

農業害虫タバコナジラミの新系統をアジアで初検出

—各系統の害虫としての危険度と保有共生細菌との関係性も明らかに—

■ ポイント ■

- ヨーロッパで増加傾向を示す新系統 MED Q2 をアジアから初めて検出
- 日本の主要作物圃場に分布するタバコナジラミでは、その遺伝型と保有共生細菌の間に、強い関連性があることを発見
- 共生細菌を指標とした新しいタバコナジラミ診断法開発の可能性を提示

■ 概 要 ■

国立大学法人 富山大学【学長 遠藤 俊郎】先端ライフサイエンス拠点【拠点長 平井 美朗】の土`田 努 特命助教、藤原 亜希子 日本学術振興会特別研究員は、同大 理工学研究部 前川 清人 准教授と共同で、農業害虫タバコナジラミの新系統が、日本の作物圃場に侵入・定着していることを明らかにしました。これは、近年ヨーロッパで分布を拡大している MED Q2 と呼ばれる系統のアジアでの初検出事例であり、今後日本のみならずアジア各国における タバコナジラミ防除のあり方に新たな方針を与える重要な成果です。

また研究チームは、MED Q2 を含む各種コナジラミ系統の体内に生息する“共生細菌”についても調査を行い、コナジラミ系統によって保有する共生細菌が明確に異なることを明らかにしました。特に、植物病原ウイルスの媒介能力や殺虫剤抵抗性の高いタバコナジラミ系統には、特定の共生細菌が感染していることが明らかになりました。今回の成果を応用することで、共生細菌を“害虫危険度”の指標とした新しいタバコナジラミ診断方法の開発にもつながることが期待できます。

本研究成果は、ドイツの科学雑誌『*Journal of Applied Entomology*』に掲載されるに先立ち、オンライン版(9月29日付け:日本時間9月29日)に掲載されます。

■ 背 景 ■

タバコナジラミ種群 [図 1] ^{※1} は、吸汁被害や植物病原ウイルスの媒介 [図 2] により、トマトをはじめとした経済的に重要な数々の農作物に甚大な被害を及ぼす、世界最重要の農業害虫グループです。国際的な物流が発達するにつれ、本種群の分布域は年々地球規模で拡大しており、さらにいくつかの種・遺伝型では殺虫剤抵抗性が発達するという深刻な問題が起きています。中でも農業害虫として特に問題となっているのが、Middle East-Asia minor 1 (MEAM1, バイオタイプ B と呼ばれる) と Mediterranean (MED, バイオタイプ Q と呼ばれる) の、2 つの強力な侵入タバコナジラミグループです。MED は、Q1, Q2, Q3 という 3 つのサブグループに分けられており、それぞれの生息域や殺虫剤抵抗性、ウイルス媒介能力が異なっていることが知られ

ています。

植物上での大増殖やウイルス媒介という、タバコナジラミ種群を害虫たらしめる性質には、実は、コナジラミ体内に存在する“内部共生系”が深く関与しています。本害虫種群の体内には、“菌細胞”と呼ばれる肥大化した特殊な細胞 [図 1] が存在し、その細胞質中にポルティエラ (*Portiera*) という必須共生細菌^{※2} が棲息しています。ポルティエラは、本害虫種群が唯一の餌とする篩管液に不足する必須アミノ酸等の栄養素を合成・供給することによって、タバコナジラミの生存・繁殖に不可欠の存在となっています。さらに、ポルティエラに加えて、タバコナジラミ体内には“任意共生細菌^{※2}”と総称される細菌群が存在します。任意共生細菌のいくつかは、タバコナジラミのウイルス媒介や増殖、薬剤感受性等に大きく影響することが最近の研究から明らかになってきました。

諸外国における先行研究から、タバコナジラミ遺伝型と任意共生細菌の感染状況の間には特定の関係が見られる例が報告されています。遺伝型と保有共生細菌は、共にタバコナジラミの農業害虫としての性質にかかわる防除上重要な情報であるものの、日本においてこれらの情報はきわめて限定的でした。

そこで、研究チームは、国内各地の主要作物園場に生息するタバコナジラミを対象に、遺伝型をサブグループレベルで決定し、それらの保有する任意共生細菌感染状況の詳細な調査を行いました。

