

## 4-2-5. 2015 年以降に採集された奄美群島産ゴマダラカミキリ類の核およびミトコンドリア遺伝子の島内・島間比較

坂巻 祥孝・津田 勝男

### Between- and within-islands comparisons of nuclear and mitochondrial DNA of *Anoplophora* spp. populations (Cerambycidae, Coleoptera) in Amami Gunto Iss. collected after 2015

SAKAMAKI Yosataka and TSUDA Katsuo

鹿児島大学農学部  
Faculty of Agriculture, Kagoshima University

#### 要旨

2015 年以降に採集した喜界島産および徳之島産のゴマダラカミキリ類のミトコンドリア DNA の COI 領域は、それぞれ独自の単一ハプロタイプであった。また、喜界島産と奄美大島産は同一ハプロタイプであった。核 DNA のリボゾーム RNA の ITS2 領域の塩基配列は奄美大島産を除く各産地内の個体間変異が大きく、その変異幅は産地間の遺伝距離とほぼ同程度であった。また、喜界島産に対する奄美大島産および徳之島産個体の遺伝距離は、本土産に対する遺伝距離よりむしろ遠かった。

#### はじめに

坂巻ら(2016)、MURAJI et al. (2011)は、2013 年以前に採集された喜界島産ゴマダラカミキリ類および徳之島産のゴマダラカミキリ類のミトコンドリア DNA(以下 mtDNA)の COI 領域から、2 ハプロタイプを見出した。さらに坂巻ら(2018)では核 DNA リボゾーム RNA 遺伝子の混合塩基の比率から、喜界島産ゴマダラカミキリ類には本土産由来の遺伝子が含まれていると推定した。本研究では喜界島、徳之島、奄美大島、および鹿児島県本土から 2015-2019 年に採集したゴマダラカミキリ類サンプルの mtDNA の COI 領域および核リボゾーム RNA の塩基配列決定をして、各産地の塩基配列の個体間変異を分析した。

#### 材料および方法

2015-2019 年採集の奄美大島産、喜界島産、徳之島産、本土(鹿児島市)産、それぞれ 10 頭を分析に用いた。mtDNA の COI 領域 760bp および核 DNA のリボゾーム RNA 領域の 5.8SrDNA と 28SrDNA の一部およびそれらに挟まれた Internal transcribed spacer2(ITS2)領域合計 580bp (これらをまとめて以下 ITS2 領域と記す)をターゲットとした。PCR 反応には Takala Taq ポリメラーゼを使用し、プライマーは COI 用は MCOIF : 5'-TGG GTA CCC CTG GCT CAT TA -3' と MCOIR : 5'-TGC TGA AGT GAA GTA TGC TCG -3'、ITS2 領域用のプライマー

Between- and within-islands comparisons of nuclear and mitochondrial DNA of *Anoplophora* spp. populations (Cerambycidae, Coleoptera) in Amami Gunto Iss. collected after 2015

および PCR の条件は坂巻ら(2018)に準じた。PCR 産物は、ダイレクトシーケンスで配列決定をした後、遺伝距離（塩基が異なる割合）を各産地内個体間と産地間について算出した。

表1. 鹿児島県本土産、喜界島産、奄美大島産、徳之島産のゴマダラカミキリ類 *Anoplophora* spp. の産地間における COI および ITS2 領域の遺伝距離(%:最大値—最小値)

	本土	喜界島	奄美大島	徳之島
本土	0.19 - 6.25 0 - 0.67	2.43 - 3.52	2.70 - 3.39	3.40 - 4.54
喜界島	1.01 - 6.09	0.19 - 5.61 0 - 0.40	0 - 0.80	2.15 - 3.52
奄美大島	1.71 - 6.27	2.91 - 6.37	0 - 0.92 0 - 0.53	2.28 - 3.41
徳之島	1.21 - 9.88	2.07 - 11.4	0.5 - 9.49	0 - 8.06 0 - 1.75

・上右三角行列は COI(760bp) の遺伝距離(%), 下左三角行列は ITS2 領域(580bp) の遺伝距離(% )を示す。

### 結果と考察

COI 領域については表1の上右三角行列の通り、各産地とも産地内の遺伝距離は2%未満(0-1.75%)であったが、産地間では2-5%であった。ただし、喜界島産と奄美大島産の間は0-0.8%と近かったことからこれらは同一個体群と考えられた。また、先行研究と異なり、喜界島産と徳之島産に産地内変異が小さく島内ではほぼ同一ハプロタイプであった。mtDNA は母系遺伝することから、先行研究では他産地から少数の個体が侵入して、それぞれの島で本土産ハプロタイプも確認されたが、その後数年間の戻し交雑の結果、侵入個体由来のミトコンドリアをもった子孫は排除されたと推定される。

ITS2 領域については、表1の下左三角行列の通り、各産地内でも遺伝距離の変異が大きい。ただし、奄美大島産のみ産地内個体間の遺伝距離が0-0.92%とよくまとまっていた。また、各産地産の個体と本土産との遺伝距離は個体変異が大きく、喜界島は1.01-6.09%、奄美大島は1.71-6.27%、徳之島は1.21-9.88%となった。一方、喜界島産個体に対する遺伝距離は奄美大島産個体で2.91-6.37%、徳之島産個体で2.07-11.4%となり、近くなかった。他方、奄美大島と徳之島の産地間では遺伝距離に近い個体も(0.5%)認められた。ITS2 領域は核DNAなので、交雑した父系の遺伝子も子孫に引き継がれる。これらの結果から、喜界島産サンプルは2013年以前に本土産個体の侵入を受け、徳之島産サンプルは本土と奄美大島の両産地由来個体の侵入を受け、核DNAに遺伝子浸透の影響が残ったと示唆された。

### 引用文献

- MURAJI M, WAKAMURA S, YASUI H, ARAKAKI N, SADOYAMA Y, OHNO S, MATSUHIRA K. 2011. Genetic variation of the white-spotted longicorn beetle *Anoplophora* spp. (Coleoptera: Cerambycidae) in Japan detected by mitochondrial DNA sequence. *Applied Entomology and Zoology* 46: 363-373.
- 坂巻祥孝・三宅正隆・クアシン N'G. ルシエン・津田勝男 (2016) 徳之島産および喜界島産ゴマダラカミキリ類における遺伝子汚染. 南太平洋海域調査研究報告書 57 : 41-43.
- 坂巻祥孝・三宅正隆・津田勝男 (2018) 喜界島産ゴマダラカミキリ類核 DNA にみられた遺伝子汚染. 南太平洋海域調査研究報告書 59 : 19-20.