

山岳形成が起因する生物集団の分化
-コオイムシ類の遺伝子解析を例に-
 ○鈴木智也・東城幸治（信州大学山岳科学研究所）

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。コオイムシ類は河川のワンドや湖池沼などの止水域に生息する水生カメムシ目昆虫である。

本研究では、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列島広域およびアジア大陸（韓国・中国・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、ミトコンドリア遺伝子 COI および 16S rRNA 領域の遺伝子解析を行った。

その結果、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。一方、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。

また、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、両種に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。

さらに、東アジア産タイコウチ科昆虫についてもミトコンドリア遺伝子 COI および 16S rRNA 領域の遺伝子解析を行い、その遺伝的構造をコオイムシ類と比較した。タイコウチ科昆虫はコオイムシ類と同様に、河川のワンドや湖池沼などの止水域に生息する水生カメムシ類である。一方、タイコウチ科昆虫には飛翔能力が高く学校のプールにも頻繁に飛来することが知られているミズカマキリ *Ranatra chinensis* や、飛翔能力を完全に失っているヒメタイコウチ *Nepa hoffmanni* のなどがおり、これらの遺伝的構造は種レベルでの飛翔能力の違いを反映し、種間で大きく異なっていることが予想される。

分子系統解析の結果、ミズカマキリとヒメミズカマキリ *Ranatra unicolor* については日本産サンプルと韓国産サンプルとの間に大きな遺伝的分化は認められなかった一方で、タイコウチ *Laccotrephes japonensis* においては対馬・朝鮮半島の集団が単系統群を形成し、日本列島内の集団とは遺伝的に分化した結果となった。また、タイコウチ・ミズカマキリ・ヒメミズカマキリについては日本産個体群が韓国産個体群よりも祖先的である結果が得られており、コオイムシの系統解析結果と同様であった。これらの結果は、日本列島に棲息する多くの生物種群が大陸から日本列島内へ進入したとされる分散 (Downstream dispersal) の方向性とは逆に、複数の水生カメムシ類が日本列島から大陸へ分散 (Back dispersal) していったことを示すたいへん興味深い結果であると言える。