

アカスジカスミカメの遺伝的多様性から見た被害拡大の要因

東北農業研究センター 小 林 徹 也*

はじめに

現在斑点米カメムシの主要種となっているアカスジカスミカメの被害は、まず1980年代に広島県周辺と東北地方の太平洋側で報告された(高橋ら, 1985; 林, 1986)。その後しばらくの間、本種の被害はこれらの地域に限られていたが、近年急速に全国に拡大し、今後の発生に最も警戒を要する種となっている(渡邊・樋口, 2006)。短期間に害虫の被害が拡大する現象は海外からの侵入種においてよく知られている。この場合、虫の分散や人為的な移動が被害拡大の主な原因であることは明らかである。しかし、アカスジカスミカメのような土着種は、被害が顕在化する以前から各地に低密度で分布していた可能性もあり、被害の拡大がどのような過程を経て起きたのか、発生量の調査だけではわかりにくい。ある地域に新たに被害をもたらした個体群の由来が、その地域に土着の個体群なのか、他地域から侵入した加害に適した個体群なのかを簡単に判別できないからである。

地域個体群の遺伝的多様性は、個体群の起源と、地域間の遺伝子交流の大きさを反映する(RODERICK, 1996)。これは、地域個体群の遺伝的な独自性が隔離によって強められ、他の個体群との交流によって失われることを示している。海外からの侵入種においては、遺伝的多様性を解析することで、原産地や侵入回数を推定する研究が古くから行われてきた(DAVIS et al., 1999 など)。

一方、土着害虫の被害の拡大を探るうえでも、遺伝的多様性の解析は有効であると考えられる。近年急激に全国で被害を拡大したアカスジカスミカメについて、地域個体群の遺伝的多様性を明らかにすることができれば、新たに斑点米被害をもたらした個体群が、長年その地域で繁殖を繰り返してきた土着集団であるか、近年の移入個体群であるかを判別できるだろう。全国レベルでこの調査を行うことで、アカスジカスミカメの被害の拡大が、本種の分布拡大によってもたらされたのか、各地に

土着の個体群が独立に害虫化した結果なのかを明らかにできると筆者らは考え、遺伝的多様性について全国的な調査を行った(KOBAYASHI et al., in press)。

I 遺伝的多様性の調査方法

各県および独立行政法人の関係者の協力により、日本におけるアカスジカスミカメの分布域をほぼ網羅する34地域個体群のサンプルを収集した。各地域個体群の特徴を正しく知るため、サンプル数は平均20個体以上となるようにした。すべての個体について、ミトコンドリアDNAのCOI遺伝子の塩基配列1,032塩基対と核DNAの六つのマイクロサテライト配列長(KOBAYASHI, 2008)を解析し、集団遺伝学的な解析を行って各地域個体群の類縁関係を明らかにした。

II アカスジカスミカメ地域個体群の遺伝的多様性

ミトコンドリアDNAの解析から、本種の地域個体群は北日本において遺伝的に多様であることが明らかになった。東北・北陸地方より北の地域では、塩基配列が

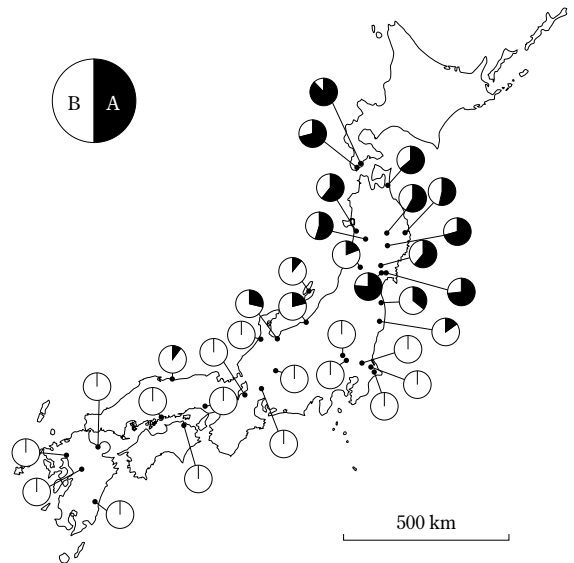


図-1 アカスジカスミカメの2種類のミトコンドリア系統(A系統とB系統)の分布

Genetic Variability of the Mirid Bug, *Stenotus rubrovittatus* and the Origin of Outbreak Populations in Japan. By Tetsuya KOBAYASHI

(キーワード: 斑点米カメムシ類, 遺伝的多様性, 地域個体群, アカスジカスミカメ)

