

科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成 24 年 6 月 4 日現在

機関番号：32658

研究種目：研究活動スタート支援

研究期間：2010～2011

課題番号：22880035

研究課題名(和文) 寄主を利用して長距離移動する水田カマバチの地理的遺伝構造と移動実態の解明

研究課題名(英文) Migration traits and genetic structure of dryinid wasps transported by long-distance migrant hosts

研究代表者

三田 敏治 (MITA TOSHIHARU)

東京農業大学・農学部・助教

研究者番号：90581851

研究成果の概要(和文):

クロハラカマバチとトビイロカマバチに特に焦点をあてて、東アジアにおける地理的遺伝構造と寄主の移動性について考察した。セジロウンカに寄生するトビイロカマバチでは、遺伝的多様性が高いものの地理的なまとまりが見られなかった。ヒメトビウンカに寄生するクロハラカマバチでは、3つの中心的なハプロタイプグループが認められ、地理的分布と一致していた。カマバチ2種とも、地理的遺伝構造は寄主の移動性の観点から容易に説明可能であった。

研究成果の概要(英文):

The genetic variation of *H. apicalis* R. Perkins and *H. oratrius* (Westwood) in Eastern Asia was discussed in the view of the geographical distribution and long-distance migration ability of their hosts using 807bp of mitochondrial COI. On *H. apicalis* parasitizing *Sogatella furcifera* (Strand), high genetic diversity was indicated but relationship with geographical distribution was unclear. On *H. oratrius* parasitizing *Laodelphax striatellus* (Fålen), three core haplotype groups associated with geographical distribution were indicated. The results of two parasitoid species can be explained with migration ability of host species.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2010年度	1,260,000	378,000	1,638,000
2011年度	1,160,000	348,000	1,508,000
総計	2,420,000	726,000	3,146,000

研究分野：農学

科研費の分科・細目：農学・応用昆虫学

キーワード：昆虫・イネウンカ・天敵・アジア・生物地理

1. 研究開始当初の背景

イネウンカは長距離移動性を持つため、その防除はアジア諸国の抱える国際的課題である。水田カマバチはイネウンカの捕食寄生性天敵で、幼虫がウンカに寄生した状態で長距離移動していると考えられていた(岸本, 1975; 北村, 1989)もののその実態は明らかにされてこなかった。

国内におけるイネウンカの飛来量は西南日本で多く、東日本で少ない。また、セジロウンカとトビイロウンカは国内で越冬できないが、ヒメトビウンカは越冬できる。本種は中国大陸から大量飛来していると考えられている(Otsuka, et al., 2010)が、もともと北海道まで広く分布している。

イネウンカに寄生する水田カマバチのう

ち、トビイロカマバチはセジロウカに、キアシカマバチはトビイロウカに、クロハラカマバチはヒメトビウカにそれぞれ寄生する。これらは寄主と分布が重複しており、また寄主特異性が高い。特に前2者はそれらの寄主のスペシャリストである。クロハラカマバチは水田以外で代替寄主がいるものの、寄主資源としてヒメトビウカに依存する割合が極めて高い。

2. 研究の目的

本研究の第一の目的は、アジア地域における水田カマバチの遺伝的多様性を明らかにすることである。種ごとの遺伝的多型の地理的な分布構造と系統的類縁関係を明らかにし、飛来末端である日本に焦点を当ててアジアの水田カマバチ各種の移動経路の推定や飛来先における定着の可能性の検証を行う。

対象種はクロハラカマバチ、トビイロカマバチ、キアシカマバチの3種とする。カマバチ各種の分布は寄主ウカと同じである。これらのカマバチは国内における寄主の越冬性、飛来量や分布が異なるため、それらがカマバチの遺伝的多様性に与える影響について比較検討するために好適な材料である。

研究計画に先立ち3つの仮定を設けた。1) ウンカに寄生した状態で移動したカマバチは、飛来後も発育・繁殖が可能である。2) 飛来先でイネウンカ以外の在来種を寄主として定着しているかもしれない。3) ウンカの飛来がない(あるいは無視できるほど少ない)地域で得られるカマバチはその地域の定着個体であり、それらは固有の遺伝型をもつかもしれない。

