

コオイムシ *Appasus* 属 2 種の系統地理学的研究

-山岳形成による遺伝子流動分断化の検討-

°鈴木 智也 (信大院・総合工学系)・谷澤 崇 (信大院・工学系)・東城 幸治 (信大・山岳研)

日本国内において、これまでに 2 亜科 3 属 5 種のコオイムシ科 Belostomatidae 昆虫が記録されている。このうち、タガメ亜科 Lethocerinae からは、タガメ *Lethocerus deyrolli* および台湾タガメ *Lethocerus indicus* の 1 属 2 種が記録されており、コオイムシ亜科 Belostomatinae からは、コオイムシ *Appasus japonicus*、オオコオイムシ *Appasus major*、そして台湾コオイムシ *Diplonychus rusticus* の 2 属 3 種が記録されている (林・宮本, 2005)。これらのコオイムシ科昆虫の種群は、環境省版レッドリストやいくつかの都道府県版レッドリストにおいて希少種として登載されている (e.g., 環境省自然環境局野生生物課, 2006)。しかしながら、学術的にも保全生物学的にも重要な分類群であるとされるコオイムシ科昆虫であるにもかかわらず、特にコオイムシ亜科昆虫は日本産コオイムシ科昆虫の中でも極めて分類が難解であると言える。

コオイムシやオオコオイムシとは別属にあたる台湾コオイムシについては、精子構造 (Lee and Lee, 1992) や触角の分節様式などの頭部形態形質 (Polhemus, 1995; 林・宮本, 2005) により識別が比較的容易であるほか、分布についても、日本国内における台湾コオイムシの記録は沖縄県 (八重山地域) のみであり、九州以北に生息する他のコオイムシ亜科種群とは分布域がオーバーラップしないことから、誤同定は少ないものと考えられる。しかしながら、本邦に広域分布するコオイムシとオオコオイムシの識別については、非常に難解である。

このような状況から、北海道・本州・四国・九州までの日本広域のコオイムシ類、さらには韓国産のコオイムシ類を採集し、形態的比較検討、および分子系統解析をおこなった。まず、コオイムシとオオコオイムシの種としての独立性についての検証したところ、形態の総合的評価でコオイムシとオオコオイムシとに識別された種間において、ミトコンドリア遺伝子 16S rRNA 領域 (432 bp)、COI 領域 (658 bp) および核遺伝子 Histone 3 領域 (328 bp) のいずれの塩基配列の比較からも、大きな遺伝的差異が認められた。さらに、韓国で採集されたコオイムシおよびオオコオイムシも追加して、形態学的研究、および分子系統地理学的研究をおこなった。

日本広域および韓国のコオイムシ (122 個体 / 64 地点) およびオオコオイムシ (56 個体 / 34 地点) について、ミトコンドリア遺伝子 COI 領域を解析した結果、コオイムシについては 3 つの主要クレードから、オオコオイムシについては 4 つの主要クレードから構成されることが明らかになった。さらに、分布域が広くオーバーラップし、同定が困難であるほどに形態が酷似し、かつニッチもかなり重複する同属の近縁な 2 種間において、それらの遺伝的構造は全く異なるものであることが私たちの研究から明らかとなった。これは、互いに異なる、対照的な進化史を経ながら、現在のような分布や形態、生態をもつに至ったことを示すたいへん興味深いものである。そして、遺伝的構造が大きく異なる種内クレードのうちのいくつかにおいては、山岳形成が遺伝的構造の分化 (i.e., 遺伝子流動の分断化) に大きく関与していることが示唆された。