■ 研究手法 と 成果 ■

本研究では、北は宮城から南は沖縄まで、日本での分布域をほぼ網羅する 39 地点の主要作物園場から回収したタバコナジラミ 340 個体を対象に調査を行いました。研究チームは、タバコナジラミが持つミトコンドリアのシトクロームオキシダーゼサブユニット I 遺伝子の塩基配列^{※1}を解読し、遺伝型を特定しました。さらに、各共生細菌に特異的な遺伝子配列を診断 PCR 法^{※3}を用いて検出することにより、保有共生細菌の種類を明らかにしました。解析の結果、以下の成果が得られました：

- ① 日本の主要作物園場からは、2 種類の在来系統 [JpL、および Asia II 6 (パイオタイプ Nauru と呼ばれる)] と、3 種類の侵入系統 (MEAM1、MED Q1 の他、日本未検出の MED Q2) が検出されました [図 3]。栃木県において検出された MED Q2 は、日本はもとより、アジアにおける初検出事例です。MED Q2 は、近年イタリア等のヨーロッパにおいて MED Q1 に代わって優占種となりつつある系統であり、今後日本及びアジア近隣諸国においても分布拡大が懸念されます。
- ② 世界各地のタバコナジラミと 系統関係や保有共生細菌を比較した結果、日本に分布する MED Q1 は、近隣の中国・韓国の MED Q1 とは異なり、地理的に離れたフランスやウルグアイの MED Q1 と類似していることが判明しました。このことから、日本の MED Q1 は これらの国からの植物等の国際間物流により、侵入してきた可能性が示唆されます。
- ③ 遺伝型毎に任意共生細菌感染状況は明確に異なっており、両者には強い関連性が見出されました。特に任意共生細菌ハミルトネラ (*Hamiltonella*) は、農業被害の大きい MEAM1 と MED Q1 でほぼ全個

体に感染しているのに対し、それ以外の遺伝型では全く検出されませんでした [図 4]。このことから、ハミルトネラがこれらのタバコナジラミ系統の世界中での蔓延を幫助する役割を担っている可能性が考えられます。

以上の成果は、国内はもとより、近隣諸国のタバコナジラミ防除にとってもきわめて重要な知見であり、今後の防除に向けた新たな方針を提起しうるものと言えます。

■ 今後の展望 ■

今回、アジアで初検出されたMED Q2は、ヨーロッパでの先行研究により、植物ウイルス媒介効率や殺虫剤抵抗性は、比較的低いことが報告されています。しかし、これらの性質は風土とも密接に関連することから、日本国内でのMED Q2の性質や、圃場での分布状況を継続的に調査していく必要があります。

今回の調査により、大規模な農業被害をもたらす侵入系統MED Q1およびMEAM1には、特異的に共生細菌ハミルトネラが感染していることが明らかになりました。ハミルトネラが、これらの害虫系統に与える影響を明らかにするために、分子レベルから詳細な解析を行っています。

環境負荷を減らし、効率的に殺虫剤を使用するためには、防除対象となるタバコナジラミの遺伝型を正確かつ迅速に同定する必要があります。しかし、現在日本で一般的に用いられている同定方法では、サブグループの違いまでは検出できません。「タバコナジラミの系統によって、保有する共生細菌が明確に異なる」という今回得られた成果をもとに、共生細菌を検出することで、害虫危険度を簡易に診断する方法の開発にも取り組む予定です。

■ 論文名 ■

Akiko Fujiwara, Kiyoto Maekawa, Tsutomu Tsuchida

“Genetic groups and endosymbiotic microbiota of the *Bemisia tabaci* species complex in Japanese agricultural sites”

(日本の農作物圃場におけるタバコナジラミ種群の遺伝型と内部共生細菌叢)

News Release



【発信】国立大学法人
富山大学総務部広報グループ
(TEL) 076-445-6028
(FAX) 076-445-6063
※時間外の緊急連絡先
(TEL) 080-2952-4880

