

論文審査の結果の要旨

申請者氏名 星崎 杉彦

トビイロウンカと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、その管理には移動および個体群構造に関する深い理解が望まれる。アジアにおける両種個体群の遺伝的構造およびそれに及ぼす長距離移動の影響は十分解明されていない。トビイロウンカは日本では越冬できず、毎夏中国大陸より日本に飛来する。日本へ飛来する個体群はベトナム北部から中国南部に由来するとする仮説が有力である。もし個体群間に地域ごとの遺伝的差異があれば、それを利用して飛来地域を特定できる可能性がある。一方、ヒメトビウンカは日本に周年分布する。海外から飛来する個体もあると思われるが、長距離移動はほとんど研究されていない。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、感染すると細胞質不和合現象を生じる。*Wolbachia* は不和合現象を通じて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ある。このため、この種では個体群構造の研究に mtDNA 多型を利用する場合、*Wolbachia* 感染は無視できない要因となり、同時に感染動態そのものも関心の対象となる。以上の背景のもとに、本研究ではアジア産トビイロウンカ、日本産ヒメトビウンカ個体群の遺伝的構造を知ること、およびその知見をもとに移動パターンを推論することを目的として、主にアロザイムと mtDNA の変異が調査された。さらに、ヒメトビウンカについては *Wolbachia* 感染の動態が明らかにされ、それに基づいてヒメトビウンカの移動が考察された。

第 1 章と第 2 章ではトビイロウンカが扱われた。第 1 章では、日本産 9 個体群および海外産 6 個体群のアイソザイム多型が観察され、そのうち PGM はバンドパターン変異をアロザイム多型として解釈でき、個体群ごとに対立遺伝子の出現頻度が観察された。GPI はタイプ分けしたバンドパターンの出現頻度が個体群ごとに観察された。どちらについても、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は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 章ではトビイロウンカの日本産 4 個体および海外産 8 個体について、mtDNA の CO1 遺伝子および核の r (リボソーマル) DNA-ITS1 領域の塩基配列変異が観察さ

れた。CO1に認められた4ハプロタイプのうち一つはスリランカから日本にいたる広域から見出された。rDNA-ITS1でも、認められた6ハプロタイプのうち一つがインドネシアから日本に至る広域から見出された。これらから、本種には個体群の大きな地理的分化は生じていないと示唆されたが、一方、CO1の変異から、東アジア～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に分化の傾向が考えられた。また、rDNA-ITS1の変異に基づき、トビイロウンカが近い過去に個体群サイズを増大させた可能性が指摘された。

第3章から第5章ではヒメトビウンカが扱われた。本種では *Wolbachia* 感染個体と非感染個体の間に交配不和合性があることが知られている。第3章では、関東から東北にかけての9個体群の *Wolbachia* 感染率を調査し、感染がそれらの地域において近年に拡大したことが示された。第4章では、第3章をふまえて、*Wolbachia* 感染の拡大についてより詳しい検討を加え、それに基づきヒメトビウンカの移動が考察された。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が明らかにされた。また、*Wolbachia* の2遺伝子 (*wsp*, *groE*) 塩基配列に変異が認められなかったことから、日本で本種に感染している *Wolbachia* は単一系統に属することが示唆された。さらに、感染・非感染それぞれのヒメトビウンカのmtDNA塩基配列変異から、日本の個体群に広まった *Wolbachia* 感染は過去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が示された。また日本におけるヒメトビウンカの *Wolbachia* 感染はもともと中国からの移動個体に由来するという仮説が提唱された。感染・非感染の移行帯の構造に基づくと、ヒメトビウンカが主に比較的短距離を移動していることが示唆されたが、国内および海外からの長距離移動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個体群のアイソザイム多型が観察された。AK, PGM, GPIの3酵素ではバンドパターン変異をアロザイム多型として解釈できたため、個体群ごとの対立遺伝子出現頻度が観察された。いずれの酵素でも異なる地域の個体群は明瞭に区別できないが、個体群間に有意な分化が認められた。この結果から、日本では、ヒメトビウンカの長距離移動が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距離の移動であるとする前章の結論が支持された。

以上、本研究により、稲作大害虫であるトビイロウンカとヒメトビウンカでは長距離移動は広域におよぶ遺伝子流動に貢献しているものの、個体群の地理的分化を強く妨げるほどではないという重要な事実が示された。また、それを踏まえて、稲ウンカ類の個体群構造の研究に関する今後の課題が整理された。審査委員一同は本論文が学問上にも応用上にもきわめて重要な知見を与えるものであり、博士(農学)を授与するに十分な価値があることを認めた。