

山岳形成による移動分散の制限がもたらしたコオイムシ類の遺伝的構造

○鈴木智也 (信州大院・総合工), 北野 忠 (東海大・教養), 東城幸治 (信州大・理・生物)

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。両種は形態的に酷似しているほか、分布域についても東アジアの広範囲でオーバーラップしている。このため、種間交雑の可能性についても示唆されてきた (星川, 2001)。しかしながら、両種は遺伝的には大きく分化しており、種間交雑の可能性も低いことが、ミトコンドリア遺伝子 (COI, 16S rRNA 領域) および核遺伝子 (Histone 3 領域) を用いたこれまでの我々の研究で明らかとなってきた。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広域、韓国およびロシアにおいてコオイムシ (67 地点, 143 個体) およびオオコオイムシ (51 地点, 98 個体) を採集し、ミトコンドリア遺伝子 COI 領域 (658 bp)、および 16S rRNA 領域 (435 bp) の遺伝子解析を行った。

系統解析の結果、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・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は、個体群の分断要因と考えられる海峡や山脈の形成時期といった地史と深く関連していることが示唆された。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。