■ 本件問い合わせ先 ■

土`田 努（ツチダ ツトム）

国立大学法人 富山大学 ライフサイエンス拠点 特命助教

〒930-8555 富山県富山市五福 3190

TEL, FAX : 076-445-6553

E-mail : tsuchida@ctg.u-toyama.ac.jp

【プレス発表／取材に関する窓口】

国立大学法人富山大学総務部広報グループ

〒939-8555 富山県富山市五福 3190

TEL: 076-445-6028 FAX: 076-445-6063 E-mail: kuhou@u-toyama.ac.jp

【用語の説明】

※1: タバコナジラミ種群

タバコナジラミには、形態的には区別が付かないが、生息域、宿主域、ウイルス媒介能、殺虫剤感受性などの生物学的性質の異なる様々な遺伝型が存在します。タバコナジラミが持つミトコンドリアのシトクロームオキシダーゼサブユニット I (mtCOI) 遺伝子配列の系統解析を用いた分類法では、少なくとも 24 以上のグループに分けられており、種複合体 (species complex) とも呼ばれています。

※2: 必須共生細菌と任意共生細菌

宿主(しゅくしゅ)昆虫にとって、その存在なしには生存・繁殖が出来ない共生細菌を「必須共生細菌」と呼びます。タバコナジラミではポルティエラがこれにあたります。これに対して、感染に多型があり、いなくても宿主が生存・繁殖出来る場合は「任意共生細菌」と呼びます。タバコナジラミでは現在までに 7 種の任意共生細菌が報告されています。

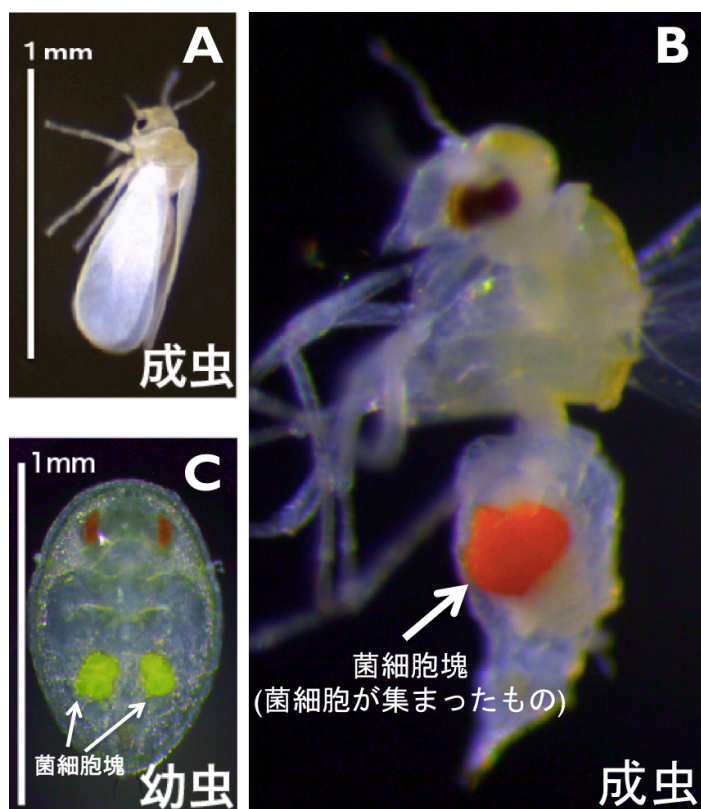
※3: 診断 PCR 法による共生細菌の検出

PCR 法とは、ポリメラーゼ連鎖反応(Polymerase Chain Reaction)により、ある目的の DNA 配列のみを選択的に増幅する手法です。これを利用して、各共生細菌にしか存在しない特異的な DNA 配列をターゲットとして、それらの増幅の有無によって共生細菌の存在を確認します。

