

東アジア産コオイムシ類における進化生物学的研究 The evolutionary biological study of East Asian giant water bugs

○鈴木智也（信州大・院・総合工）、谷澤崇（信州大・院・工学系）、
東城幸治（信州大・理・生物、信州大・山岳研）

東アジア地域にはコオイムシ *Appasus japonicus* およびオオコオイムシ *Appasus major* という 2 種のコオイムシ属昆虫が生息しているが（林・宮本, 2005）、これら 2 種は、形態・棲息環境・分布のいずれも極めて類似あるいは重複しており（堀, 2001）、種間交雑が生じている可能性も示唆されているなど（星川, 2001）、種の識別が極めて難解である。本研究では、日本広域および朝鮮半島で採集したコオイムシおよびオオコオイムシについて、従来より同定に際して重要視されてきた形態形質の再検討を試みたほか、ミトコンドリア遺伝子 16S rRNA, COI 領域、核遺伝子 Histone 3 領域の塩基配列に基づき、各々の種としての独立性を検証した。

結果、①両種の識別において有効とされてきた各形態形質については、種間での重複があり、これらの形質を単独で使用することは問題が多いことを明らかにした。しかし、複数形質を確認することで誤同定のリスクを回避できること、②特に、最有用視されてきたオスの交尾器側葉片形態形質は、大陸産コオイムシ類も対象にする場合には適用に問題があること、③mtDNA の COI 領域における DNA バーコーディング法は極めて有効であることが示唆された（Suzuki *et al.*, 2013）。

さらに、コオイムシ属 2 種間における遺伝的構造および系統地理的パターンを比較するため、北海道から九州までの日本広域、韓国・中国およびロシアにおけるコオイムシおよびオオコオイムシを用いて遺伝子解析を行った。その結果、コオイムシについては韓国産の個体が単系統群を構成し、日本国内においても大きく 2 つの系統群から構成されることが明らかとなった。さらに、韓国系統と日本の九州地方などを含む系統が単系統群として評価され、日本産コオイムシは側系統の関係にある (*i.e.*, 非単系統群) と評価された。

一方、オオコオイムシについては、日本産および韓国・中国・ロシア産の個体がそれぞれ単系統群を構成し、日本国内のオオコオイムシは 3 つの系統群から構成される結果となった。

両種における系統解析結果を比較したところ、系統地理的な遺伝的構造は 2 種間で大きく異なることが明らかとなった。また、昆虫類において適用されるミトコンドリア遺伝子 COI および 16S rRNA 領域を結合させた際の塩基置換率 (100 万年あたり 2.39%) を当てはめ、分岐年代推定を試みた。それぞれの種内における各系統群間の分岐年代推定結果から、各種内における個体群の分断要因は、コオイムシでは、中国山地および冠山山地の山岳形成が関連していたことが示唆された一方で、オオコオイムシでは奥羽山脈および中部山岳域の山岳形成が関連していたことが示唆された。また、対馬海峡が遺伝的分化の要因となっていることは、両種で共通して認められた。さらに、系統群ごとにミスマッチ分布解析を行ったところ、コオイムシ種内における各系統は、いずれも安定維持型であると評価されたのに対し、オオコオイムシについては、いくつかの種内系統においてボトルネックが生じたことを示唆する結果が得られた。このように、形態や生態、ハビタットの選好性 (*i.e.*, 生態的ニッチ) は種内で酷似しており、かつ分布域も大きくオーバーラップしている同属の 2 種であるにもかかわらず、その遺伝的構造および系統地理的パターンには差異がみられることが、本研究において明らかとなった。これらの結果は、両種間における移動分散能力や過去の分散プロセスに差があることを示唆するものであると考えられる。