* 現所属: 農業生物資源研究所

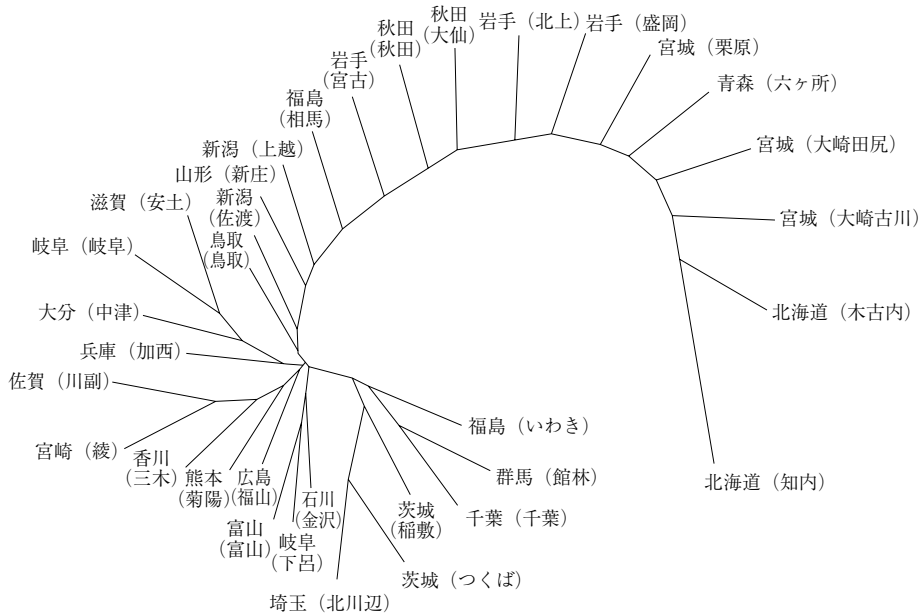


図-2 ミトコンドリアと核 DNA の多型から求めたアカスジカスミカメ地域個体群の系統関係

1.7%も異なる A 系統と B 系統の二つが同程度の割合で混じっているのに対し、南の地域個体群では B 系統しか存在しておらず、B 系統内の多型の数も非常に少なかった (図-1)。また、核 DNA の解析においても、北日本の個体群は南日本の個体群よりも遺伝的に多様であることが示された。このことは、北日本の個体群には古くからの遺伝的多様性が残されているのに対し、南日本の個体群は歴史が浅いか、なんらかの理由で多様性を失った可能性を示している。本種は北日本ではごく少なかったとされているが (安永ら, 2001), 低密度ながら古くから存在していたと思われる。

ミトコンドリアと核 DNA のデータを合わせ、各地域個体群の関係を系統解析したところ、日本のアカスジカスミカメ個体群は北から南に連続的に分化していた (図-2)。地域個体群間の遺伝的距離と地理的距離には有意な相関が認められ、地理的に離れた個体群間ほど交流がまれであった。さらに、遺伝的構造に基づいたクラスタリングの結果、地域個体群は北日本群、関東群、南日本群の大きく三つに分けられた (図-3)。ミトコンドリア DNA と核 DNA の両方において、これらの群間には有意な遺伝的な違いが検出されたことから、これらの地域間での大規模な移住や交流は起きていないと考えられた。

III 各地で害虫化したアカスジカスミカメの由来

本種の地域個体群の遺伝的な類似性と、被害の拡大の

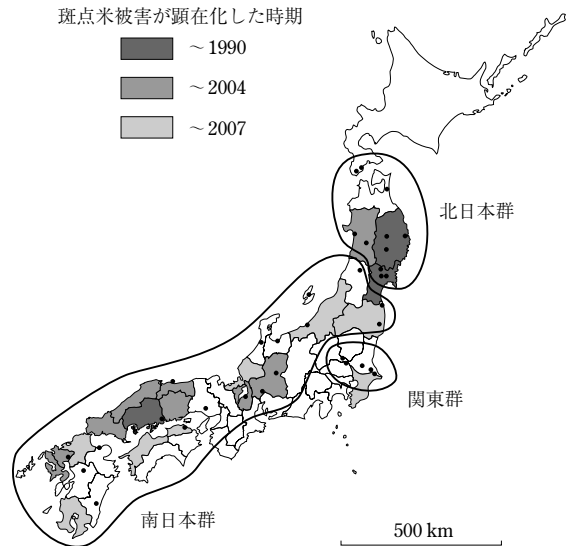


図-3 アカスジカスミカメの日本における被害の拡大と、遺伝的多様性の類似性から求めた本種の三つのクラスター (群) の分布
被害の拡大は農水省植物防疫課とりまとめ資料による。

過程を比較してみると、明確な関連は認められない (図-3)。例えば、1980 年代中ごろに全国に先駆けて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、それぞれ北日本群、南日本群という遺伝的に

異なる群に属しており、地理的にも遺伝的にも隔離された別の個体群である。また、関東地方において、2004年ころから利根川の流域を中心に本種の個体数の増加が報告されているが、この地域を含めた関東地方の個体群は独自の遺伝的特徴をもっており、それまでに報告されてきた加害個体群とは遺伝的に異なっている。これらの事実は、各地の斑点米被害は、共通の遺伝的背景をもつ特定の個体群によってもたらされているのではないことを示す。要するに、近年の本種による全国的な斑点米被害は、それぞれの地域に土着の個体群が独立に害虫化した結果生じたものと考えられる。

