や種の違いへと影響するでしょう。このように遺伝子の違いは、生物の性質とそれに基づく様々な生物間相互作用を通して、他の生物群に波及していると考えられています。

森林の樹上には、多様な昆虫種と一緒に生息しているため、特に樹木の遺伝的な変異が昆虫群集全体に大きな波及効果をもっていると考えられます。遺伝的な変異が大きい樹木同士ほど、その樹上に生息する昆虫種の組合せも異なるという仮説をたて、複雑な自然生態系の中でもこの波及効果が十分な重要性を持つか検証することが本研究の具体的な目的でした。

【研究手法】

本研究では、カバノキ科の樹木であるケヤマハンノキに着目しました。ケヤマハンノキは日本全国に広く分布しており、水辺の生態系を構成している重要な樹種です。そのため、ケヤマハンノキの調査から得られる結果は普遍的で、生態系にとって非常に有意義なものになります。本研究は、2万5千ヘクタールの広さを誇り、人為的な影響も少ない北海道大学雨龍研究林で行いました。世界的にも類をみない規模の大学研究林だからこそ可能な研究であると言えます。

まず、この森林内の複数河川に沿った12地点からケヤマハンノキ85個体の葉を採取し、そのゲノムの中の約1,000ヶ所について変異を調べました。その結果、個体間で様々な塩基の違いが見つかりました。次にこれらの樹木上に生息する昆虫を2年間採集しました。これにより、計115種の昆虫が得られ、この地域一帯で多様な昆虫種がケヤマハンノキを利用していることがわかりました。あわせて、周囲の樹種を調査し、樹種間の系統関係も考慮に入れることによって、各地点の環境条件の違いをデータ化しました。さらに、樹木間の空間直線距離と河川経路距離、昆虫採集のタイミングの違いなどもデータ化しました。これらを基に、様々な統計モデリング手法を駆使して、昆虫の種の組合せの違いを説明する要因を多角的に分析しました。

【研究成果】

解析の結果、遺伝的変異が大きなケヤマハンノキほど、より異なる昆虫種の組合せの集合が形成されるという関係が検出されました（図1）。昆虫群集の違いに影響すると考えられる樹木間の空間的な位置情報や環境条件の違いを考慮して補正しても、両者は強い関係にあったことから、この関係は非常に強固なものであることが支持されています（図2）。2年間のいずれの年でもこの結果は一貫していました。

また、昆虫種の組合せの違いに対する、位置情報、環境条件、遺伝的変異の効果などの諸要因の相対的重要度を統計モデルによって推定したところ、遺伝的変異の効果は 60~80%もの重要度を持っていました。さらに、種の組合せの年変動パターンにさえも、ケヤマハンノキの遺伝的変異は影響していました。そして、ケヤマハンノキのゲノム変異は、様々な生物間相互作用のネットワークを通して波及効果をもたらしていることがわかりました。進化の歴史を反映した個々の樹木のゲノムは、関わり合う多様な生物種の集合を理解する鍵だったのです。

【今後への期待】

「植物種内の遺伝的な差」という一見小さな違いが、樹上に形成される多様な昆虫種の組合せを強く予測しているという関係性が、複雑な自然生態系の中で明らかになりました。この結果は、地域ごとに異なる生物群集がどのように形成されていくのかといった疑問を解決する上で、非常に有用な基盤的知見です。また、生物種の多様性だけでなく、遺伝的な多様性を保全することの重要性についても示すものです。ある遺伝的変異の損失という小さな事象でさえ、その地域の生物間の関係性に甚大な影響を及ぼすリスクが潜んでいるのです。

今後、様々な自然生態系でも森林を構成する樹種のように、ある地域の生態系を基盤から支える生物種 (= 基盤種) のゲノム情報に着目することで、多様な生物種の組合せの定量的な評価・予測が活発になると思われます。これにより、より適切で効果的な生態系の保全プランが策定されることが期待されます。また、基盤種のゲノム情報に着目した調査方法の確立は、生物に負荷をかけない調査の道を拓くかもしれません。

論文情報

論文名	Does genomic variation in a foundation species predict arthropod community structure in a riparian forest? (基盤種内の遺伝変異から河畔林における節足動物の群集構造を予測できるか?)
著者名	鍵谷進乃介 ¹ , 八杉公基 ² , 工藤 洋 ³ , 永野 惇 ⁴ , 内海俊介 ⁵ (¹ 北海道大学大学院環境科学院, ² 基礎生物学研究所, ³ 京都大学, ⁴ 龍谷大学, ⁵ 北海道大学北方生物圏フィールド科学センター)
雑誌名	Molecular Ecology (進化生物学・生態学の国際専門誌)
DOI	10.1111/mec.14515
公表日	インド時間 2018 年 3 月 6 日 (火) (オンライン公開)

お問い合わせ先

北海道大学北方生物圏フィールド科学センター 准教授 内海俊介 (うつみしゅんすけ)

