

論文の内容の要旨

論文題目 分子マーカーおよび *Wolbachia* 感染を用いた
イネウンカ類の個体群構造に関する研究

氏名 星崎 杉彦

トビロウンカ、ヒメトビウンカは稲作の重要害虫であり、長距離移動という特筆すべき生態を持つ。したがって、それらのウンカの管理・発生予察のためには移動および個体群の構造に関するより深い理解が望まれる。活発な長距離移動は一般的に個体群の地理的分化を妨げる方向に働くはずだが、日本をはじめアジアにおけるトビロウンカとヒメトビウンカの個体群の遺伝的構造は未解明部分が大きく、また長距離移動がそれに及ぼす影響も充分には研究されていなかった。トビロウンカは毎夏中国大陸より日本に飛来するが日本では越冬はできない。日本へ飛来するトビロウンカ個体群はベトナム北部から中国南部に由来するという仮説が有力視されているが、その検証はまだ十分ではなかった。もし異なる地域のトビロウンカ個体群間に明瞭な遺伝的差異があれば、それを利用して日本への飛来源地域を特定できるようになるかもしれない。東アジア以外の分布地域におけるトビロウンカの移動パターンもよくわかっていなかった。一方、ヒメトビウンカはトビロウンカと異なり日本で周年分布する。夏期に中国より日本へ長距離飛来するヒメトビウンカ個体もあると考えられているが、この種の長距離移動はこれまでほとんど研究されていなかった。また、ヒメトビウンカには地域によって寄生性細菌 *Wolbachia* が感染しており、*Wolbachia* に感染した個体には細胞質不和合現象が生じることがわかっていた。*Wolbachia* は、その不和合現象を通じてヒメトビウンカ個体群に蔓延し、それと同時に宿主のミトコンドリア DNA (mtDNA) 多様性を低下させている可

能性が考えられた。この意味で、ヒメトビウンカにおいて mtDNA 多型を個体群構造の研究に利用するに際して *Wolbachia* 感染は無視できない要因であり、それと同時に感染の動態そのものも関心の対象となる。これらの背景のもとに本研究では、アジア産トビイロウンカと日本産ヒメトビウンカ各々の個体群の遺伝的構造について知見を得ること、およびその知見をもとに移動について推論することを目的として、主にアロザイムと mtDNA の変異を調査した。また、ヒメトビウンカについては野外における *Wolbachia* 感染の動態を明らかにするとともに、その結果をヒメトビウンカの移動について考えるための材料とした。

第 1 章と第 2 章ではトビイロウンカを扱った。第 1 章では、日本産 9 個体群および海外産 6 個体群についてアインザイム多型を観察した。PGM については、バンドパターン変異をアロザイム多型として解釈することができたため、個体群ごとに対立遺伝子の出現頻度を観察した。GPI については、バンドパターン変異がアロザイム多型であると考えられたもののそれを遺伝子型多型としては解釈できなかったため、バンドパターンをタイプわけしてそれらの出現頻度を個体群ごとに観察した。どちらの酵素についても、周年分布地域の個体群間では対立遺伝子あるいはバンドパターンの頻度に相違が認められたが、1991 年に日本国内で得られた個体群の間にそのような相違は認められなかった。これらより、アジアの本種周年分布地域では個体群間に遺伝的な分化が生じていること、日本へ飛来する個体群は遺伝的に単一のものであること、がそれぞれ示唆された。

第 2 章では、日本産 4 個体および海外産 8 個体のトビイロウンカについて、mtDNA の CO1 遺伝子および核のリボソーマル DNA-ITS1 領域の塩基配列変異を観察した。CO1 については、4 つのハプロタイプが認められ、うち 1 つのハプロタイプがスリランカから日本にいたる広い地域より見出された。リボソーマル DNA-ITS1 については、6 つのハプロタイプが認められ、やはり、うち 1 つのハプロタイプがインドネシアから日本に至る広い地域より見出された。これらの結果より、本種には個体群の大きな地理的分化は生じていないものと示唆された。しかしその一方で本研究で示された CO1 の変異を先行研究に照らしたところ、東アジアー東南アジアの大陸部分の個体群は、東南アジア島嶼部分や南アジアの個体群と mtDNA に関して(軽微にであるかもしれないが)分化している可能性が考えられた。また、リボソーマル DNA-ITS1 の変異に基づき、トビイロウンカが近い過去にその個体群サイズを増大させた可能性を指摘した。

第 3 章から第 5 章ではヒメトビウンカを扱い、*Wolbachia* 感染にも着目した。ヒメトビウンカでは *Wolbachia* 感染個体(主に西日本に分布することがわかっていた)と非感染個体(主に東日本に分布することがわかっていた)の間に交配不和合性があることが知られていた。第 3 章では、関東地方から東北地方にかけての 9 個体群について *Wolbachia* 感染率を調査し、*Wolbachia* 感染がそれらの地域において近年に拡大したことを、過去の記録との比較を通じて示した。

第 4 章では、第 3 章で得られた知見をふまえて、*Wolbachia* 感染の拡大についてより詳しい検討

を加え、それに基づきヒメビウンカの移動について考えることを狙った。まず前章で扱ったよりも広い地域について *Wolbachia* 感染を探索し、感染の地理的分布に関して新知見を得た。特に、東北地方における感染-非感染移行地域における感染率の地理的変異を明らかにした。また、ヒメビウンカに感染している *Wolbachia* の 2 遺伝子 (*wsp*, *groE*) DNA 塩基配列に変異が認められなかったことから、日本において本種に感染している *Wolbachia* は単一の系統に属するものと示唆された。さらに、感染・非感染それぞれのヒメビウンカにおける mtDNA 塩基配列の変異を明らかにした。それらに基づき、日本のヒメビウンカ個体群に広まった *Wolbachia* 感染はそのほとんどが過去 1 回の感染に由来すること、感染の拡大が mtDNA の変異を消しつつあることを示した。また日本におけるヒメビウンカの *Wolbachia* 感染はもともと中国からの長距離移動個体に由来するという仮説を揚げた。感染・非感染の移行帯の構造に基づくヒメビウンカが主に比較的短い距離を移動していることが示唆されたが、それに対して、日本国内および海外からの長距離移動が生じていることも無視できないものと考えられた。

第 5 章では、北海道から台湾に至る 11 個体群についてアイソザイム多型を観察した。AK, PGM, GPI の 3 酵素について、バンドパターン変異をアロザイム多型として解釈することができたため、個体群ごとに対立遺伝子の出現頻度を観察した。いずれの酵素についても、異なる地域の個体群を明瞭に区別することはできないが、個体群間には有意な分化が認められた。この結果により、日本においてヒメビウンカの長距離移動は起きているとしても本種の遺伝子流動の主体は比較的短い距離の移動であるとする前章における結論が支持された。

以上のように本研究において、トビイロウンカとヒメビウンカにおいて、長距離移動は広域におよぶ遺伝子流動に貢献しているがそれは個体群の地理的分化を強く妨げるほどではないと考えられた。それを踏まえて、イネウンカ類の個体群構造の研究に関する今後の課題を整理し、そのような研究がイネウンカ類の応用昆虫学において果たすであろう役割を展望した。