

ヒゲナガカワトビケラ属昆虫の分子系統地理学的研究 -源流域固有の新種「ヤマヒゲナガカワトビケラ」の発見-

°加藤 慎也（信州大院・工学系）・倉西 良一（千葉中央博）・東城 幸治（信州大・山岳研）

トビケラ（毛翅）目昆虫類は、世界から 46 科 約 12,000 種が記載され、このうち、日本からは 29 科 約 400 種が記録されている多様な分類群である (de Moor & Ivanov, 2008)。ほとんどのトビケラ種群は幼虫期を河川や湖池沼などの水中で過ごし、あらゆる淡水域に何れかの種群が棲息している。このトビケラ目の中で、ヒゲナガカワトビケラ科 *Stenopsychidae* は 3 属 約 90 種から構成される比較的小さな科である (Horzenthal *et al.*, 2007)。このヒゲナガカワトビケラ科は、ユーラシア大陸の極東域を除くと、基本的には南半球、そしてインド亜大陸域に分布するため、このような現在の分布からゴンドワナ大陸起源の種群であると考えられている (Weaver, 1987)。東アジア地域が分布の北端にあたり、かつ「ゴンドワナ起源のヒゲナガカワトビケラ種群がどのように分布域を北上させたのか」といった議論において、東アジア地域は本種群の系統進化・系統地理学上、たいへん興味深い地域と言える。

本研究では、日本を中心に、ロシア沿海州、樺太、韓国、台湾、中国、タイ、ミャンマーなどといったアジア地域のヒゲナガカワトビケラ科昆虫を対象に遺伝子解析を行うことで、これらの地域でのヒゲナガカワトビケラ科の種群がいかにして種分化・放散し、現在のような分布をもつに至ったのかを、生物地理学的な観点から追究することを目的としている。

東南アジア地域から 9 種のヒゲナガカワトビケラ類（ヒゲナガカワトビケラ *Stenopsyche marmorata*、チャバネヒゲナガカワトビケラ *S. sauteri*、シロアシヒゲナガカワトビケラ *S. pallens*、オキナワヒゲナガカワトビケラ *S. schmidi*、*S. bergeri*、*S. formosana*、*S. banksi*、*S. siamensis*、*Stenopsyche* sp.）をできる限り広域から採集し、mtDNA COI 領域での遺伝子解析を実施し、NJ 法、ML 法、MP 法により分岐図を作成した。得られた分岐図からは、アジア地域におけるヒゲナガカワトビケラ属内の遺伝的類縁関係が明らかとなった他、従来ヒゲナガカワトビケラとして扱われてきた種内において、遺伝的に大きく分化したクレードの存在が明らかとなった。このクレードに属する個体は、中部山岳地域をはじめとする山梨・福島・岐阜・兵庫県域の山地渓流域（山岳源流域）から採集されたものであることから、高標高地の低水温環境に適応しているのではないかと考え、「ヤマヒゲナガカワトビケラ（仮称）」と称して区別することとした。また、この「ヤマヒゲナガカワトビケラ」はフェロモンの 1 つとして種間や個体群間での分化がよく知られている体表炭化水素（CHC）組成のパターンや外部形態においてもヒゲナガカワトビケラとは異なるものであると評価された。また、生活史においてもヒゲナガカワトビケラとは異なる傾向がみられた。すなわち、新種「ヤマヒゲナガカワトビケラ」の存在の妥当性が、分子・形態・化学的形質といった多角的アプローチにより強く示唆されたと言える。

また、従来はオキナワヒゲナガカワトビケラであるとして扱われてきた、八重山諸島（西表島）の個体や奄美大島・徳之島の個体に関しても遺伝子解析や形態の再比較を行ったところ、オキナワヒゲナガカワトビケラや台湾産の *S. formosana* のいずれからも、それぞれが遺伝的に大きく分化したクレードを形成すること、繁殖に関わる交尾器形態などにも大きな相違点が認められ、八重山諸島産の個体、および奄美大島・徳之島の個体は、それぞれが独立種（新種）である可能性が示唆された。