山岳域特異的に分布するアザミウマ亜科の未記載種の遺伝的多様性 (アザミウマ目:アザミウマ科)

木目澤友梨恵(福島大学大学院共生システム理工学研究科) 角田真琴・兼子伸吾・塘 忠顕(福島大学共生システム理工学類)

はじめに

福島県、山形県、長野県、新潟県、山梨県の山岳域にはヒメノガリヤス、タカネノガリヤスなどのイネ科イチゴツナギ亜科カラスムギ連を寄主とする未記載種のアザミウマが分布している。核 DNA の 18S rDNA 領域と mtDNA の CO I 領域に基づく分子系統解析の結果から、本種は Thrips 属に属する種であることが明らかになった(木目澤ら、2015)本種のほとんどの個体は短翅で飛翔できないため移動分散能力は低いと考えられる。このように山岳域の特定の植物を寄主とし、移動分散能力が低いことから、本種は地理的に隔離されており、生息地ごとに遺伝的な分化が生じている可能性がある。そこで、本研究は山形県、福島県、新潟県、長野県、山梨県から得られた個体を用いて、それらの遺伝的多様性を明らかにすることを目的として mtDNA の CO I 領域に基づく解析を行った。

材料と方法

本研究では福島県の11地点(15サンプル),山形県の1地点(1サンプル),新潟県の1地点(2サンプル),長野県の7地点(14サンプル),山梨県の1地点(1サンプル)から採集した合計33サンプルを材料として用いた.

mtDNA の COI 領域を Folmer *et al.* (1994) のプライマーを用いて PCR 増幅した. 電気泳動によって増幅が確認された PCR 産物を精製し,塩基配列を決定した. 得られた塩基配列をMEGA5.20 (Tamura *et al.*, 2011) の Clustal W (Thompson *et al.*, 1994) でアラインメントし, TCS (Clement *et al.*, 2000) でハプロタイプネットワークを作成した. 外群には木目澤ら (2014) による分子系統解析の結果,本種に最も近縁であることが示された *Thrips alni* を使用した.

結果と考察

mtDNA の CO I 領域の解析により得られた塩基配列を用いてハプロタイプネットワークを作成したところ、11 のハプロタイプが認められた。これらのハプロタイプは5 塩基の置換で区別される A タイプと B タイプに区別された(図 1). 長野県,山梨県と福島県の一部の地点(田代山,帝釈山,三本槍岳)からは A タイプが検出され,福島県(燧ケ岳,安達太良山,磐梯山,一切経山),新潟県,山形県からは B タイプが検出された.外群として用いた T. alniのハプロタイプ(C タイプ)は A タイプ(A1)につながることから,A タイプのハプロタイプの方が B タイプのそれよりも祖先的である可能性がある(図 1).

祖先的な A タイプは長野県、山梨県、福島県の田代山、帝釈山、三本槍岳の 3 地点から得られた個体から検出され、B タイプは新潟県、福島県、山形県の個体から検出されたものの、長野県の個体からは検出されなかったことから考えると、長野県から福島県の栃木県に接する場所まで太平洋側に広く分布していた A タイプをもつ個体群から、その分布東限(福島県内)で B タイプが分化し、それが新潟県や山形県へと日本海側に沿って分布を東西に拡大し

た可能性がある (図2).

A1 タイプは長野県内の全ての地点、山梨県、福島県の長野県・山梨県に近い地点で見られたものの、A2-A4 タイプは上高地(長野県)からしか検出されていないことから考えると、A タイプの分化は長野県(上高地)内で生じた可能性が高い.一方、B タイプは B3 タイプが福島県内で広く検出されたことから、B タイプの分化の多くは福島県内で生じた可能性が高い(図 2).

福島県の燧ケ岳、磐梯山、長野県の上高地では複数のハプロタイプが検出された(図 2). また、燧ヶ岳の柴安嵓と俎嵓との鞍部と上高地の焼岳からは、同じ場所で採集された個体から異なるハプロタイプが検出された。異なるハプロタイプをもつ個体が何故これらの場所では同所的に生息するのかを明らかにすることは今後の課題であるが、本研究で解析したサンプル数は地点ごとに差があるため、1地点当たりのサンプル数を増やして解析を行うと、同じ場所から複数のハプロタイプが検出される地点が他にも見つかるかもしれない。そのため、今後は1地点当たりのサンプル数を増やして解析を行っていきたい。

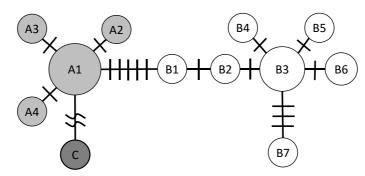


図 1. Thrips sp.のハプロタイプネットワーク

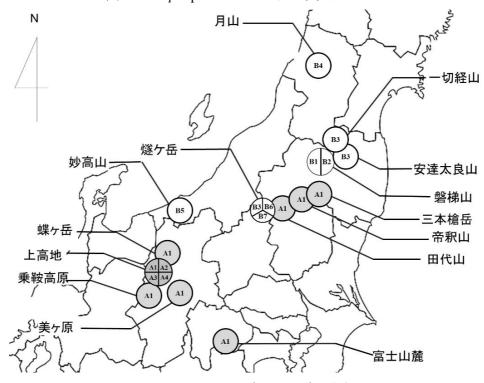


図 2. Thrips sp.のハプロタイプの分布図