

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		外来不快害虫ヤンバルトサカヤスデの生態特性と侵入起源の解明			
研究テーマ (欧文) AZ		The ecological characteristics and invasive process of alien millipede species, <i>Chamberlinius hualienensis</i> Wang			
研究氏 代表名 者	カタカナ CC	姓)カミタニ	名)タカフミ	研究期間 B	2009 ~ 2010年
	漢字 CB	神谷	貴文	報告年度 YR	2011年
	ローマ字 CZ	Kamitani	Takafumi	研究機関名	静岡県環境衛生科学研究所
研究代表者 CD 所属機関・職名		静岡県環境衛生科学研究所環境科学部・主任			
概要 EA (600字~800字程度にまとめてください。)					
<p>ヤンバルトサカヤスデ <i>Chamberlinius hualienensis</i> Wang, 1956 は、落葉等が堆積するなど有機質に富んだ湿り気のある場所を好む多足類である。11~12月に地表面に姿を現して群遊し、家屋に侵入するなど人々に不快性被害を引き起こす。原産地は台湾で、1983年に沖縄島で本種の生息が確認された後、南西諸島や鹿児島本土、八丈島に分布を広げ、近年では本州や四国でも局所的に確認されている。中でも静岡県内では伊豆半島から浜松まで分布が散在しており、本州における一大生息域となっている。そこで本研究では、ヤンバルトサカヤスデの蔓延拡大とそれに伴う不快性被害を防ぐことを目的として、静岡市内に生息する個体群について、現地調査や飼育試験により生活史や低温耐性、餌の嗜好性を把握し、移入地における本種の生態特性を評価するとともに、侵入起源の解明に向けて分子生物学的手法を用いた解析を実施した。</p> <p>ヤンバルトサカヤスデは一年一世代型の生活史を持ち、孵化後7回の脱皮を経て成体になる。本調査地では一年を通して成体が出現しており、成体の群遊の時期も4月及び10月以降の2期に分散し、冬季の間は産卵しないなど、既往の報告にはない生活環を示した。飼育試験では、成体や卵塊が5~10°Cの低温に曝された場合、生存率や繁殖能力、孵化率は低下するものの、その後の温度の上昇によってある程度回復することが示唆された。また餌としてみかんや茶の落葉を好む傾向にあり、本種の静岡市における分布状況と一致していたが、成体はスギや広葉樹の落葉も摂食するなど、嗜好に幅があることが確認された。本研究で得られた生態情報と、静岡県の気候や自然環境の地理分布とを重ね合わせた結果、県内では海沿いの広範囲でヤンバルトサカヤスデが生息可能であることが示唆された。</p> <p>全国各地に生息するヤンバルトサカヤスデの侵入経路や分布状況を把握する一助として、ミトコンドリア(mt)DNA配列型による分類を試みた。本研究で新規に解析したmtDNA配列情報を基に、チトクロームオキシダーゼI(CO I)遺伝子領域の一部である240塩基対に注目し、全国各地で採取した34地点334匹のヤスデを用いて解析した。その結果、6ヶ所で塩基置換による配列多型が観察され、これらの配列変異に基づき、4つのmtDNA型に分類できた。地域的にみると、ヤンバルトサカヤスデが最初に発見された沖縄県では、3地点で4つ全てのDNA型が検出されたのに対し、その他の都・県では単一のDNA型を示す地点が多かった。このことから、ヤンバルトサカヤスデは、多様なDNA型をもつ沖縄県から各地へ広まった可能性が示唆された。ただし静岡県内では、調査地点によって遺伝子タイプの組み合わせに様々なパターンがみられたため、地域内での分布拡大経路の解明には至らず、さらに多型の多い部分を解析する必要があると思われる。</p>					
キーワード FA	ヤンバルトサカヤスデ	外来種	ミトコンドリア DNA	配列多型	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}	投稿準備中							
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要 EZ

The outbreaks of an invasive millipede, *Chamberlinius hualienensis* Wang, 1956 (Diplopoda: Polydesmida), which is originally distributed in Hualien, Taiwan, have been observed in every early winter in Okinawa, Nansei-Shoto, Kagoshima and Hachijojima Island. The millipedes expand their distributions locally into Shikoku and Honshu. We investigated the ecological characteristics of the millipede population in Shizuoka, Honshu, and conducted genetic analysis to explore possible invasion pathways.

The life cycle of the population was different from those in Okinawa and Kagoshima; the adult millipedes were observed all year round, swarming in April and early winter. Although low temperature, 5-10 °C, kept adult survival rate, fertility and hatchability low, reproductive performance was restored with a rise in temperature. The adult millipedes tended to feed litter of orange and tea, but wide range of feeding preference was shown. These results suggest that the coast area in Shizuoka prefecture is suitable habitat for the millipede.

To evaluate genetic diversity and geographic relationship within the millipedes in Japan, we have attended to use mitochondrial (mt) DNA sequences. Our preliminary analysis led to the identification of the mt cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene region. A partial sequence of the COI region (240bp) was determined for 334 specimens of the millipedes collected from throughout Japan (34 areas). Six polymorphic sites exclusively caused by nucleotide substitutions defined 4 distinct haplotypes. All of these 4 haplotypes were detected in all of 3 areas examined in Okinawa prefecture where the millipedes was for the first time discovered in Japan, whereas each area in other prefectures had a single mtDNA haplotype. These data imply that the millipedes have been spread from Okinawa population with the greatest haplotype diversity. However, in Shizuoka prefecture, various patterns of combinations of the haplotypes were observed. Further sequence analyses for other mtDNA regions are needed to understand the process expanding distribution of the millipedes in the prefecture.