IV アカスジカスミカメの害虫化を促す要因

アカスジカスミカメによる斑点米被害が増加した要因として、イタリアンライグラスなどのイネ科牧草の水田周辺での増加と雑草化、休耕田の増加、水稻の移植の早期化、水田内のイヌホタルイの増加、温暖化等が挙げられている (KIRITANI, 2006; 渡邊・樋口, 2006; 加進ら, 2009)。これらは現在、日本各地の水田で見られる現象である。遺伝的多様性の解析から、本種の地域への定着性は高いと考えられるから、斑点米被害は、それぞれの地域の環境変化と密接に関係している可能性が高い。本種が増加する環境条件が整った地域において、土着の個

体群の個体数が増加し、斑点米被害が生じたと考えられるのである。

おわりに

農業害虫における遺伝的多様性の解析は、移動分散や地域個体群間の交流の度合いの推定において、伝統的な生態学的手法では得られない新しい情報を提供する。しかし、土着の害虫種において、地域個体群の遺伝的多様性を詳細に明らかにし、被害の様相や拡大との関係を明らかにしようとした研究は非常に少ない。DNAの解析技術の発達と普及により、遺伝的多様性の解析は身近になりつつあるから、害虫研究の手法として、これから様々に使われることが期待される。

引用文献

- 1) DAVIS, N. et al. (1999): *Genetics* 153: 351 ~ 360.
- 2) 林 英明 (1986): *植物防疫* 40: 321 ~ 326.
- 3) 加進丈二ら (2009): *応動昆* 53: 7 ~ 12.
- 4) KIRITANI, K. (2006): *Popul. Ecol.* 48: 5 ~ 12.
- 5) KOBAYASHI, T. (2008): *Mol. Ecol. Res.* 8: 690 ~ 691.
- 6) ——— et al. (2010): *Bull. Entomol. Res.*, in press.
- 7) RODERICK, G. K. (1996): *Annu. Rev. Entomol.* 41: 325 ~ 352.
- 8) 高橋富士男ら (1985): *北日本病虫研報* 36: 38 ~ 40.
- 9) 渡邊朋也・樋口博也 (2006): *植物防疫* 60: 201 ~ 203.
- 10) 安永智秀ら (2001): *日本原色カメムシ図鑑*, 全農教, 東京, p. 263.

(新しく登録された農業26ページからの続き)

●プロスルホカルブ乳剤

22775: ボクサー (シンジェンタジャパン) 10/08/10

プロスルホカルブ: 78.4%

小麦 (秋播), 大麦 (秋播) : 一年生雑草

●プロスルホカルブ・リニュロン乳剤

22776: ムギレンジャー乳剤 (丸和バイオケミカル) 10/08/10

プロスルホカルブ: 46.0%, リニュロン: 11.5%

小麦, 大麦: 一年生雑草

●ジメテナミドP乳剤

22777: フィールドスターP乳剤 (BASF ジャパン) 10/08/10

ジメテナミドP: 64.0%

キャベツ, えだまめ, だいず, とうもろこし, 飼料用とうも

ろこし: 一年生雑草 (アカザ科・アブラナ科・タデ科を除く)

てんさい: 一年生雑草 (アカザ科・アブラナ科・タデ科を除く)

●エスプロカルブ・ジフルフェニカン乳剤

22778: バンバン乳剤 (日産化学工業) 10/08/10

エスプロカルブ: 60.0%, ジフルフェニカン: 1.5%

小麦 (秋播) : 一年生雑草

●ジラム水和剤

22782: モノドクター水和剤 (丸和バイオケミカル) 10/08/25

ジラム: 75.0%

西洋芝 (ベントグラス): 藻類

「植物成長調整剤」

●ダミノジッド水溶剤

22759: ビーナイン顆粒水溶剤 (日本曹達) 10/08/04

ダミノジッド: 80.0%

きく (切花用): 節間の伸長抑制, 花首の伸長抑制

きく (ポットマム), ポインセチア, ハイドランジア, はぼたん, ベチュニア, アザレア, あさがお: 節間の伸長抑制

しゃくなげ: 節間の伸長抑制・着蕾数増加

●ウニコナゾールP複合肥料

22779: コープショート一発18 (コープケミカル) 10/08/10

ウニコナゾールP: 0.0040%

水稻: 節間短縮による倒伏軽減

●ウニコナゾールP複合肥料

22780: コープショート一発20 (コープケミカル) 10/08/10

ウニコナゾールP: 0.0030%

水稻: 節間短縮による倒伏軽減

●エスプロカルブ・ピラゾスルフロンエチル・ペノキスラム・ベンゾビシクロン粒剤

22783: フォーカード1キロ粒剤 (日産化学工業) 10/08/25

エスプロカルブ: 12.0%, ピラゾスルフロンエチル: 0.21%,

ペノキスラム: 0.30%, ベンゾビシクロン: 2.0%

(56ページに続く)