T E L 0165-38-2125 F A X 0165-38-2410

メール utsumi@fsc.hokudai.ac.jp

U R L <https://sites.google.com/site/evocomecol/>

配信元

北海道大学総務企画部広報課 (〒060-0808 札幌市北区北 8 条西 5 丁目)

T E L 011-706-2610 F A X 011-706-2092 メール kouhou@jimu.hokudai.ac.jp

【参考図】

③ 昆虫種の集合における種の組合せが変わり，生物間相互作用も変化

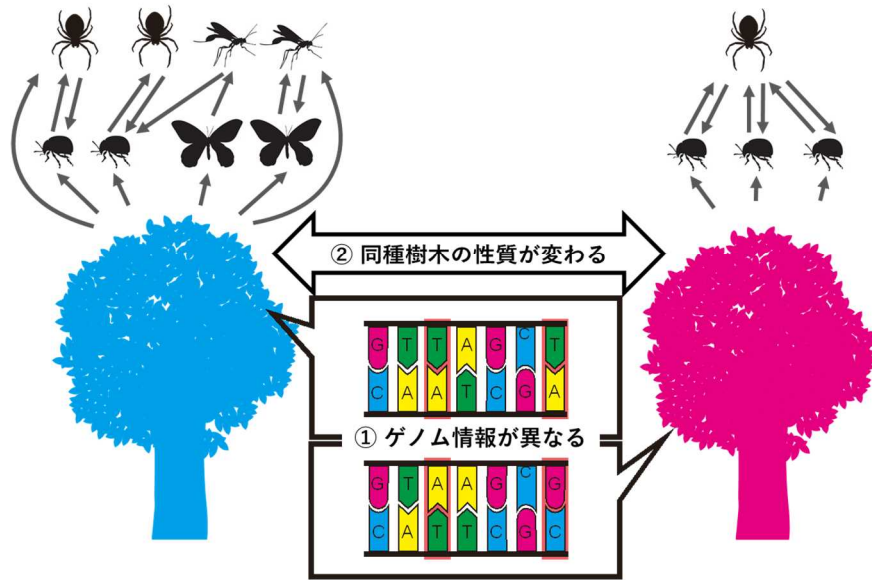


図 1. ハンノキの遺伝的な違いは，昆虫種の集合に強い波及効果を持っている。

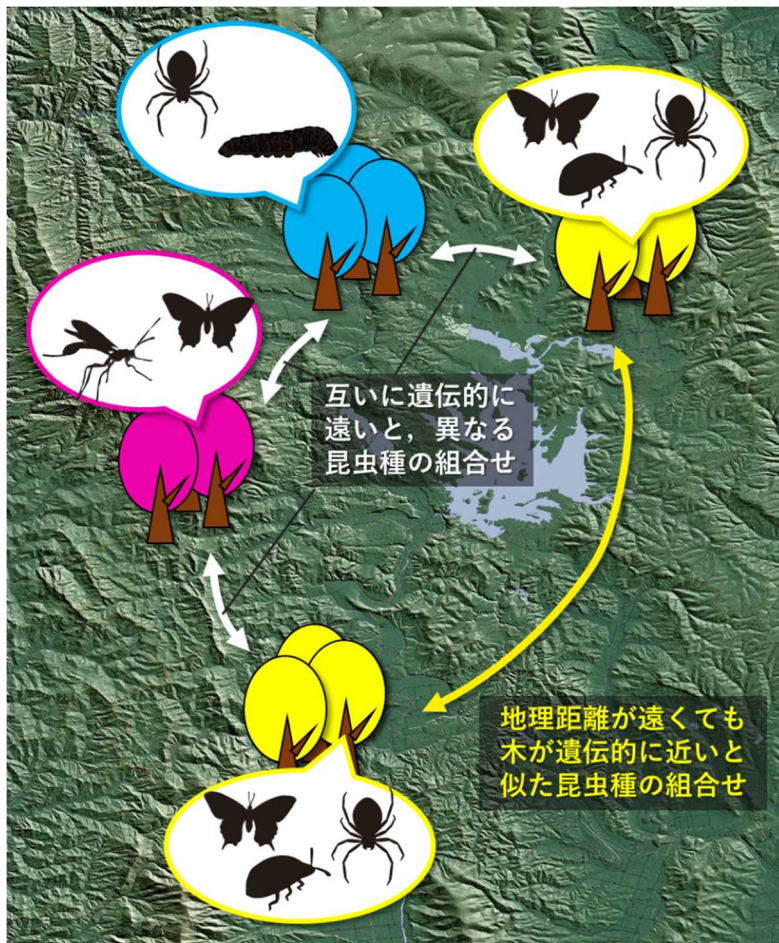


図 2. 樹木の遺伝的な違いから，昆虫種の組合せの違いが予測できる。

注) 本研究の対象には昆虫だけでなくクモなどを含むため，節足動物が正しい表記であるが，便宜的に虫・昆虫と表記した。