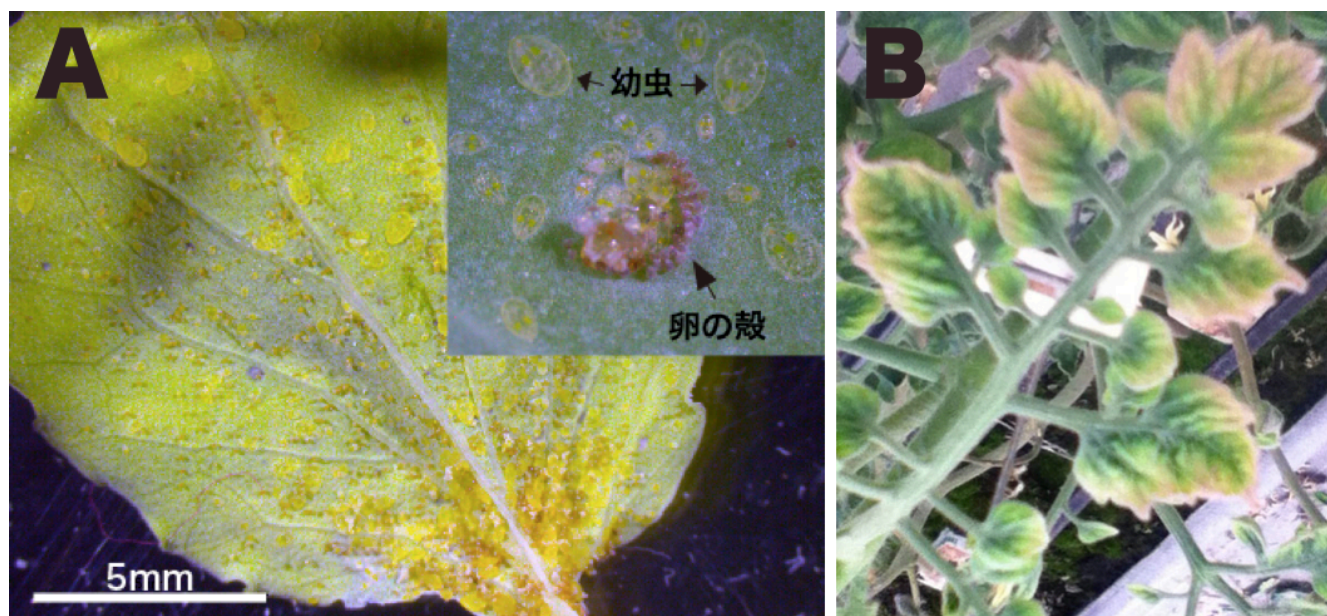
※4: トマト黄化葉巻ウイルス (TYLCV)

トマト黄化葉巻病を引き起こすウイルスで、タバコナジラミによってのみ媒介されます。黄化葉巻病の発症により、トマトの葉は黄色く変色し、急激な萎凋が生じます [図 2]。このような症状がでると、トマトは結実しにくくなり、収穫量の大幅な減少を引き起こします。特に、生育初期のトマトにウイルスが感染・発症すると、それ以降の収穫を諦めざるを得ないほど、被害は甚大なものとなります。被害を防ぐには、このウイルスを運ぶタバコナジラミを防除するのが最も効果的です。

