

氏 名 五 箇 公 一
 学位(専攻分野) 博 士 (農 学)
 学位記番号 論 農 博 第 2054 号
 学位授与の日付 平 成 8 年 3 月 23 日
 学位授与の要件 学 位 規 則 第 4 条 第 2 項 該 当
 学位論文題目 ナミハダニの休眠性とアロザイムに関する生態遺伝学的研究

(主 査)
 論文調査委員 教 授 高 藤 晃 雄 教 授 久 野 英 二 教 授 大 西 近 江

論 文 内 容 の 要 旨

ナミハダニは農作物における世界的な重要害虫で、寄生範囲が広く、多様な環境に発生する。わが国ではもともと北日本に多発する休眠性を有する種と考えられていた。しかし近年になって西南暖地にも分布が拡大して発生が顕著になり、それら地域の個体群の休眠性はきわめて弱いことが知られる。

本論文は、適応形質である休眠性と、適応中立形質と考えられるアロザイムという2つの形質に着目し、それら形質の遺伝制御様式と個体群間の変異を調べ、わが国におけるナミハダニの遺伝的分化を明らかにしたものであり、その主な内容は以下のとおりである。

(1) 休眠性の異なる野外個体群から、休眠性系統(D)と複数の非休眠性系統(ND)を選抜し、交雑実験を行った。DとNDの相反交雑から、Dの休眠性はNDの非休眠性(休眠抑制)に対して完全優性であるが、とくに西南地域のND系統の休眠抑制には顕著な母性効果が発現していることを明らかにした。また、F₁の休眠発現に対する誘起温度の効果にND系統間で違いがあり、休眠抑制遺伝子に変異が存在することを示した。さらに、戻し交雑から休眠抑制は複数遺伝子座支配であり、また連続戻し交雑によって得た核-細胞質置換系統を用いた交雑実験から、休眠抑制の母性効果は細胞質因子によるものと結論した。このように、わが国のナミハダニの休眠性は核遺伝子と細胞質因子により制御され、これら双方の変異が検出された。この複雑な遺伝制御により、個体群間・内には多様な遺伝子型がさまざまな頻度で存在して休眠性の地理的変異を構築しており、また、西南地域の個体群と他の地域個体群間には細胞質レベルの分化が生じていることを示した。

(2) アロザイム変異をスラブ式ポリアクリルアミドゲル電気泳動法により検出した。多型がみられた酵素はエステラーゼ、MDH および PGI で、遺伝子分析により、これらの酵素遺伝子座はそれぞれ2対立遺伝子をもつことを明らかにした。これら酵素遺伝子頻度を日本各地の野外から採集した90個体群について調べた。その結果、ハダニにとって安定した寄主(生息場所)に定着している個体群では各遺伝子座の対立遺伝子頻度に地理的パターンが認められ、遺伝的距離に基づくクラスター解析により、それらは北・中部日本の太平洋側と日本海側、および西南地域の3つの地理的グループに類別することができた。一方、

寄主として不安定で、個体群構築への攪乱が頻繁に生じる一年性草本寄主の個体群の遺伝子組成には、作物の収穫や輸送などに伴う人為的要因が大きく影響し、その変異には地理的な傾向はみられなかった。

以上の研究結果から、わが国のナミハダニ個体群の休眠性およびアロザイム変異には著しい変異がみられ、個体群間の遺伝的差異が大きいことを明らかにした。本種の分布拡大には人為的要因が複雑に絡んでいるため、そのプロセスは一元的にはとらえられないが、特に、安定した環境に定着している個体群では西南地域の個体群が、他の地域の個体群と比べて遺伝的分化が進行していると結論づけた。

論文審査の結果の要旨

ハダニ類は多様な農作物の栽培環境に発生する。とくに、ナミハダニはきわめて広食性で分布範囲が広く、世界的に最重要害虫の一つである。本種は、わが国では近年になって分布域が拡大し、発生パターンを特徴づけるうえで重要な休眠性の強さには地理的変異が生じている。本論文は、適応形質である休眠性と、適応中立形質であるアロザイムの変異に着目し、それらの遺伝様式と地域個体群間の変異を調べることにより、本種の分布拡大の過程で、どのような遺伝的分化が生じているかを明らかにしたものであり、評価すべき点は以下のとおりである。

(1) 休眠性に関する遺伝的背景が異なる個体群から選抜した休眠性系統と非休眠性系統を用いたさまざまな交雑実験から、わが国のナミハダニ個体群における休眠性発現の遺伝様式を明らかにした。すなわち、その休眠性は複数遺伝子座の核遺伝子と細胞質因子の双方によって支配され、休眠発現を決めるそれら遺伝的因子には個体群によって変異が大きいことを示した。休眠性がきわめて弱い西南地域の個体群では、母性効果による休眠抑制がとくに強く、他の地域の個体群と細胞質レベルでの分化が大きいことを示した。これらに基づいて、わが国におけるナミハダニの休眠性における地理的変異のメカニズムを説明した。

(2) これまで検出困難とされてきたハダニ類のアロザイムについて、個体レベルで複数のアロザイムを検出し、交雑実験によりそれらの遺伝様式を明らかにしたうえで、変異を検出する遺伝的マーカーとして用いることに成功した。

(3) これらの遺伝的マーカーをもとに、90にもおよぶ地域個体群を対象にアロザイム変異を調べ、クラスター分析によりわが国のナミハダニ個体群が3つのグループに分化していることを明らかにした。

(4) 寄主植物の種類やその栽培条件によってナミハダニの個体群の安定性が異なることを考慮に入れて遺伝子頻度の分析を行い、その結果、ナミハダニ個体群の遺伝子頻度には人為的要因が複雑に関与していることを示し、農業害虫としての遺伝的分化の特性を浮き彫りにした。

以上のように、本論文は、重要な農業害虫であるナミハダニの遺伝的分化について生態学および遺伝学的手法を用いて重要な知見をもたらしたものであり、昆虫生態学、応用昆虫学ならびに遺伝学の分野に寄与するところが大きい。

よって、本論文は博士（農学）の学位論文として価値あるものと認める。

なお、平成8年2月14日、論文ならびにそれに関連した分野にわたり試問した結果、博士（農学）の学位を授与される学力が十分あるものと認めた。