

難防除害虫ハスモンヨトウの日本およびアジアの分布地域における遺伝的差異の解明

日本大学生物資源科学部応用昆虫科学研究室 ^{はたけやま} 島山 ^{よしのり} 吉則・^{にしもと} 西本 ^{なおこ} 直子・^{いわの} 岩野 ^{ひでとし} 秀俊

はじめに

ハスモンヨトウはチョウ目ヤガ科トウガ亜科の昆虫でありエサとなる植物は極めて多く、野菜類、花き類を食害する広食性の農業害虫でもある。ハスモンヨトウの耐寒性は低いため国内での越冬は温暖な地域を除き、難しいとされており（松浦ら, 1991）、毎年春先に海外や温暖な地域から日本各地に飛来し、12月近くまで、多くの被害をもたらしている。ハスモンヨトウの国内流入源については諸説があり、性フェロモントラップを用いた発消長の調査から、毎年南方から台風などにより日本国内へ飛来・流入していることが示唆されている（MURATA et al., 1998）。

ハスモンヨトウの分布域は、日本から東南アジアを中心として、西はインドからアフガニスタン、南はニューギニアからオーストラリア北東部等の多様な気候の地域に生息している（図-1）。ハスモンヨトウは日本本土で年間おおよそ5～6回発生し、年多化性を示す（井藤ら, 2007）。また、ハスモンヨトウは薬剤抵抗性を持つ個体が多く（宮園ら, 1991）、現在では化学農薬の選択肢が狭まってきている。仮に、特定の農薬に対して感受性の低いハスモンヨトウが国外から流入し、その地域のハスモンヨトウと国内で混在すれば、農業を用いた防除効果に差が生じる可能性も考えられる。この問題を解明するためには、ハスモンヨトウ系統の地域差異と国内への流入経路を明確にする必要がある。現在、ハスモンヨトウは1種1系統とされており、亜種区分などの報告例はない。しかしながら、分布域が広く生息環境も異なるため、複数の系統に分類される可能性もある。そこで筆者らは、国内外より採集したハスモンヨトウ成虫を用いて、昆虫の系統解析に多く用いられているミトコンドリア電子伝達系の遺伝子であるチトクロームオキシダーゼI遺伝子（COI）の遺伝子配列解析と、ゲノム全体を簡易的

に解析する技術であるゲノムプロファイル法による系統解析を行った。

ゲノムプロファイル法は、特殊な遺伝子増幅方法であるランダムPCRと温度によってDNAの挙動を変化させる電気泳動法（ゲル温度勾配電気泳動）により得られた泳動図を比較することで、生物間のDNAの距離を簡易的に解析する手法である（NISHIGAKI et al., 1991）。既に昆虫病原細菌や昆虫病原糸状菌の系統解析でも高解像度で詳細な識別が可能であることを示唆している。本稿では二つの遺伝子解析手法によりハスモンヨトウの国内外にわたる分布地域間の遺伝子差異の調査を行ったものである。

I ハスモンヨトウの捕獲

ハスモンヨトウの発生時期は日本国内でも温暖な地域ほど早く、毎年流入後日本列島を北進する傾向が見られる。そのため、国内への流入経路を把握すれば、流入後の早い段階でハスモンヨトウの防除も可能となり、国内の被害も軽減することが可能となる。日本国内への流入経路を調査するためには国内以外にもアジア圏のハスモンヨトウを入手する必要がある。そこで筆者らは表-1に示した地域でハスモンヨトウを性フェロモンのフェロ



図-1 ハスモンヨトウの分布地域
MOCHIDA and OKADA, 1974を参考に図示した。

Elucidation of Genetic Diversity of the Common Cutworm, *Spodoptera litura* (Lepidoptera: Noctuidae) between Indigenous Areas in Asia and the Islands of Japan. By Yoshinori HATAKEYAMA, Naoko NISHIMOTO and Hidetoshi IWANO

（キーワード：ハスモンヨトウ，国内流入経路，遺伝子解析）