

# 北海道に生息するエンドウヒゲナガアブラムシ集団における ホストレース形成

生物生態・体系学講座 昆虫体系学分野  
永井正生

## 背景と目的

植食性昆虫は豊富な餌資源を利用できる環境下に生息し、種により単食性から広食性とその食性は多様である。しかし植食性昆虫はある1つの科や属の植物を利用する狭食性から、ただ1つの種の植物のみを利用する単食性であるものが大部分を占めている。このことから植食性昆虫と寄主植物との間には非常に密接な関係が存在するために、植食性昆虫は利用する寄主植物に対して生態的特殊化が生じやすいと考えられる。エンドウヒゲナガアブラムシ *Acyrtosiphon pisum* は世界中に広く分布する作物害虫であり、複数種のマメ科植物を利用する狭食性昆虫である。産卵、交配は寄主植物上で行われ、一部のアブラムシとは異なり季節的な寄主転換は行わない。これら寄主植物に対する特殊化を促進させると考えられる複数の生態的特徴を有していることから、地理的障害が存在せず同所的に生息する集団において実質的な生殖隔離が進化している集団を形成していることが予想される。実際、北アメリカとヨーロッパで行われた生態学的、そして集団遺伝学的研究から、大部分の集団が寄主植物に対して生態的特殊化と遺伝的分化が生じていることが明らかとなり、これらの集団は同所的種分化の初期段階であるホストレースを形成している状態であると考えられている。本研究では、複数種の寄主植物を利用する同一種の集合体であると考えられている北海道において同所的に生息しているエンドウヒゲナガアブラムシ集団がホストレースを形成している状態であるのかを検証した。

## 方法

北海道札幌市周辺の5つの地域において、帰化植物であるアルファルファ、アカツメクサ、シナガワハギと在来植物であるクサフジの4種の寄主植物からエンドウヒゲナガアブラムシ個体の採集を行った。7つの遺伝子座を用いたマイクロサテライト解析からアブラムシ個体の遺伝子型の同定を行った。集団遺伝学的解析からアブラムシ個体が有する遺伝的変異がどのように分布しているのかを調べた。さらにベイズ法に基づくクラスター分析とアサイメントテストから採集個体が形成している集団構造と各集団間において遺伝子流動が生じているのかを推定した。

## 結果、考察

遺伝的分化係数( $F_{ST}$ )の算出から異種の寄主集団間には有意な分化が生じていた。個体間の遺伝距離に基づく系統樹とベイズ法に基づくクラスター分析の双方において寄主特異的なクラスターが形成された。さらにベイズ法に基づくアサイメントテストから、帰化植物集団間には僅かな遺伝子流動が生じていることが明らかとなった。以上の結果から、帰化植物であるアルファルファ、アカツメクサ、シナガワハギの3集団はホストレースを形成していること、そして在来のクサフジ集団は遺伝的に別種に近い状態であることが示唆された。