

隠岐・出雲地域におけるショウジョウバエの多様性

生物科学科 准教授

初見 真知子

研究成果の概要

ショウジョウバエ科昆虫の多様性について：本年度は、出雲地域と隠岐諸島を中心に28地点でショウジョウバエ科昆虫の採集、同定を行った。その結果13属70種のショウジョウバエの分布が確認された。この数は、近畿地方も含めた西日本における記録では、愛媛県、沖縄県、鹿児島県に次ぐものである。このうち29種は本研究により島根県内で初めて記載された。今回得られた特筆すべきことは、奄美大島以南に分布する南方産ショウジョウバエの *Drosophila ananassae*, *D. bibectinata*, *D. takahashii* が隠岐諸島でのみ採集されたことである。隠岐諸島には山陰海岸を経ずにショウジョウバエが移入するルートが存在することを示唆する。

図1に示すように、バナナトラップで多く採集されるショウジョウバエ属以外の属(色つきの部分)の種数は、島根県内陸部、隠岐島後、島根半島、隠岐島前の順に多かった。隠岐島後には600mを超える自然林を含む山があり、谷川もあることから、島根半島と比較すると面積は狭いにもかかわらず、ショウジョウバエの多様性が維持されていると考えられる。これに対し、かなりの面積が放牧地になっている島前では、種数が少なかった。

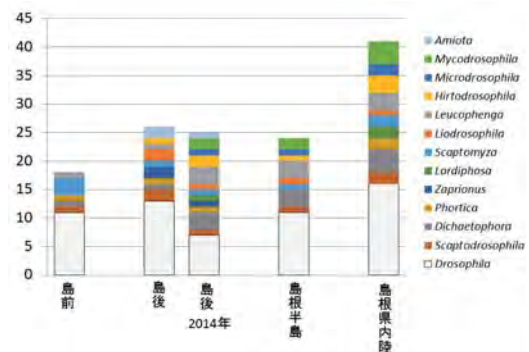


図1. ネット採集された属別のショウジョウバエの種数

クロツヤショウジョウバエ (*Scaptodrosophila coracina*) の遺伝的多様性について：昨年度の研究で、*Sc. coracina* のミトコンドリアDNA(mtDNA)のハプロタイプは大きく3つのクレードに分かれ、それぞれのクレードをA, B, Cと名付けた。クレード間の塩基配列の違いが5%程度あることから、クレード間で種が異なる可能性が示された。そこで、

進化速度が速く、系統関係を反映する核DNAのrDNA反復配列のスペーサー配列である *ITS1* のDNA断片をPCR法で増幅し、mtDNAハプロタイプの分化と比較した。その結果、図2の系統樹に示すように、mtDNAのハプロタイプAとBを持つ個体の核の *ITS1* の塩基配列は大きく違わなかった。これに対して、隠岐諸島にのみ存在するハプロタイプCを持つ個体の *ITS1* 配列と、ハプロタイプA、またはBを持つ個体の *ITS1* 配列は、15%以上異なっていた。そこで、DNA分析に用いた標本の形態を比較したところ、ハプロタイプCは小楯板剛毛の向きと、第三腹番の形態が他とは異なっていた。この結果から、ハプロタイプCを持つ個体は、A, Bの個体と種が違っていると予想される。

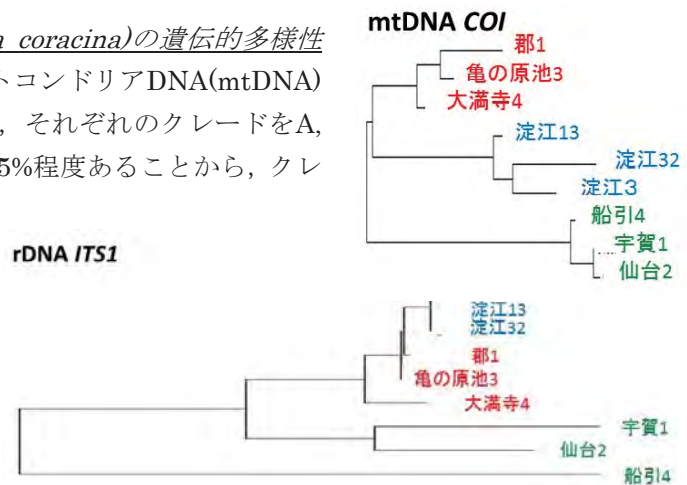


図2. mtDNA *COI* 配列と核の rDNA *ITS1* 配列の系統樹。個体の色は mtDNA のハプロタイプを示す。赤が A、青が B、緑が C である。

社会への貢献・その他

本研究で今まで *Sc. coracina* と考えられていた種に2種存在することが示唆され、そのうち片方は隠岐に固有の種である可能性が高い。これは隠岐島後に見られたショウジョウバエ種の多様性、特に、南方産ショウジョウバエの存在と併せて、隠岐諸島の自然環境に保護すべき価値があることを昆虫学の視点からも示すものである。