

平成 21 年 5 月 12 日現在

研究種目：基盤研究（B）
 研究期間：2006～2008
 課題番号：18405011
 研究課題名（和文） ニュージーランドに侵入したフタモンアシナガバチの遺伝的多様性の評価
 研究課題名（英文） Evaluation of the genetic variations in the populations of *Polistes chinensis* introducing into New Zealand
 研究代表者
 土田 浩治 (TSUCHIDA KOJI)
 岐阜大学・応用生物科学部・教授
 研究者番号：00252122

研究成果の概要：日本から侵入したと考えられてきたニュージーランドのフタモンアシナガバチの遺伝的多様性を、日本の個体群の遺伝的多様性と比較した。比較した部位は、ミトコンドリアのCOI領域である。全個体群からは26ハプロタイプが見つかり、そのうち、日本からは16ハプロタイプが、ニュージーランドからは19ハプロタイプが見つかった。両個体群に共通したのは9ハプロタイプのみであり、日本以外の地域からの侵入が有ったことが示唆された。

交付額

(金額単位：円)

| | 直接経費 | 間接経費 | 合計 |
|--------|-----------|-----------|-----------|
| 2006年度 | 2,700,000 | 810,000 | 3,510,000 |
| 2007年度 | 2,100,000 | 630,000 | 2,730,000 |
| 2008年度 | 900,000 | 270,000 | 1,170,000 |
| 年度 | | | |
| 年度 | | | |
| 総計 | 5,700,000 | 1,710,000 | 7,410,000 |

研究分野：生物学

科研費の分科・細目：基礎生物学・生態・環境

キーワード：フタモンアシナガバチ、遺伝的多様性、mtDNA、侵入生物、ボトルネック、ニュージーランド、生物多様性

1. 研究開始当初の背景

フタモンアシナガバチ (*Polistes chinensis antennalis*) は北海道を除く日本全土に広く生息するアシナガバチである。1979年にニュージーランド北島のオークランド市近郊に位置する Whangaparaoa 半島でその生息が確認され、急速にその分布を拡大している。現在では、南島の北部にも侵入・定着していることが確認されている。Clapperton et al. (1996) の報告によれば、

本種は北島の北部を中心に広く分布し、密度を上昇させている。

侵入生物としての社会性昆虫は、世界各地で大きな問題を引き起こしており、アフリカミツバチ、アシナガバチの一種 (*P. dominulus*)、クロスズメバチの一種 (*Vespula germanica*)、アルゼンチンアリ、ヒアリなどがその代表例である。侵入生物は、侵入時の個体数の減少に伴うビン首効果 (bottle neck) を受けるため、その遺伝的多様性が減

少すると考えられている。社会性昆虫では侵入に伴う遺伝的多様性の消失が、体表炭化水素などの巣仲間認識に使われている物質の多様性の消失につながり、その結果、侵入先では巣仲間認識ができなくなる例が報告されている。このことが、原産地では見られる巣間の敵対行動の消失につながり、巨大なコロニーを形成して侵入先の生態系に甚大な悪影響を及ぼしている。

本研究では、侵入先でのフタモンアシナガバチの遺伝的多様性を調査するとともに、現地での基本的な生活史を調査し、そのデータを日本のフタモンアシナガバチのものと比較することで、侵入に伴う遺伝的多様性の変化が生活史に与える影響を評価することを目的とする。今回の研究では、DNA 遺伝子型の変異性、2倍体オスの出現頻度、巣仲間認識の変異を調査する。これらの形質の変化と同所的に分布する *P. humilis* との種間関係を評価することで、現地での分布拡大の原因を探り、侵入種が現地生態系に及ぼす影響を明らかにする。

2. 研究の目的

一般に、侵入生物には、侵入に伴って以下の3つの遺伝的なパターンを示すことが知られてきた。

(1)

侵入に伴う個体数の減少によって、ボトルネックを受け、遺伝的多様性が減少する。これは、ヒアリ、アルゼンチンアリ等のアリや、オーストラリアタスマニア島に人為的に持ち込まれたセイヨウオオマルハナバチで報告されている。

(2)

