

DNA 塩基配列を用いたハダニ類の種の
識別と系統関係の推定

株式会社日本バイオデータ ^{まつ}松 ^だ田 ^{とも}朋 ^こ子
流通経済大学経済学部 ^こ後 ^{とう}藤 ^{てつ}哲 ^お雄

はじめに

ハダニ類は、ダニ目 Acari, ケダニ亜目 (前気門亜目) Prostigmata, ハダニ上科 Tetranychoidae に含まれるダニであり、本稿で取り上げたハダニ科 Tetranychidae は、日本から 2 亜科 5 族 17 属 96 種 (江原・後藤, 2009; OHASHI et al., 2009; OHNO et al., 2011; ARABULI and GOTOH, 2018; GOTOH and ARABULI, 2019), 世界では 85 属 1,200 種以上が知られている (MIGEON and DORKELD, 2006~2019)。ハダニ科の種はすべて食植性であり、ナミハダニ *Tetranychus urticae* Koch, ミカンハダニ *Panonychus citri* (McGregor), マンゴーツメハダニ *Oligonychus coffeae* (Nietner) 等は、農作物の葉や果実を加害することから、重要な害虫として知られている。本稿では、筆者らがこれまでに取り組んできたハダニ類の DNA 塩基配列による種の識別と系統関係の推定について、これまでの成果を引用しながら紹介したい。

I DNA 塩基配列を用いた種の識別

1 形態による同定の難しさ

ハダニの防除や輸入植物検疫上の問題点として、ハダニは発育速度が速いために殺ダニ剤に対する抵抗性が発達しやすい一方、殺ダニ剤に対する感受性がハダニの種や個体群によって著しく異なること、外来種が輸入植物とともに国内に侵入し、定着すること等があげられる。ハダニの効率的な防除や適切な植物検疫を行うには、迅速かつ正確な種の同定が不可欠である。ところが、ハダニは体サイズが 0.3~0.8 mm と小さく、かつ重要害虫種とそれらの近縁種との形態差がわずかであることから、プレパラート標本作製して正確に種を同定するには、相当な熟練を要する。また、防除や植物検疫の現場では、

迅速な種の同定が求められるが、ハダニの性比が雌に偏っているため、形態による同定に必要な雄成虫を現場で入手できない場合がある。例えば、日本産 *Tetranychus* 属は 13 種が知られているが、ナミハダニの黄緑型を除く全種の雌成虫が赤い体色であるうえ、形態が互いに酷似している。また 13 種のうち、雌成虫のみで同定できる種はいない。特に、カンザワハダニ *T. kanzawai* Kishida とニセカンザワハダニ *T. parakanzawai* Ehara にアララギナミハダニ *T. ezoensis* Ehara を加えた 3 種は、雄成虫の挿入器先端の膨らみの幅で識別できるが、カンザワハダニが 4.0 μm であるのに対して、ニセカンザワハダニとアララギナミハダニはそれぞれ 3.3 μm と 3.5 μm であり、その差は微小である (江原・後藤, 2009)。

2 ミトコンドリア cytochrome c oxidase subunit I (COI) 遺伝子

2003 年に HEBERT らが提唱した DNA バーコーディングは、特定の DNA 領域の塩基配列を用いて生物を識別する方法である (HEBERT et al., 2003 a; 2003 b)。ハダニにおいても、形態に代わる識別法として、分子生物学的手法を用いた方法が試みられているが、従来の研究では *Tetranychus* 属など、ごく一部の害虫種を扱っているに過ぎず、証拠標本に関する記載がない例も多い。塩基配列による識別結果に疑問が生じた場合、標本を再検証する必要があるため、塩基配列データには、証拠標本が紐付けされていることが不可欠である。

筆者らは、ハダニ科のできるだけ多くの属と種について、リボソーム DNA (rDNA) やミトコンドリア DNA (mtDNA) による識別の可否を検討した (MATSUDA et al., 2012; 2013; 2014; SAKAMOTO et al., 2017; ARABULI et al., 2019; GOTOH and ARABULI, 2019)。その結果、mtDNA の COI 遺伝子による分子系統樹に基づく識別が、ハダニ科の広範囲の種に有効であることが明らかになった。これまでの研究で得られたハダニ科 13 属 86 種の COI 遺伝子の塩基配列を用いて、近隣結合法による分子系統樹を推定したところ、2 個体群以上を供試した種のうち 4 種 (カンザワハダニ, ニセカンザワハダニ, ナミハダニお

Species Identification and Phylogenetic Relationships Based on DNA Sequences of the Family Tetranychidae (Acari). By Tomoko MATSUDA and Tetsuo GOTOH

(キーワード: ハダニ, DNA, 識別, トランスクリプトーム, 分子系統解析)