

Title	集団ゲノミクスを用いた社会性進化の解析
Sub Title	Population genomic studies of social evolution
Author	植松, 圭吾(Uematsu, Keigo) 印南, 秀樹(Innan, Hideki)
Publisher	
Publication year	2024
Jtitle	科学研究費補助金研究成果報告書 (2023.)
JaLC DOI	
Abstract	本研究課題では、社会性アブラムシであるポタンヅルワタムシについて、ゲノム配列の解読を行うとともに、野外集団約60個体の全ゲノムリシーケンスにより、集団構造の解析を行った。その結果、3本の常染色体・2本の性染色体に相当するゲノム領域を同定した。また、日本の地域集団構造の解析と、ハプロタイプの推定をおこない、この結果から、ポタンヅルワタムシのゲノム上ではたらいた自然選択の痕跡について解析を行った。 We performed the chromosome-level genome assembly of the social aphid <i>Colophina clematis</i> and whole-genome sequencing of approximately 60 field collected individuals to analyze population structure. We assembled corresponding to three autosomes and two sex chromosomes. Additionally, we analyzed the population structure of regional groups in Japan and estimated haplotypes and investigated the genomic signature of natural selection in <i>Colophina clematis</i>.
Notes	研究種目：基盤研究 (C) (一般) 研究期間：2020～2023 課題番号：20K06765 研究分野：進化生態学
Genre	Research Paper
URL	https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=KAKEN_20K06765seika

慶應義塾大学学術情報リポジトリ(KOARA)に掲載されているコンテンツの著作権は、それぞれの著作者、学会または出版社/発行者に帰属し、その権利は著作権法によって保護されています。引用にあたっては、著作権法を遵守してご利用ください。

The copyrights of content available on the Keio Associated Repository of Academic resources (KOARA) belong to the respective authors, academic societies, or publishers/issuers, and these rights are protected by the Japanese Copyright Act. When quoting the content, please follow the Japanese copyright act.

令和 6 年 6 月 14 日現在

機関番号：32612

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2020～2023

課題番号：20K06765

研究課題名 (和文) 集団ゲノミクスを用いた社会性進化の解析

研究課題名 (英文) Population genomic studies of social evolution

研究代表者

植松 圭吾 (UEMATSU, KEIGO)

慶應義塾大学・法学部 (日吉)・助教

研究者番号：00793861

交付決定額 (研究期間全体) : (直接経費) 3,400,000 円

研究成果の概要 (和文) : 本研究課題では、社会性アブラムシであるポタンヅルワタムシについて、ゲノム配列の解読を行うとともに、野外集団約60個体の全ゲノムリシーケンスにより、集団構造の解析を行った。その結果、3本の常染色体・2本の性染色体に相当するゲノム領域を同定した。また、日本の地域集団構造の解析と、ハプロタイプの推定をおこない、この結果から、ポタンヅルワタムシのゲノム上ではたらいた自然選択の痕跡について解析を行った。

研究成果の学術的意義や社会的意義

生物における社会性の進化がどのようなゲノムの変化によってもたらされたか、そしてそこに一般的な法則が存在するかは進化学において重要な問題の1つである。社会性アブラムシは多様な社会行動を進化させた、研究上重要なグループであるが、集団ゲノミクスを用いた自然選択の検出のみならず、ゲノム多型データを用いた集団の進化的歴史の推定が為されていなかった。本研究の結果から、社会性アブラムシの集団内においてゲノムレベルではたらく自然選択を染色体スケールで推定することが可能となった。

研究成果の概要 (英文) : We performed the chromosome-level genome assembly of the social aphid *Colophina clematis* and whole-genome sequencing of approximately 60 field collected individuals to analyze population structure. We assembled corresponding to three autosomes and two sex chromosomes. Additionally, we analyzed the population structure of regional groups in Japan and estimated haplotypes and investigated the genomic signature of natural selection in *Colophina clematis*.

研究分野：進化生態学

キーワード：社会性昆虫 進化 比較ゲノム 集団ゲノミクス アブラムシ

※科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

様 式 C-19、F-19-1、Z-19（共通）

1. 研究開始当初の背景

社会性昆虫に代表される統合された生物集団は「超個体」とも呼ばれ、単一のゲノムから生じた労働・生殖などの役割に特化した個体が協力的に振る舞うことではじめて機能するシステムを持つ。このゲノムにどのような進化が生じ、社会性が進化してきたか、そしてそこに一般的な法則が存在するかは進化学において重要な問題の1つである。

社会性の進化に関わるゲノム領域を特定することは、その進化の法則を探る上で重要である。昆虫を始めとした社会性生物では、多様な種におけるゲノム解読が進んでいるものの、集団間にはたらくゲノムレベルでの自然選択の検出に関しては、解析が不十分である。