仮定1)より、ウンカ飛来先(東アジア地域)と大量飛来先(九州など)で、カマバチの遺伝的組成が同質か極めて近い。日本を含む東アジアの多くの地域で多様性がほとんど見いだせないかもしれない一方、種や種内で異なる移動経路を明らかにできるかもしれない。仮定2,3)より、日本に定着しているクロハラカマバチでは遺伝的組成に地理的変異が見られる。もし定着していれば、キアシカマバチやトビイロカマバチでも変異が見られるだろう。

3. 研究の方法

飛来先となる国の他、日本と同様にイネウンカの大量飛来がある韓国も調査地に加えた。イネウンカの飛来性から調査地点を4区域(飛来先、主要飛来先、マイナー飛来先、飛来ゼロ地点)に分けて検討した。

得られた供試虫は99%アルコールに浸し、ディープフリーザーで保管した。種の同定は

メス成虫では外見から容易に判断可能だが、オス成虫では交尾器を観察する必要がある。種の正確な同定はDNA抽出後に解剖して行った。幼虫は寄主の種と寄生部位との対応から判断した。実験に使用した標本は、証拠標本として70%アルコール液浸または乾燥状態で東京農業大学に保管している。

解析にはミトコンドリアDNAのCOXI領域807bpを用いた。プライマーセットは昆虫類のユニバーサルプライマー(Simon, 2006)を用いたが、増幅効率が悪い種に関しては新たに設計した。Paupを用いて配列データのNJ系統樹を作成した。また、TCSを用いてハプロタイプの最節約ネットワークを作成した。計画当初は階層クレード解析(NCA)を行う予定だったが、特にクロハラカマバチではこの手法で検出できない個体群の二次的接触を解析対象としているため、実施しなかった。

4. 研究成果

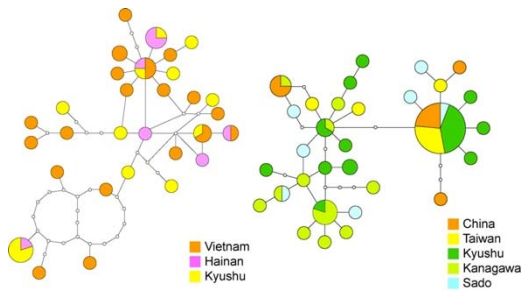
(1) サンプル地域

以下の地域で調査を実施し、試料を得た。ただし、解析していない地域は括弧で括った。

- ・トビイロカマバチ
ベトナム北部、海南島、九州
- ・キアシカマバチ
ベトナム(南部)と北部、(ラオス)、フィリピン、九州
- ・クロハラカマバチ
台湾、浙江省、(韓国)、九州、神奈川県、佐渡島

(2) 水田カマバチの地理的遺伝構造

同属のクロハラカマバチ(*Haplogonatopus oratorius*)とトビイロカマバチ(*H. apicalis*)を比較すると、越冬性のないセジロウカの特異種であるトビイロカマバチでは遺伝的多様性が高いにも関わらずその組成と地理的分布の関連が見いだせなかった。それに対し、越冬性があるヒメトビウカに寄生するクロハラカマバチでは地理的分布と遺伝的組成に対応が見られ、3つの中心的なハプロタイプグループに分けられることが明らかになった(図)。ヒメトビウカの移動経路である中国から九州間では共通するハプロタイプの割合が高く(図)、高頻度の遺伝的交流の存在が示唆された(Mita, et al., 2012)。また、解析した試料の数が少ないながら、別属のキアシカマバチ(*Gonatopus fluvifemur*)ではベトナムと日本で一つのハプロタイプしか見られず、フィリピンの個体群とは1塩基多型で識別可能であった。



