

# オオシマトビケラ（トビケラ目：シマトビケラ科）のミトコンドリア DNA COI 遺伝子の部分配列に基づく分子系統解析—日本と韓国における遺伝的分化について—

大平 創（福島大学大学院・共生システム理工学研究科）

オオシマトビケラ *Macrostemum radiatum* (McLachlan) はシマトビケラ科に属するトビケラで、日本、韓国、ロシアに分布する。日本国内における本種の分布域は東北—九州であるが、西日本では連続的に分布するのに対して、東日本では非連続的に分布している。本種の日本国内における遺伝的多様性は、他の水生昆虫に比べて低い傾向にあるとする結果が示唆されている。しかしながら、この遺伝的多様性の低さは日本国内に限るのか、あるいは種全体として遺伝的多様性が低いのかは不明である。そこで筆者は、日本産と韓国産オオシマトビケラのミトコンドリア DNA COI 遺伝子の部分配列を比較し、本種の遺伝的多様性が種レベルで低いかどうかを検討し、さらには本種の進化史についても考察した。

日本の宮城県、福島県、茨城県、京都府、滋賀県、三重県、島根県、広島県、愛媛県、徳島県、そして韓国から採集された計 51 個体の標本を用いて、ミトコンドリア DNA COI 遺伝子の部分配列を決定し、327 bp 中に 1—14 塩基座の置換によって識別される計 7 つのハプロタイプを検出した（表）。日本産の標本から検出された Haplotype 1—6 間では 1—6 塩基座で置換が見られ、これらと韓国産の標本から検出された Haplotype 7 間では 9—12 塩基座で置換が見られた。またデータ・バンクから取得した中国産の *M. fastosum* (Walker) の塩基配列と上記 7 つのハプロタイプの塩基配列を比較したところ、61—64 塩基座で置換が認められた。検出ハプロタイプおよび *M. fastosum* の塩基配列に基づくハプロタイプ・ネットワークおよび UPGMA 樹を構築した（図）。オオシマトビケラは単系統群となり、韓国産の標本から検出された Haplotype 7 が最も祖先的な位置付けとなった。また、日本産の標本から検出された Haplotype 1—6 においては、Haplotype 3 および 6 がより祖先的な位置付けとなった。また、昆虫のミトコンドリア DNA COI 遺伝子の一般的な分子時計（3.59%/My）に基づき、日本—韓国間の分岐年代推定を実施したところ、1.69—0.63 Mya（95%信頼区間）となった。

オオシマトビケラのミトコンドリア DNA COI 遺伝子の部分配列において、日本と韓国では検出されたハプロタイプが異なり、日本国内における遺伝的差異よりも日本—韓国間の差異の方が大きかった（表）。このことは、オオシマトビケラは必ずしも種レベルで遺伝的多様性が低いわけではないことを示唆すると思われる。また、韓国は 3 地点 4 個体から 1 種類のハプロタイプ（Haplotype 7）しか検出されなかったが、京都府では 5 地点 7 個体から 3 種類のハプロタイプ（Haplotype 1, 3, 4）が検出された（表）。韓国の個体群の方が遺伝的多様性が低いことを示すような結果であるが、これは韓国産の解析標本数が少ないことに起因する可能性がある。各ハプロタイプの関係を見ると、韓国が最も祖先的な位置付けとなり、日本国内では西日本側がより祖先的、東日本がより派生的な位置付けとなった（図）。日本—韓国間の分岐年代推定値（1.69—0.63 Mya, 図）は、対馬海峡（日本と韓国の分断）が成立したとされる約 1.55 Mya（中期更新世）と概ね一致した。これらのことは、日本のオオシマトビケラ個体群は、韓国の個体群と分岐した後、西日本から東日本へ向けて分布を拡大した可能性があることを示唆するものと考えられる。日本国内において本種個体群の遺伝的多様性が他の水生昆虫よりも低い傾向にあるのは、比較的最近（中期更新世以降）に分布を拡大したためかもしれない。この点は、ミトコンドリア DNA COI 遺伝子よりも多型の検出感度の高い分子マーカーを用いた調査、研究によって詳細を明らかにする必要がある。