特定の原産地からの複数回の侵入によって、原産地と同様な遺伝的多様性を示す。これは、ヨーロッパから北アメリカ大陸に侵入した *P. dominulus* で報告されている。

(3)

複数の、互いに独立した原産地からの侵入によって、遺伝的多様性が増加する。これは、タスマン海に分布するワカメの遺伝的多様性が、遺伝的に独立していた日本やヨーロッパから持ち込まれたが為に、帰って原産地よりもその多様性が増加している例が報告されている。

本種のニュージーランドへの侵入が、先の3つのどのパターンに該当するのかを解明することは、保全生態学のみならず集団遺伝学にとっても興味深い現象であると考えられる。

本研究では、ニュージーランドに侵入したフタモンアシナガバチの遺伝的多様性を分析すると共に、日本の個体群の遺伝的多様性も分析し、それらを比較することで、先の3つのパターンのどれに該当するかを明らか

にすることを第一の目標とした。

3. 研究の方法

(1)

ニュージーランドに侵入したフタモンアシナガバチの遺伝的多様性を分析するために、現地調査を行い、サンプルを回収した。現地調査は2007年1月5日～1月21日、2007年2月27日～3月13日、2007年12月29日～2008年1月17日の3回行った。3回の現地調査で、合計390コロニーからブルード(メス成虫、幼虫、卵)を回収し、99%アルコールで保存した。比較対照するサンプルとして、日本国内の247コロニーからブルードを回収し99%アルコールで保存した。

材料と方法

日本 29地点 247コロニー

新潟・福島・茨城・神奈川・愛知
岐阜・三重・兵庫・島根・山口・徳島

ニュージーランド 36地点 206コロニー

(2)

各コロニーのメス成虫1匹から、DNAをChelex法を用いて抽出した。抽出したDNAのミトコンドリアCOI領域をPickett et al. (2006)のプライマーを用いて、PCR反応により増幅した。増幅されたCOI領域731bpをシーケンスし、配列を決定した。分析が終了したのは、日本集団の247コロニーとニュージーランド集団の206コロニーである。

(3)

シーケンスからハプロタイプを決定し、それを基に最尤法を用いて系統樹を作成した。ハプロタイプ別の頻度をもとにAMOVAを行った。

4. 研究成果

(1)

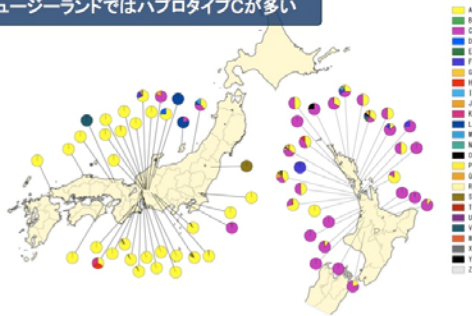
ミトコンドリアCOI領域には14カ所の塩基に変異が確認され、合計26タイプのハプロタイプが検出された。

(2)

日本ではハプロタイプAの頻度が高いのに対し、ニュージーランドではハプロタイプCの頻度が高い傾向が認められた。また、ニュージーランドでは北部にハプロタイプの多様性が高い個体群が認められた。

ハプロタイプ頻度

日本ではハプロタイプAが多く、
ニュージーランドではハプロタイプCが多い



(3)

全個体群の情報をもとに、2集団間（日本とニュージーランド）、集団内の個体群間、個体群内の3つの階層に関して AMOVA で解析した結果、全てのレベルで高い分化が認められた。

ハプロタイプ頻度を用いた AMOVA

全個体群(日本個体群、ニュージーランド個体群)

| | 自由度 | 平方和 | 分散 | 分散(%) | F | P |
|-----------|-----|-------|------|-------|----------------|---------|
| JP-NZ個体群間 | 1 | 37.5 | 0.15 | 14.3 | $F_{SC}=0.184$ | < 0.001 |
| 地域個体群間 | 63 | 120.9 | 0.17 | 15.8 | $F_{ST}=0.300$ | < 0.001 |
| 個体間 | 388 | 294.2 | 0.76 | 70.0 | $F_{CT}=0.142$ | < 0.001 |
| 全体 | 452 | 452.6 | 1.08 | | | |

個体群間、地域個体群間、個体間の全てにおいて
高い分化が見られた

(4)