図．ハプロタイプネットワーク．トビロカマバチ（左）とクロハラカマバチ（右）．

(3) ヒメトビウカ移動経路の推定

上述の研究から，クロハラカマバチの個体群は地理的に分化していることが明らかになった．一方で，寄主のヒメトビウカも長距離移動性を持つので，共通のハプロタイプがみられる地域は地史的イベントを反映するだけでなく，現在の寄主の移動経路でもありと考えられる．近年のヒメトビウカの移動経路に関する研究からは，中国の江蘇省付近が飛来源として推定されている．クロハラカマバチの遺伝構造はそれらの地域間で類似しており，佐渡島の個体群までは本州太平洋岸で見られない中国と共通のハプロタイプが認められた（図）．これは，膨大な量が移動するウカに替わって，寄生率の低さのため移動個体数が少ないカマバチでは検出できる可能性を示唆するものである．韓国で得た多数のサンプルも加えたハプロタイプのネットワークを構築することで，より詳細な解析を試みている（Mita et al., in prep.）．

(4) 東アジア産カマバチ科の分類

調査の過程で，日本と台湾から *Anteon* 属 2 新種のカマバチを発見し，命名，記載した（Mita, 2012）．また，未発見であった *Gonatopus javanus* のオスを mDNA の部分配列，既知メスの同所性から特定し，記載した（Mita & Matsumoto, 2012）．水田カマバチを含む Gonatopodinae 亜科について，日本産種の分類学的再検討を行い，東アジアにおける水田カマバチの寄主情報の整理を行った（Mita, in press）．

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）

〔雑誌論文〕(計 3 件)

(1) Mita, T., 2012. Taxonomic study of *Anteon* in East Asia, with two new species from Taiwan and Japan (Hymenoptera: Dryinidae: Anteoninae). *Esakia*, 査読有, (52): 71-76.

(2) Mita, T., Y. Matsumoto, 2012. First description of the male of *Gonatopus javanus* (R. C. L. Perkins) determined by mitochondrial COI sequence (Hymenoptera: Dryinidae). *Ent. Sci.*, 査読有, 15: 214-218.

(3) Mita, T., S. Okajima, 2011. *Dryinus* species collected from Laos (Hymenoptera: Dryinidae: Dryininae). *Jpn. J. syst. Ent.*, 査読有, 17: 153-154.

〔学会発表〕(計 6 件)

(1) 志磨秀人・神田珠莉・三田敏治・安達太郎．水田におけるクモ類の空間分布．第56回日本応用動物昆虫学会大会，近畿大学，2012年3月28日．

(2) 志磨秀人・神田珠莉・三田敏治・安達太郎．新潟県上越市中山間地有機水田におけるクモの空間的分布．日本昆虫学会関東支部大会第48回大会，東京農業大学，2011年12月3日．

(3) 三田敏治．カマバチ科のカマの多様性と系統．日本昆虫学会第71回大会，信州大学，2011年9月18日．

(4) 三田敏治・松本由記子・松村正哉，2011．*Haplogonatopus* 属 2 種の寄主と地理的遺伝構造（八チ目：カマバチ科）．日本昆虫学会第71回大会，信州大学，2011年9月18日．

(5) 三田敏治，松本由記子，松村正哉．イネウカの捕食寄生者，水田カマバチの地理的遺伝構造．第53回日本応用動物昆虫学会，九州大学，2011年3月27日．

(6) 三田敏治．カマバチ科が抱える分類学的諸問題．日本昆虫学会第70回大会，山形大学，2010年9月20日．

〔図書〕(計 1 件)

Mita, T., Matsumoto, Y., Sanada-Morimura, S., Matsumura, M., 2012. Chapter 3. Passive Long-Distance Migration of Apterous Dryinid Wasps Parasitizing Rice Planthoppers, 査読有, P. 49-60. In: Stevens, L. (Ed.) *Global Advances in Biogeography*, 360pp.

6. 研究組織

(1) 研究代表者

三田 敏治 (MITA TOSHIHARU)
東京農業大学・農学部・助教
研究者番号：90581851

(2) 研究分担者

()

研究者番号：

(3) 連携研究者

()

研究者番号：