

第87回麻布獣医学会 一般演題15

ミトコンドリア DNA 解析に基づく、 外来不快感害虫ヤンバルトサカヤスデの国内分布

飯田 奈都子^{1,2}, 神谷 貴文², 村上 賢¹

¹麻布大学, ²静岡県環境衛生科学研究所

【緒言】

台湾原産の外来種であるヤンバルトサカヤスデ (*Chamberlinius hualienensis* Wang, 1956) は、オビヤスデ目ヤケヤスデ科に属するヤスデであり、秋の繁殖期に異常発生して人に不快感被害を及ぼす不快感害虫である。本種は1983年に沖縄本島で確認されて以来、南西諸島を北上し、九州や四国、本州にも生息地域を拡大している。静岡県では、2002年頃に静岡市で異常発生が問題となって以来、伊豆半島や浜松市でも生息が確認されるなど、分布の拡大が懸念されている。本種は、南西諸島などの生息地から土、堆肥、植木等とともに運ばれていると推測されているが、現在のところ具体的な移入定着過程は不明であり、今後、新たな環境への移入定着を未然に防止するために、侵入経路および分布拡大経路の解明は重要な課題である。この課題解決に向けて、分子レベルでの生物分類に広く利用されているミトコンドリア DNA (mtDNA) の多型に注目し、全国各地に生息している本種の多様性を調べた。

【材料と方法】

東京都(八丈島)、静岡県、高知県、鹿児島県、沖縄県の1都4県の42地点から413個体のヤンバルトサカヤスデの標本を得た。各個体の脚からDNA抽出を行った。本種が属するヤケヤスデ科のmtDNAに関する配列情報はこれまで報告されておらず、ババヤスデ科に属するヤスデの配列情報を参考にプライマーを新規に設計した。PCR増幅後、ダイレクトシーケンス法によりヤンバルトサカヤスデmtDNAの部分的塩基配列を決定し、BLAST検索により遺伝子配置の

推定を行った。決定したmtDNAの塩基配列情報をもとに、4つの領域について新たにプライマーを設定しPCR増幅を行い、生息地域の異なる個体について各領域の塩基配列を比較して、多型を調べた。その多型解析に基づいてDNA型を決定し、各地のヤスデ個体についてDNA型と分布状況を調べた。

【結果と考察】

本研究により、初めてヤンバルトサカヤスデのmtDNAの部分的な塩基配列を決定した。得られた塩基配列をBLAST検索したところ、チトクロームCオキシダーゼサブユニットI(COI)、NADHデヒドロゲナーゼサブユニット2および5(ND2およびND5)を含む遺伝子領域であると推定され、これらの遺伝子の並びは他の既知のヤスデの配置とは異なり、特徴的であった。COI領域の240塩基対のうち、6ヶ所で塩基置換による多型が観察され、これにより4つのDNA型に分類できた。この領域について全国各地で採取したヤスデのDNA型を解析したところ、沖縄県では、4つ全てのDNA型が検出され多様だったのに対し、東京都(八丈島)、高知県、鹿児島県では多くは単一のDNA型を示した。静岡県内では地域によって、様々なDNA型の組み合わせがみられた。これらは、本種が最初に発見され、多様なDNA型をもつヤンバルトサカヤスデが生息する沖縄県から各地へ広まったことを示唆するのかもしれない。今後は原産国台湾の個体の多型を調べるとともに、配列変異をより多く含むD-loop領域の解析を行うことで分布拡大経路を解明したい。