

論文審査の結果の要旨

申請者氏名 小林 徹也

登熟中の籾を加害するカメムシ類は、斑点米を形成して米の品質を著しく低下させるイネの重要害虫である。近年、アカスジカスミカメによる斑点米被害が全国的に急増して問題になっている。本種は、1980年代に初めてイネへの加害が報告されて以来、ごく限られた地域でのみ斑点米の原因となるに過ぎなかったが、2000年以降全国的に密度を顕著に増加し、全国各地で斑点米の原因種として主要な位置を占めるまでになった。土着種の害虫による被害がこのように広い範囲に急速に広がることは珍しく、アカスジカスミカメにおいても、この20年間に新たに被害を出した加害個体群がどこから生じているのかは明らかにされていなかった。

本研究は、アカスジカスミカメによる斑点米被害の拡大の過程と要因を明らかにすることを目的に、日本各地の地域個体群の遺伝的多様性を調査したものである。

1. アカスジカスミカメ地域個体群の遺伝的多様性の調査

2005年から2008年にかけて、アカスジカスミカメの日本における分布域をほぼ網羅する34地点から679個体の成虫をサンプリングし、ミトコンドリアDNAにコードされるチトクロームオキシダーゼサブユニットI (COI) 遺伝子の塩基配列1,032bpを解析した。結果、39種類のハプロタイプが見つかり、本種のミトコンドリアは、塩基配列が大きく異なる2つの系統で構成されていることが明らかになった。現在の分布は氷河期における分布域の縮小とその後の拡大の過程において生じたと考えられた。ミトコンドリアDNAの遺伝的多様度と緯度には有意な相関があり、北日本の個体群ほど高く、南日本の個体群は極めて低かった。また、遺伝的距離と地理的距離の間には相関があり、本種の地域個体群間の遺伝的交流は地理的距離が離れるほど少ないことが明らかになった。一方、マイクロサテライトマーカーの多型解析の結果、本種の核DNAはミトコンドリアDNAと同様に北の個体群ほど遺伝的多様度が高い傾向を示し、また、遺伝的距離と地理的距離の間にも相関が認められた。

両DNAにおいて北日本の個体群は遺伝的に多様性であることから、日本における本種の歴史的な起源は北日本にある可能性が示された。さらに、遺伝的構造を明らかにするクラスタリング解析の結果、本種の地域個体群は遺伝的に北日本を中心とするグループ、関東を中心とするグループ、南日本を中心としたそれ以外の地域に分布するグループの大きく3つに分けられた。このことから、本種の地域個体群はそれぞれの地域に定着しており、グループ間での個体の移動は長い時間制限されてきたことが明らかになった。まとめると、日本における本種の遺伝的構造は氷河期以降の分布拡大によって形成され、現在も地域間の遺伝的分化が維持されている。

2. アカスジカスミカメによる斑点米被害の拡大と遺伝的多様性の関係

アカスジカスミカメの斑点米被害の拡大の過程と、地域個体群の遺伝的多様性の関係を検討した。1980年代に日本で最初に本種による斑点米被害が報告された宮城県と広島県の加害個体群はそれぞれ遺伝的に異なるグループから生じており、異なる起源をもつことが明らかとなった。また、2000年代半ばから斑点米被害が報告され始めた関東地方の比較的新しい加害個体群は、すでに被害が顕在化している東北地方や南日本の地域の個体群とは遺伝的に異なるグループに属し、むしろ近隣の低密度に生息する個体群と遺伝的に近いことがわかった。

これらの結果から、近年観察されている本種による急激な被害の拡大は、特定の加害個体群が全国に分布を拡大することで生じたのではなく、それぞれの地域に適応している低密度の土着の個体群が、各地域で起きた環境の変化に応じて密度を増加して害虫化したことによると考えられた。本種の寄主となるイタリアンライグラスの増加など、水田周辺の環境が変化してアカスジカスミカメが増殖する条件が整い、しかもこのような環境変化が全国各地で短期間に起きたことが、本種が近年急激に斑点米カメムシ類の主要種となった原因であると考えられる。

以上要するに、本研究は、近年急速に被害を拡大させた土着の害虫であるアカスジカスミカメにおいて、加害個体群の遺伝的多様性を全国的に調査し、各地の加害個体群がそれぞれ土着の低密度の個体群から生じていることを明らかにした。この成果は、土着種が害虫化する過程を集団遺伝学的に解析した貴重な研究例であり、斑点米カメムシに限らず土着害虫種の防除法の開発に新たな切り口を開いたものである。このように、本論文は学術上、応用上、重要な知見を明らかにしているので、審査委員一同は、博士（農学）の学位論文として価値あるものと認めた。