これまでの研究代表者の研究において、ボタンヅルワタムシ (*Colophina*) 属の社会性アブラムシ 3 種において、RNAseq を用いた兵隊分化に関わる遺伝子解析を行い、兵隊特異的に発現する遺伝子およびその機能を推定している。また、全ゲノム配列の解読も進めてきた。これらの結果に加え、野外集団のゲノムデータを解析し、集団の歴史を考慮した集団ゲノミクス解析を行うことで、社会性進化に関与したとされるゲノム領域を明らかにできる。

2. 研究の目的

本研究課題では、社会性アブラムシにおいて複数集団・複数個体の全ゲノム配列を取得し、集団遺伝学的解析を行うことで、集団構造の進化的歴史および、ゲノムにかかってきた自然選択の証拠を検出する。具体的には、以下の課題について研究を行った。

- (1) ボタンヅルワタムシ *Colophina clematis* の染色体スケールでのゲノム配列の解読
- (2) ボタンヅルワタムシにおける地域集団のゲノム解析
- (3) ボタンヅルワタムシのゲノム上にはたらいた自然選択の解析

3. 研究の方法

(1) Hi-C ライブラリーを調製後、シーケンスを行い、領域間の空間的な近接性を解析することで、すでにある参照ゲノムから染色体スケールでのゲノムスキャフォールディングを行った。また、同一の個体から得られたオス胚・メス胚をそれぞれシーケンスし、得られたデータをマッピングすることで性染色体を同定した。

(2) 日本全国に分布するボタンヅルワタムシの地域集団（東北・関東・中部・中国・九州地方）において、ケヤキ上にゴールを形成する 1 次宿主世代とボタンヅル上に開放コロニーを形成する 2 次宿主植物世代の採集を行った。採集したサンプル中の遺伝的に異なるクローンから DNA を抽出し、ライブラリーを調製後、全ゲノムの再シーケンス解析を行った。得られた計 60 個体の塩基配列情報から集団内の SNP データを取得し、集団構造・集団動態を推定した。

(3) 得られた 60 個体の SNP データを用いて、ゲノム上の染色体別に、塩基多様度・Tajima's D などの要約統計量を求めるとともに、その後、ハプロタイプの推定を行った。ハプロタイプ内の多型頻度を解析することで、自然選択がはたらいた可能性があるゲノム領域を推定し、自然選択の標的候補である近傍の遺伝子を探索した。

4. 研究成果

(1) Hi-C 解析を用いたゲノムスキュアフォールディングの結果、ボタンヅルワタムシゲノムの大部分の領域が空間的に近接した5つの大きなグループ(27-101Mb)に分配された。この結果はボタンヅルワタムシ細胞の核型を顕微鏡で調べた際の染色体数($2n=10$)と一致するため、それぞれのグループは1つの染色体を示すと考えられる(図1)。

また、オスとメスの胚からゲノム抽出を行い、それぞれのゲノム配列をシーケンス解析し、上記のゲノム配列にマッピングすることで、性染色体2本を特定した。これら5本の染色体領域について、同じワタムシ亜科のリングワタムシ(*Eriosoma lanigerum*)との間で相同な領域を比較した。

その結果、染色体間の再編成が比較的近縁な種間でも生じ、特に常染色体でその傾向が顕著であることを示している(図2)。

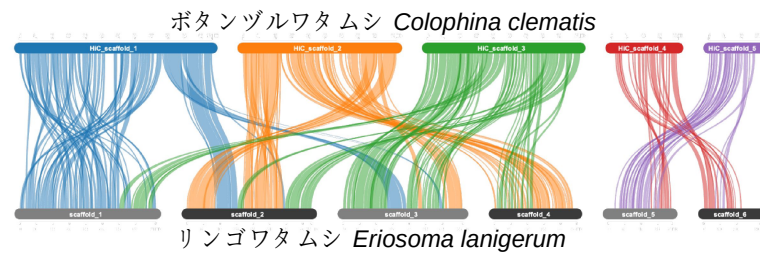


図2. 近縁種間でのシンテニー解析.

