



岐阜大学機関リポジトリ

Gifu University Institutional Repository

Association of Endosymbionts Infections in the
Molecular Phylogeny of Whiteflies Cryptic
Species and Their Parasitoid Wasps in Japan

メタデータ	言語: eng 出版者: 公開日: 2023-06-26 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: EKO, ANDRIANTO メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12099/00101287

氏 名 (本 国 籍)	EKO ANDRIANTO	(インドネシア共和国)
学 位 の 種 類	博士 (農学)	
学 位 記 番 号	農博甲第 8 0 0 号	
学 位 授 与 年 月 日	令和 5 年 3 月 3 1 日	
研 究 科 及 び 専 攻	連合農学研究科 生物環境科学専攻	
研究指導を受けた大学	静岡大学	
学 位 論 文 題 目	Association of Endosymbionts Infections in the Molecular Phylogeny of Whiteflies Cryptic Species and Their Parasitoid Wasps in Japan (日本のコナジラミ隠蔽種及びその寄生バチの分子系統に関する細胞内共生細菌感染との関連)	
審 査 委 員 会	主査 静岡大学 准教授	田 上 陽 介
	副査 静岡大学 准教授	笠 井 敦
	副査 岐阜大学 教授	土 田 浩 治

論 文 の 内 容 の 要 旨

近年、コナジラミにおいて、遺伝的に異なるが形態学的に区別できない種のグループである隠蔽種問題となっている。例えば、国内に侵入したコナジラミの隠蔽種はしばしば誤同定され、結果的に害虫管理において混乱を引き起こす原因となる。師管液吸汁性昆虫であるコナジラミは多くの場合細胞内共生細菌を有し、それに栄養素を提供するかわりにコナジラミにとって適応的な反応を受け取っている。このコナジラミの細胞内共生細菌は、一般に母性伝播によって垂直に感染すると考えられているが、寄生バチの寄生によって水平感染する可能性も考えられる。そこでこの論文では、コナジラミ及び寄生バチに関連して、細胞内共生細菌を調べることによりコナジラミの不可解な多様性を調べることを目的とする。なお、予備調査として形態学的に日本産コナジラミの潜在的な多様性の特定を試みた結果、*Aleurocanthus camelliae*、*Aleuroclava aucubae*、*Aleurolobus marlatti* の 3 種において隠蔽種が検出されている。

コナジラミにおける隠蔽種の分化の複雑さは、栄養素の提供におけるこの内部共生生物の厳密な関連付けにより、それらの一次内生菌である *Portiera* によっても反映される可能性がある。そこで、コナジラミ隠蔽種の共進化について、ミトコンドリア DNA (ミトリボソームの COI & 16S)、核遺伝子 (ITS1)、および *Portiera* のリボソーム遺伝子を標的とするコンソーシアム分子タイピングによって調べた。その結果、*Portiera* の分岐形成が、ミトコンドリアの COI 遺伝子ではなく、リボソーム遺伝子の進化パターンとより一致していることが判明した。しかし、*Portiera* の共同分岐形成は、*Aleuroclava* 属では種特異的ではないことが判明したため、属レベルで強く働いた可能性がある。一方、コナジラミ及び一次内生菌両方の遺伝子における系統

学的クラスタリング分析により、David (1990)によって *Aleyrodini* 族に移入された広義の *Aleurotrachelus* 属が、*Aleurocanthini* 属と共にクラスター化されていることが判明したため、*Aleurocanthini* 族の地位を共進化分岐の枠組みを利用して修正した。

一次内生菌との関連に加えて、コナジラミ隠蔽種と *Wolbachia* などの二次内生菌の感染との関連についても調査をおこなった。 α プロテオバクテリアである *Wolbachia* は昆虫において深刻なミトコンドリア発散を引き起こし、結果的に隠蔽種分化を引き起こす可能性がある。そこで本研究では、遺伝的には異なるが形態では区別できないいくつかの形態学的種もしくはハプロタイプからなる *Aleurocanthus camelliae* 隠蔽種群における *Wolbachia* 感染を調査した。その結果、*A. camelliae* 隠蔽種群に異なるパターンで感染した *Wolbachia* の単系統株が発見された。また、*Aleurocanthus spiniferus* と形態学的に同一であるコナジラミは感染していない個体群にグループ化されたが、ツバキ科に寄生するハプロタイプである *A. camelliae* B1 では感染が検出された。

コナジラミ隠蔽種分化は、*A. camelliae* の寄生バチである *Eretmocerus* グループおよび *Encarsia smithi* の種特異性によって示されることから、これらの寄生バチの遺伝的多様性と相関していることが示唆された。一方、同じタイプの寄生バチを有する *Aleurocanthus* cf. *A. spiniferus* と *A. camelliae* の間における wAlec の水平伝播の結果から、細胞内共生細菌のベクターとして寄生バチがはたらいている可能性が示唆された。

