



道東産ヒメバチの DNA バーコーディング ～多様性・系統関係の理解にむけて～

大阪市立自然史博物館 松本吏樹郎

◎ヒメバチってどんな虫？

この研究で注目したのはヒメバチ科というハチのなかまで、いま日本から1400あまりの種が知られているとても大きなグループです。そのほとんど全てが、他の昆虫やクモに卵を産んで、幼虫がそれを食べて育つ寄生バチです。この寄生バチ（ヒメバチはそのなかでも最も大きなグループの1つです）は、生き物の「食う・食われる」といったつながりの中でとても大事な役目を果たしています。私はどんなヒメバチが、どこでどのように暮らしているのかに非常に興味をもっています。

◎DNA バーコーディングって？

“どんな種がいるのか”というのは、他のいろいろなことを調べたための土台となりますが、それを調べる一つの方法は、体の形の違いを見つけることです。これは体の形は、親子の関係でつながっている“種”というまとまりごとに違っていることが多いという経験に基づいています。そしてもう一つ“DNA バーコーディング”にも注目しています。この方法ではある遺伝子の領域（動物ではCOI 遺伝子の一部分）に注目して、DNAの塩基の並び方を調べ、それぞれの生き物で較べることによって、すでに知られているこの種に当てはまるとか、お互いに近い種あるいは全く違うものかなどを判断する手がかりとします。種ごとの配列がどれくらい似ているかを調べることによって、それぞれの種がどのように分かれて生じたのかなど、その歴史をたどることも出来ます。この方法の良い点は、卵や幼虫といった形で名前が調べにくいものでも、成虫と同じようにデータが手に入ることで、得られるデータに個人差が出ないこと、

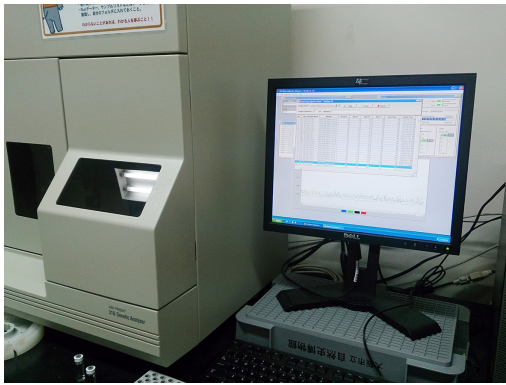


図1 シークエンサー（配列を読み取る装置）

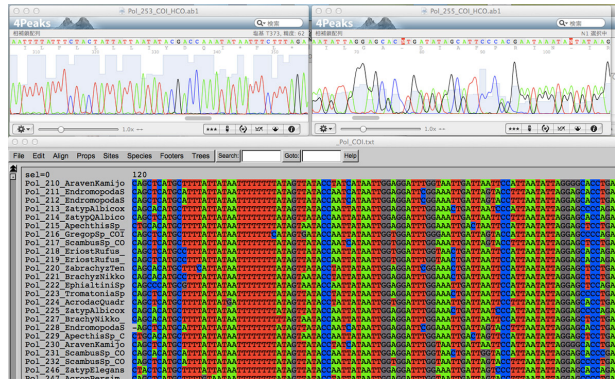


図2 読み取られた配列情報

A,T,G,Cの4種類の塩基が並ぶ、解析に使いやすいデータが得られることです。生き物のなかには形で見分けることはほとんどできないけれども、親子の関係ではつながらないものがあります（隠蔽種（いんぺいしゅ）といわれることがあります）。このようなものを見つける手がかりとしてDNAバーコーディングは有効な方法です。一方で、手間と装置や薬品にお金がかかるのは欠点と言えるでしょう。現在、目に見える形による分類を進めるのと同時に、DNAの情報も集めています。

◎なぜ厚岸に？

日本は北から南までとても長く、気候もずいぶん異なり、住んでいる生き物も違ってきます。また遠い昔の他の島や大陸とのつながりも今どんな生き物があるのかに影響しています。北海道にはユーラシア大陸東部と共通の生き物が多く見られ、これはヒメバチでも同じです。また他の地域では見られない大規模な湿原が広がっているため、そのような環境のみに見られるものもあります。このように厚岸を含む北海道東部は日本のヒメバチを知る上で欠かすことの出来ない地域の1つとなっています。

標本だけであれば、例えば、別寒辺牛湿原のハチの標本は以前私が調査した時の標本が大阪の自然史博物館にしっかり保存されています。でも、これらの標本は必ずしも、上のようなDNAの情報を取り出すのに良い標本ではありません。というのも、DNAは水気があったり、長い時間がたつと細かく切れ切れになってしまうからです。DNAの情報を手に入れようと思ったら、上手な方法で保存された、新鮮な標本（サンプル）を使うことが大切です。そのような良いサンプルを手に入れるために今回別寒辺牛湿原でサンプルを新たに集めました。



図3 マレーゼトラップ



図4 回収されたサンプル

◎この研究で何をやったの？

サンプルはマレーゼトラップというテントのような装置を設置して集めました。マレーゼトラップは虫が壁にぶつかった時に、上に向かって移動する性質を利用して、動力なしに虫を効率よく捕まえることができます。これらの方法でつかまえた虫にはいろいろなグループが含まれます。ハチも多いのですが、ハエやガのなかまが多く、その中からヒメバチを選び出す作業は大変です。こうして選び出したヒメバチの中から、特に北海道だけに分布するものや、湿原だけに特徴的に見られるものを中心に、調べたいものを選び出しました。今回調べることが出来たのは 88 頭のヒメバチです（表1）。これらのハチについて中脚を取り外して DNA を抽出し、PCR サーマルサイクラーという装置を使ってある領域を増やして、シーケンサーにかけて DNA の塩基配列を読み取りました。



図5 サンプルのソーティング

◎この研究は何につながる？

解析はまだまだこれからですが、2つほど今回の研究で見つかったことを紹介します。*Zatyota* というグループのなかで、DNA 解析で他と異なる配列をもっているものが見つかりました。これはマダラコブクモヒメバチという種によく似ていますが、よく調べると形もそれとは異なり、今まで知られているどの種とも違うので、まだ名前のない種 -いわゆる新種-ということになります。

またクモにハチの幼虫が付いている（寄生している）のを見つけて飼育していたのですが、途中でクモのほうが悪んでしまいました。そこでハチの幼虫から DNA を抽出して他のサンプルの配列と比べたところ、*Chablisea* 属の1種の配列と一致し、このハチの幼虫ということが分かりました。このハチは幼虫が何をしているのか全く知られていませんでしたから、その生活を初めて少し知ることが出来たわけです。現時点では幼虫だけでは名前調べは不可能ですので、これも DNA バーコーディングが役に立った例といえるでしょう。

日本のヒメバチは、まだまだわからないことだらけです。DNA の情報も利用しながらその全体像を明らかにしていきたいと思えます。

ある場所の生き物や環境を守っていかうと考えるとき、その場所にどんな生き物が住んでいるのかということは絶対に知っておく必要のある情報です。それそれの生き物同士がお互いに関わりあいながら、その場所の”自然”がつけられているのですから。今回得られたサンプルを利用して研究を進めていくことによって、厚岸に暮らしている生き物についての情報集めに少しでも協力できたらと思っています。



図 6 解析に使ったサンプルの乾燥標本