

氏 名	ひの もと のり ひで 秀
学位(専攻分野)	博 士 (農 学)
学 位 記 番 号	論 農 博 第 2429 号
学位授与の日付	平 成 14 年 5 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	Studies of population genetic structure and phylogeny of spider mites (Acari: Tetranychidae) by using molecular markers. (分子マーカーを用いたハダニ個体群の遺伝的構造および系統関係に関する研究)
論文調査委員	(主 査) 教 授 高 藤 晃 雄 教 授 藤 崎 憲 治 教 授 西 岡 孝 明

論 文 内 容 の 要 旨

Tetranychus 属のハダニ類のなかでも、ナミハダニとカンザワハダニはともに多くの植物種を加害する重要な農業害虫として知られている。新規化学農薬への抵抗性が発達しやすいため、農生態系ではこれら2種は難防除害虫となっている。その原因として、世代期間の短さや増殖率の高さなどとともに、個体群内・間の遺伝子交流の重要性が指摘されてきたが、これまで有効な遺伝的マーカーが存在しなかったために、その定量的検証は行われてこなかった。また、これら2種内にはそれぞれ大きな遺伝的変異が見られ、しばしば同種か別種かといった議論がかわされてきた。しかし、この点についても、有効な遺伝的マーカーがなかったために解決しなかった。本論文は、近年発達した分子マーカーを用いた手法により、これら2種の遺伝子交流を、個体群内の遺伝的構造、系統間の遺伝的分化といった二つの側面において検証した。

1. ハウス栽培イチゴに発生するナミハダニ個体群の遺伝的構造を明らかにした。PGI アロザイムをマーカーとして、イチゴの小葉・葉・株・被害株のパッチ・小ハウス・ハウス全体の6段階の部分集団レベルを設定し、部分集団ごとに遺伝子頻度を測定し、F 統計値を求めて比較した。その結果、ハダニはもっとも小さな単位である小葉レベルで繁殖集団を形成し、小葉間の遺伝子交流はきわめて少ないことが示された。

2. ハウス栽培イチゴに、アロザイムの異なる対立遺伝子が固定した2系統を放飼し、その分布・個体数・遺伝子頻度を時空間的にモニタリングした。その結果ハダニは、餌条件が良好な低密度期は放飼株にとどまり、繁殖集団間の遺伝的分化は大きかったが、個体数の増加とともに分散を繰り返し、最終的には部分集団間の遺伝的構成が均一となった。

3. ナミハダニには体色の異なる二型（黄緑型・赤色型）が知られている。これら二型は別種とする説もあるが、十分な議論がなされているとはいえない。本研究では、ミトコンドリアのチトクロームオキシダーゼ遺伝子の塩基配列を用いて分子系統学的解析を行ったところ、系統樹上でこの二型は明瞭に分離できず、混在していた。したがって、これら二型は同種と見なすのが妥当と考えられた。

4. カンザワハダニには、一方向不和合性を示す2タイプ（Kタイプ・Tタイプ）の存在が知られている。形態学的見地からKタイプを別種とする説もあるが、生殖隔離が不完全なことから2タイプ間の遺伝子交流があると考えられる。日本各地から採集した地域系統を交配実験によってタイプ分けしたところ、両タイプが混在している系統が多数発見された。ミトコンドリアのチトクロームオキシダーゼ遺伝子および核ゲノム上のリボソーム RNA 遺伝子中の ITS1 領域の塩基配列をもとに分子系統樹を作成したところ、両者は明瞭に分離できず、混在していた。したがって、両タイプ間に遺伝子交流は存在し、生物学的種概念からは両タイプを同種として扱うのが妥当と考えられた。

以上のように、本論文は、従来解析が不可能であったハダニ個体群の遺伝子交流を、個体群内、系統間の2つのレベルで分子マーカーを用いて明らかにすることによって、適応プロセス、種分化プロセスを明らかにした。

論 文 審 査 の 結 果 の 要 旨

ハダニ類は多種多様な植物を加害し農業害虫として重要であるばかりではなく、その世代の短さや飼育の容易さなどから

進化生物学の実験材料としても最適である。しかし、これまでは、その体サイズが小さいことから遺伝的マーカーが得られず、遺伝的な解析がほとんど行われてこなかった。本論文はナミハダニとカンザワハダニという代表的な2種のハダニを用いて、分子マーカーを利用して個体群構造および系統関係を解析したもので、これまでに不明であった遺伝的基盤を解明した。特に評価すべき点は以下の通りである。

(1) ハダニはその寄主植物の小葉といったごく狭い範囲で少数個体からなる繁殖集団を形成しており、近親交配の頻度が高いことが示された。しかし、個体数の増加にともなう移動分散によって集団間の遺伝子交流がおこり、個体群全体では遺伝的多様性が維持されるというメカニズムも示された。このことは、個体群全体では保持されている様々な形質が、なんらかの淘汰圧がかかった場合、少数個体からなる各部分集団内では選択および遺伝的浮動によって多様性が速やかに減少し、適応形質遺伝子の頻度が上がることを示し、ハダニ個体群の適応プロセスを明確に示した。

(2) ナミハダニおよびカンザワハダニの種内多型を分子系統学的に解析した結果、多型解析に十分な変異量をもつDNA領域を使用したにもかかわらず、形質と分子系統が一致しなかった。このことは、種内系統間で遺伝子交流が起きていることを示しており、生物学的種概念からは同種であることを明らかにした。

(3) これまで解析が不能であったハダニ個体群の遺伝的解析を、アロザイムやDNA塩基配列といった分子マーカーを用いて解析する系を示したのは、今後のハダニ類の防除にかかわる応用的な見地のみならず、進化生物学的な研究にも不可欠な手法を提供するものであり、重要な技術的な進展である。以上のように、本論文は、ハダニ類の遺伝子交流を解明する上で不可欠である遺伝的マーカーを利用することによって、個体群構造を明らかにし、適応プロセスを解析し、また、系統関係を明らかにすることによって種分化のプロセスを解析したものであり、応用昆虫学、集団遺伝学、分子系統学、進化生物学、植物保護学、生態情報開発学などに対して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14年3月11日、論文並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。