(2) 日本各地の地域集団からサンプリングした各60個体についての全ゲノムリシーケンスの結果からゲノム上の多型データを取得し、その多型データを用いて主成分分析を行った。その結果、ゲノム配列の類似性はほぼ地理的な類似性と相関することが示された(図3)。また、ゲノム多型データからハプロタイプを推定後、連鎖不平衡の解析を行った。その結果、10kb離れた2領域間の相関係数はほぼランダムな期待値と同じとなり、組み換えによって連鎖不平衡が減衰することがわかった(図4)。

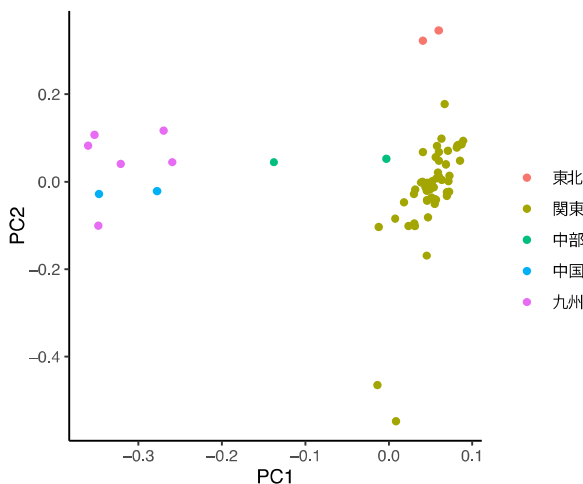


図3. 日本における地域集団構造.

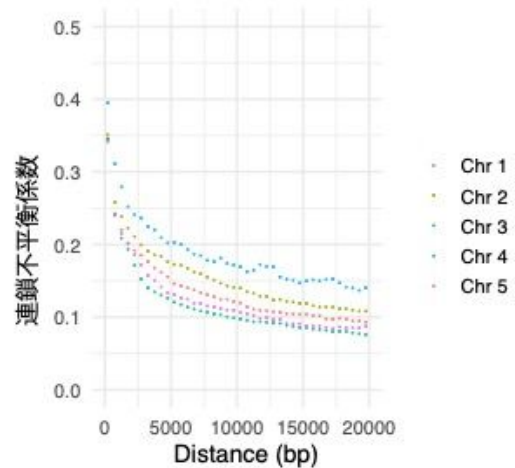


図4. 連鎖不平衡係数の減衰.

(3) 兵隊分化に伴い発現変動する遺伝子は1本の常染色体に有意に多く存在し、その染色体は他の染色体よりも低い塩基多様度を示した。また、性染色体上には兵隊分化に伴って発現変動する遺伝子の数が常染色体と比べて有意に少なく、常染色体の約2倍の塩基多様度を示した(図5)。上記の結果は、ボタンヅルワタムシの集団内で、兵隊分化に関わる遺伝子について安定化選択がはたらくとともに、その生活環において有性生殖が必須ではないボタンヅルワタムシでは、性染色体における選択圧が緩和されていることを示唆している。

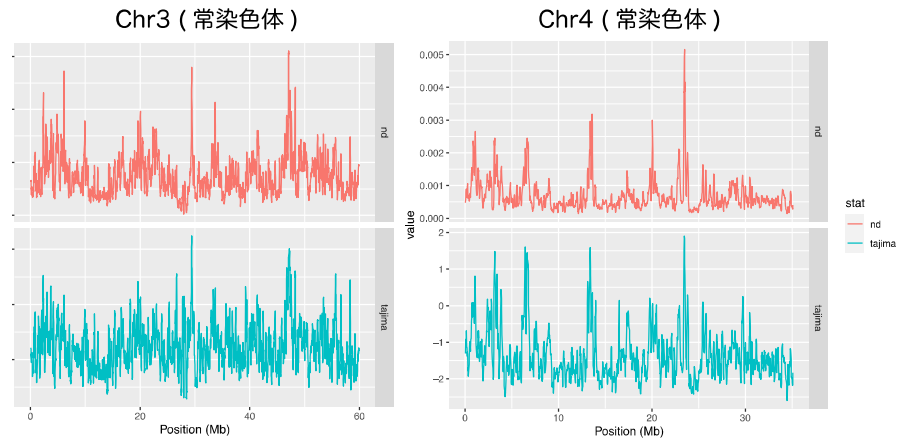


図 5.染色体間の塩基多様度・Tajima's D の比較.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計2件（うち招待講演 1件／うち国際学会 1件）

1. 発表者名 Keigo Uematsu
2. 発表標題 Eusociality without a nest: the evolution of altruistic behaviour in horned aphids
3. 学会等名 International Congress of Entomology (国際学会)
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 植松圭吾
2. 発表標題 社会性アブラムシにおける不妊兵隊の進化的起源：ミクロな視点の重要性
3. 学会等名 第66回日本応用動物昆虫学会大会（招待講演）
4. 発表年 2022年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

—

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	印南 秀樹 (Innan Hideki) (90444140)	総合研究大学院大学・先導科学研究科・教授 (12702)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------

その他の国・地域	台湾・輔仁大学			
----------	---------	--	--	--