日本とニュージーランドの2集団を別々にして、それぞれを AMOVA で解析した結果、日本集団の F_{ST} 値は 0.27、ニュージーランド集団の F_{ST} 値は 0.12 であり、ニュージーランド集団の方がハプロタイプの混合の程度が大きいことが示唆された。

ハプロタイプ頻度を用いた AMOVA

日本

| | 自由度 | 平方和 | 分散 | 分散(%) | F_{ST} | P |
|--------|-----|-------|------|-------|----------|---------|
| 地域個体群間 | 35 | 68.8 | 0.24 | 27.4 | 0.27 | < 0.001 |
| 地域個体群内 | 170 | 107.5 | 0.63 | 72.6 | | |
| 全体 | 205 | 176.4 | 0.87 | | | |

ニュージーランド

| | 自由度 | 平方和 | 分散 | 分散(%) | F_{ST} | P |
|--------|-----|-------|------|-------|----------|---------|
| 地域個体群間 | 28 | 52.0 | 0.12 | 12.4 | 0.12 | < 0.001 |
| 地域個体群内 | 218 | 186.6 | 0.86 | 87.7 | | |
| 全体 | 246 | 238.7 | 0.98 | | | |

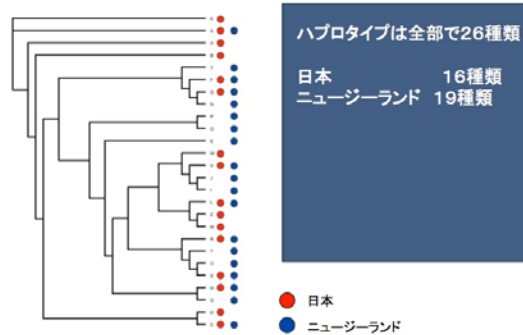
日本個体群に比べてニュージーランド個体群の F_{ST} の値が小さい

ニュージーランド個体群の方が混合の程度が高い

(5)

ハプロタイプは全部で26種類検出され、日本集団では16ハプロタイプ、ニュージーランド集団では19ハプロタイプ検出された。26ハプロタイプのうち、両集団で共通したのは9ハプロタイプのみであった。

ハプロタイプ系統樹



(6)

以上の結果から、ニュージーランド集団を構成するのは、日本集団以外の集団からも由来している可能性が高いことが考えられた。本種は、日本以外にも、朝鮮半島や中国大陸の一部に生息する可能性が指摘されている。今後は、それらの地域からもサンプルを回収し、分析する必要があると考えられた。また、未調査である日本の個体群に由来する可能性も否定できないので、更に調査地点を増やす必要があると考えられる。これまでの一連の分析から、ミトコンドリア変異以外の核 DNA 変異を分析するマイクロサテライトマーカーを20遺伝子座開発している。今後はそれらを使い、STRUCTURE や GENELAND 等の Assignment analysis を行って、侵入源の特定を行いたい。

以上の結果、現在のデータは未だ不完全であり、発展途上ではあるが、現状では、本種はニュージーランドに複数の遺伝的に独立な集団からの、複数回の侵入を経験しているものと考えられた。これは、ワカメで報告されたものと類似の現象であると考えられる。すなわち、複数の、そしてお互いにある程度独立している原産地個体群からの、複数回の侵入によってニュージーランド集団は構成されており、遺伝的多様性が、この原産地集団より高くなっている、というものである。この知見は、侵入生物の生態に関する極めて貴重な知見と考えられる。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[学会発表] (計 1 件)

丹羽信暁・土田浩治 (2009. 3. 28) ニュージ
ーランドに侵入したフタモンアシナガバチ
個体群の遺伝的構造. 第 53 回日本応用動物
昆虫学会 (札幌)

6. 研究組織

(1) 研究代表者

土田 浩治 (TSUCHIDA KOJI)
岐阜大学・応用生物科学部・教授
研究者番号：00252122

(2) 研究分担者

小島 純一 (KOJIMA JUN-ICHI)
茨城大学・理学部・教授
研究者番号：00192576

工藤 起来 (KUDO KAZUYUKI)
新潟大学・教育人間科学部・准教授
研究者番号：70444180

(3) 連携研究者

なし