図表

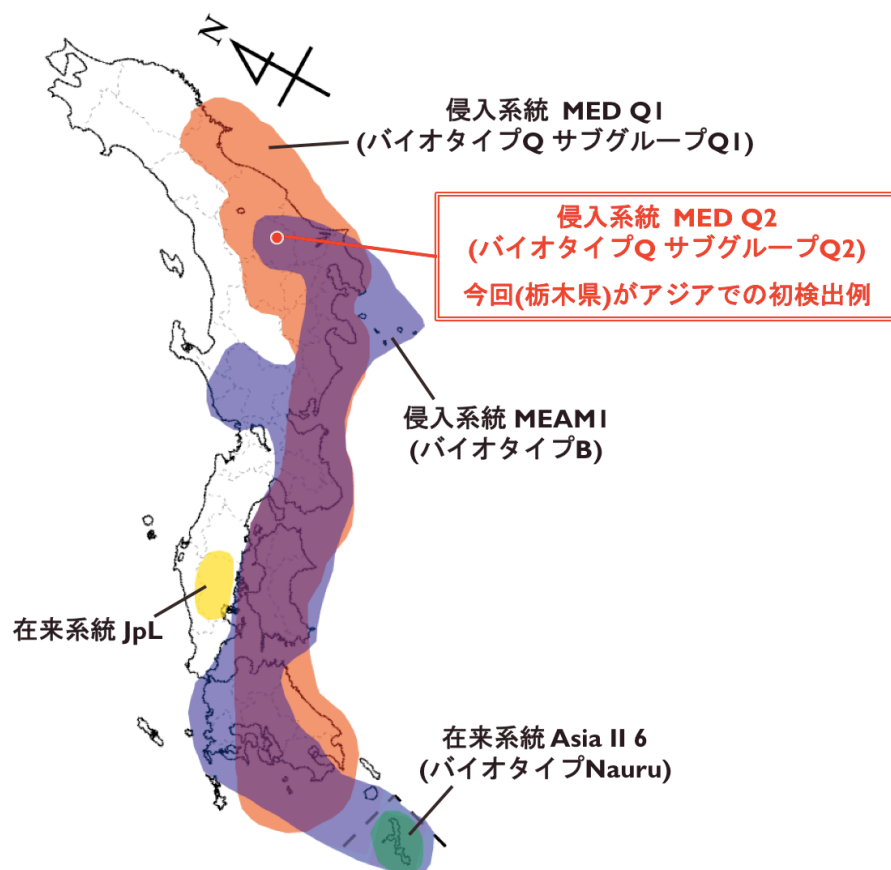


[図 1] タバココナジラミの写真。A は背側から見た成虫。B は真横から見た成虫で、矢印で示したオレンジ色の部分が菌細胞の集まった菌細胞塊。C は 4 齢（終齢）幼虫で、矢印で示した黄色の部分が菌細胞塊。体の左右に 1 対存在する。

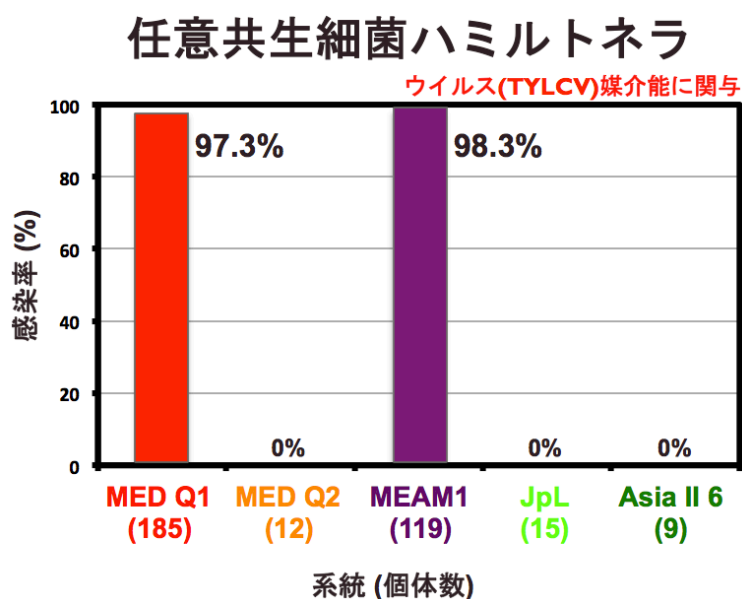


[図 2] タバココナジラミによる農作物への被害。A はキャベツ葉裏にびっしりと付いた幼虫と卵。黄色い楕円に見えるものは全て幼虫。吸汁による被害や、排泄物によるすす病が発生することで農作物の品質低下が生じる。B はタバココナジラミが媒介するトマト黄化葉巻病ウイルス（TYLCV）に感染したトマト。黄化葉巻病の発症により、葉は黄色く変色し、急激な萎凋が生じている。このような症状が出ると結実ににくくなり、大幅な収量減を引き起こす。特に、生育初期トマトで発生すると、それ以降の収穫を諦めざるを得ない程、被害は甚大となる。

図表



〔図 3〕 本研究で明らかとなった日本におけるタバコナジラミ各遺伝型の主な分布状況。侵入系統である MED Q1、MED Q2、MEAM1、日本の在来系統である JpL、Asia II 6 の 5 タイプが検出された。侵入系統 MED Q1 が最も広範囲に存在し、栃木県ではアジアで初めて侵入系統 MED Q2 が検出された。



〔図 4〕 日本のタバコナジラミの各遺伝型における任意共生細菌ハミルトネラ (*Hamiltonella*) の感染率。侵入系統 MED Q1 と MEAM1 のみで高頻度の感染が見られた。この 2 系統は共にウイルス (TYLCV) 媒介効率が高く、殺虫剤抵抗性も高いことから、特に農業被害が大きい系統である。