

Taxonomic Study of the Family Nitidulidae (Coleoptera) in Japan: Focusing on the Revision of the Genus *Cryptarcha* Shuckard through an Integrative Approach

伊藤, 直哉

<https://hdl.handle.net/2324/7363903>

出版情報 : Kyushu University, 2024, 博士 (理学), 課程博士
バージョン :
権利関係 :



氏 名 : 伊藤 直哉

論 文 名 : Taxonomic Study of the Family Nitidulidae (Coleoptera) in Japan: Focusing on the Revision of the Genus *Cryptarcha* Shuckard through an Integrative Approach
(日本産ケシキスイ科 (甲虫目) の分類学的研究: 特に統合的アプローチによるコオニケシキスイ属の再検討)

区 分 : 甲

論 文 内 容 の 要 旨

ケシキスイ科 (甲虫目ケシキスイ上科) は生物界最大の分類群である甲虫目において、特に多様なニッチを占める分類群の一つである。本科はこれまでに世界から約 4500 種が記載され、その内日本からは 207 種が記録されている。しかし、日本産ケシキスイ科の多様性に関する研究は伝統的な形態学的手法に基づく種の記載に限られ、その多様性は未だ十分に解明されているとは言えない。本科の多様性に関する理解を深めるためには、形態情報に加え分子データの活用など他の手法も取り入れた分類学的研究が不可欠である。本論文では、隠蔽種が存在が示唆され、特に分類学的に混乱が著しいコオニケシキスイ属 *Cryptarcha* を中心に、形態学解析のみならず分子系統解析や交配実験による生殖隔離の検証を組み合わせた統合的アプローチによる分類学的再検討を試みた。

第 1 章では、日本産コオニケシキスイ属の形態に基づく分類学的再検討を行った。ここでは成虫のみならず蛹や幼虫も含めた各生育ステージにおける形態形質を網羅的に精査した。その結果、成虫においては、これまで分類形質として重要視されてきたオス交尾器形態や上翅の斑紋形状だけでなく、発音器形態や上翅の表面構造、メスの後脛節の形状など、新たに種の識別に有用な形質を発見した。また、蛹においては後頭部や前胸、腹部背板に生じる突起の長さや数、腹部末端の尾突起の形状などが、幼虫においては、胸部と腹部の背板に生じる小突起の数、体背面における紋のパターン、尾突起の形状などが種の識別に有用であることを新たに見出した。これら新たな分類形質の発見によって、*C. inhalita* に酷似する新種 (*C. inhalitoides* sp. nov.) を記載することができた。加えて、*C. strigata* および *C. okinawensis* とオス交尾器を含む形態が酷似する 5 新種 (*C. ovatomaculata* sp. nov., *C. pseudostrigata* sp. nov., *C. splendens* sp. nov., *C. tsushimaensis* sp. nov., *C. yaeyamaensis* sp. nov.) を記載するとともに、これら 7 種を新たに *C. strigata* 種群として定義した。さらに、*C. maculata* の下位同物異名とされていた *C. longipenis* を復活させた。これらの分類学的再検討によって、日本産本属を以下の 13 種に整理した: *C. inhalita*, *C. inhalitoides* sp. nov., *C. kapfereri*, *C. lewisii*, *C. longipenis* stat. rev., *C. maculata*, *C. strigata* 種群 (*C. strigata*, *C. okinawensis*, *C. ovatomaculata* sp. nov., *C. pseudostrigata* sp. nov., *C. splendens* sp. nov., *C. tsushimaensis* sp. nov., *C. yaeyamaensis* sp. nov.)。

第 2 章では、形態に基づき定義された 13 種の系統関係を明らかにするため、441 サンプルについてミトコンドリア DNA (COI+16SrRNA) および核 DNA (28SrRNA) を用いて系統解析を行った。その結果、形態種に対応する 13 クレードに分かれ、さらに形態的に類似する *C. inhalita* と *C. inhalitoides*, および *C. strigata* 種群の単系統性が強く支持された。一方で、*C. strigata* 種群に属する *C. strigata* と *C. pseudostrigata* の間では、一部のサンプルでミトコンドリアと核の解析結果で系統的

な不一致が観察され、これらの種間で交雑による遺伝子浸透が生じていることが示唆された。また、*C. kapfereri*, *C. okinawensis*, *C. strigata*, *C. pseudostrigata* の各種では、COI で 3%以上の比較的深い分岐を示す系統群が種内に存在する可能性が示された。

第 3 章では、形態的に酷似する近縁種間、および琉球列島内で異所的に分布し系統間の識別が容易な *C. okinawensis* の種内系統間で交配実験を通じた生殖隔離の検証を行った。種間における生殖隔離の検証では、*C. inhalita* と *C. inhalitoides* の種間や *C. strigata* 種群の種間で交配実験を実施し、配偶行動や産卵数、ふ化率のデータを基に生殖隔離の程度やパターンを解析した。その結果、同種のペアだけが繁殖に成功し、全ての異種ペアでは交尾前または交尾後の隔離によって次世代を残せないことが確認された。このことから、形態学的な差異の小さい種においてもそれぞれを独立種として扱うことの正当性を客観的に示すことができた。また、生殖隔離が成立した種間における COI に基づく遺伝距離 (p -距離) の最小値は 6.9%であることが明らかとなった。このことから、この p -距離が本属において生殖隔離の成立に必要な遺伝的分化の指標となる可能性が示された。一方で、3.9%の p -距離を示す *C. okinawensis* の種内系統間で交配実験を行った結果、同系統のペアと異系統のペアで産卵数とふ化率に有意差は認められなかった。既往の研究において 3%程度の p -距離で隠蔽種が認められた例がある中で、本属ではこの程度の遺伝的な分化では生殖隔離の成立には至らないことが示唆され、単なる遺伝的な距離に基づく見解だけでなく生殖隔離の検証を含む統合的なアプローチが種多様性の解明に重要であることが示された。これらの知見を総合的に検討することで、日本産コオニケシスイ属は 13 種に分類されることが裏付けられた。

第 4 章では、琉球列島から著者がこれまでに新種記載した *Urophorus (Anophorus) cordiformis* や日本から新たに記録した *Raspinotus* 属および *Epuraea (Epuraea) sperlata* を再録し、琉球列島におけるケシスイ科の多様性について考察した。琉球列島はこれまで本科に関する研究が乏しい地域であり、上記の分類群以外にも多くの未記載種や未記録種、再検討が必要な種が存在する。この状況から本地域は日本産本科の多様性を明らかにする上で重要な地域であることが強く示唆された。本研究全体を通じ、最終的に日本産ケシスイ科は 9 亜科 52 属 215 種となることを明らかにした。

本研究では多角的手法から分類学的再検討を行い、従来の手法では見過ごされていた隠れた種の多様性を明らかにした。この成果は、分類学研究における統合的アプローチの重要性を示すとともに、種の区分をより厳密に行うための新たな手法を提供するものであると言え、今後ケシスイ科のみならず、昆虫類の多様性解明を促進する基盤になると期待される。