

審査の結果の要旨

氏名 呉 佳 齊

進化学で利用可能なデータは、対立遺伝子から配列まで進化し、現在、大量の遺伝子およびゲノムが日々データベースに登録されている。分子進化および集団遺伝学における統計モデルは、データ取得の技術的進歩とともに進化している。データが膨大になってきている現在、計算負荷が少なくかつ重要な情報を漏らさない、効率的な推論の方法を開発することが急務である。そこで本論文は、要約統計量に情報を縮約し、これを統計的にモデリングするアプローチに取り組んだ。種間のゲノム進化においては分子系統樹の枝長を分解し、種分化の年代と生活史の履歴を推定する新規の統計モデルを開発した。種内のゲノム進化においては、Tajima's D の分布を解析し、アレル頻度スペクトルを集団遺伝学における拡散方程式で説明する方法の有効性を検証した。

1. 中立説のゲノム進化への拡張と分岐年代推定

分子進化の中立説の下では、分子進化の速度は、突然変異率と中立な突然変異の割合との積で表される。突然変異率は、世代の長さや変異源への暴露の機会に影響される。これらの因子がゲノムにわたって均一に突然変異率に影響を及ぼすことに留意し、個々の遺伝子の分子系統樹の枝長を、枝効果、遺伝子効果および遺伝子と枝の交互作用に分解した。枝効果は、ゲノム突然変異率と進化時間との積を表し、種分化の年代推定に用いることができる。胎盤哺乳類 89 種のゲノムからパラログのない 1185 個の相同遺伝子を抽出し、分子系統樹を作成した。枝効果を用いて推定された分岐年代は、先行研究の結果と一致していた。重要なことは、DNA、コドンおよびタンパク質レベルの解析が、ほぼ正確に同じ分岐年代を与えたことである。このことは、突然変異率がゲノムにわたって均質であるという仮定を部分的に支持している。遺伝子にかかる機能的な制約の変化による分子進化速度の変動を除去することにより、拡張された中立理論は頑健な分岐年代の推定を可能にした。

2. 分子進化速度による生活史の祖先形質の推定

遺伝子と枝の交互作用は、遺伝子にかかる機能的制約の変化に関する情報を含む。従

って、進化系統樹の各節での遺伝子と枝の交互作用プロファイルは、そこにおかれた生物の生理を反映していると見ることができる。形質値の変化は、関連する遺伝子部分ネットワークへの機能的な制約を変化させるであろう。そこで、現生種の形質値を遺伝子と枝の交互作用に回帰した。回帰式を進化系統樹の内部節に適用することにより、遺伝子と枝の交互作用プロファイルから形質値を予測する方法を開発した。この新しいアプローチを用いて、上記 1185 遺伝子の分子系統樹から生活史に関連する 10 の形質の履歴を再構成した。交叉検証法により祖先形質の復元の予測精度を比較分析したところ、分子進化速度に基づく新手法の精度は、系統的慣性を利用する従来法の精度と同等か勝っていた。胎盤哺乳類の共通祖先は単独行動をし、繁殖には季節があり、食虫で、おそらく夜行性であったと推定された。胎盤哺乳類の多様化は、K-Pg 境界 (66Mya) の 10-2000 万年前に始まり、異なる飼料に適応した。K-Pg 境界後も、寒冷化下で絶えることなく適応した現生種の祖先は、始新世/漸新世境界にいたるまで夜行性であったと推定された。

3. *S. litura* のインド南部、中国南部、日本をまたぐ長距離遺伝子流動

ハスモンヨトウ(*S. litura*)は、アジアで広域に生息する多食性昆虫で、重要な農業害虫である。南インド、南中国から日本に至る 12 の場所から採取した *S. litura* 56 個体の SNP データに基づき、集団構造、遺伝子流動およびゲノム適応を分析した。Fst の分析と分集団構造のモデル分析から、孤立した局所集団の存在とインド中部、中国南東部、日本の間の遺伝的交流が示唆された。7 月から 8 月にかけてのアジアモンスーンと台風が、ハスモンヨトウの長距離移動をもたらしたと推察された。移動経路の全体的なパターンを理解するために、 ∂adi による解析を行った。これは、多次元アレル頻度スペクトルを集団の履歴と移住率で規定される拡散方程式により表現する。その結果、インドのから中国南部にかけて及ぶ局所集団を通じた、極めて高い移住率が得られた。これに次いで、中国から日本、中国からインドへの移住率も高い値であった。さらに、インドと中国の集団は過去 2000~2000 年の間に大幅に縮小していること、対照的に、日本の集団は過去 5000 年間に拡大していることが示唆された。

要約統計量の統計的モデリングは、膨大なゲノムデータを分析する上で不可欠な要素になるであろう。本論文は、古典的な集団遺伝学の理論が新しい手法の開発に大きく貢献することを示している。これらの研究成果は、学術上応用上寄与するところが少なくない。よって、審査委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。