以上を要約すると、本研究では、大きく以下の 3 点を明らかにした。(1) *Portiera* の系統の進化パターンが、ミトコンドリア COI ではなく、コナジラミのリボソーム遺伝子と一致することを明らかにした、(2) 核遺伝子と一次内生菌の進化的変化は、ミトコンドリア COI のものよりも遅いという先行研究の結果を支持した、(3) *Wolbachia* の存在は、*A. camelliae* 隠蔽種群の種分化において重要や役割を担うことが示唆された。ただし、*A. camelliae* 隠蔽種群における *Wolbachia* 感染の機能的役割は不明のままであり、今後さらなる研究が必要である。

審 査 結 果 の 要 旨

近年、コナジラミにおいて、遺伝的に異なるが形態学的に区別できない種のグループである隠蔽種問題となっている。例えば、国内に侵入したコナジラミの隠蔽種はしばしば誤同定され、結果的に害虫管理において混乱を引き起こす原因となる。師管液吸汁性昆虫であるコナジラミは多くの場合細胞内共生細菌を有し、それに栄養素を提供するかわりにコナジラミにとって適応的な反応を受け取っている。このコナジラミの細胞内共生細菌は、一般に母性伝播によって垂直に感染すると考えられているが、寄生バチの寄生によって水平感染する可能性も考えられる。そこでこの論文では、コナジラミ及び寄生バチに関連して、細胞内共生細菌を調べることによりコナジラミの不可解な多様性を調べることを目的とする。なお、予備調査として形態学的に日本産コナジラミの潜在的な多様性の特定を試みた結果、*Aleurocanthus camelliae*、*Aleuroclava aucubae*、*Aleurolobus marlatti* の 3 種において隠蔽種が検出されている。

コナジラミにおける隠蔽種の分化の複雑さは、栄養素の提供におけるこの内部共生生物の厳密な関連付けにより、それらの一次内生菌である *Portiera* によっても反映される可能性がある。そこで、コナジラミ隠蔽種の共進化について、ミトコンドリア DNA (ミトリボソームの COI

& 16S)、核遺伝子 (ITS1)、および *Portiera* のリボソーム遺伝子を標的とするコンソーシアム分子タイピングによって調べた。その結果、*Portiera* の分岐形成が、ミトコンドリアの COI 遺伝子ではなく、リボソーム遺伝子の進化パターンとより一致していることが判明した。しかし、*Portiera* の共同分岐形成は、*Aleuroclava* 属では種特異的ではないことが判明したため、属レベルで強く働いた可能性がある。一方、コナジラミ及び一次内生菌両方の遺伝子における系統学的クラスタリング分析により、David (1990)によって *Aleyrodini* 族に移入された広義の *Aleurotrachelus* 属が、*Aleurocanthini* 属と共にクラスタ化されていることが判明したため、*Aleurocanthini* 族の地位を共進化分岐の枠組みを利用して修正した。

一次内生菌との関連に加えて、コナジラミ隠蔽種と *Wolbachia* などの二次内生菌の感染との関連についても調査をおこなった。 α プロテオバクテリアである *Wolbachia* は昆虫において深刻なミトコンドリア発散を引き起こし、結果的に隠蔽種分化を引き起こす可能性がある。そこで本研究では、遺伝的には異なるが形態では区別できないいくつかの形態学的種もしくはハプロタイプからなる *Aleurocanthus camelliae* 隠蔽種群における *Wolbachia* 感染を調査した。その結果、*A. camelliae* 隠蔽種群に異なるパターンで感染した *Wolbachia* の単系統株が発見された。また、*Aleurocanthus spiniferus* と形態学的に同一であるコナジラミは感染していない個体群にグループ化されたが、ツバキ科に寄生するハプロタイプである *A. camelliae* B1 では感染が検出された。

コナジラミ隠蔽種分化は、*A. camelliae* の寄生バチである *Eretmocerus* グループおよび *Encarsia smithi* の種特異性によって示されることから、これらの寄生バチの遺伝的多様性と相関していることが示唆された。一方、同じタイプの寄生バチを有する *Aleurocanthus* cf. *A. spiniferus* と *A. camelliae* の間における wAlec の水平伝播の結果から、細胞内共生細菌のベクターとして寄生バチがはたらいている可能性が示唆された。

以上のことから、本研究では、大きく以下の3点を明らかにした。(1) *Portiera* の系統の進化パターンが、ミトコンドリア COI ではなく、コナジラミのリボソーム遺伝子と一致することを明らかにした、(2) 核遺伝子と一次内生菌の進化的変化は、ミトコンドリア COI のものよりも遅いという先行研究の結果を支持した、(3) *Wolbachia* の存在は、*A. camelliae* 隠蔽種群の種分化において重要な役割を担うことが示唆された。これらのことは学術ならびに農業の発展に大きく寄与するものであり、本研究論文は岐阜大学大学院連合農学研究科の学位論文として十分価値のあるものと判断した。

基礎となる学術論文

1. Andriant E & Kasai A (2022) *Wolbachia* in black spiny whiteflies and their new parasitoid wasp in Japan: Evidence of the distinct infection status on *Aleurocanthus camelliae* cryptic species complex, *Insects*, 13: 788.
2. Andrianto E & Kasai A (in press) Taxonomic revision of Tribe Aleurocanthini Takahashi 1954 stat. rev. using consortium gene analysis (mito-nuclear-primary endosymbiont) with the first evidence for mitochondrial recombination in whitefly (Hemiptera: Aleyrodidae), *Diversity*