九州大学学術情報リポジトリ
Kyushu University Institutional Repository

Systematics and Evolution of the Myrmecophilous Homoeusa Genus Complex (Coleoptera: Staphylinidae: Aleocharinae)

野崎, 翼

https://hdl.handle.net/2324/7443506

出版情報：Kyushu University, 2025, 博士（農学）, 課程博士
バージョン：
権利関係：Public access to the fulltext file is restricted for unavoidable reason (2)

KYUSHU UNIVERSITY

（様式３）

氏　　名　：野崎　翼

論 文 名　：Systematics and Evolution of the Myrmecophilous *Homoeusa* Genus Complex (Coleoptera: Staphylinidae: Aleocharinae)
（好蟻性ヒラタアリヤドリ属群（甲虫目：ハネカクシ科：ヒゲブトハネカクシ亜科）の分類と進化）

区　　分　：甲

論 文 内 容 の 要 旨

アリのコロニーには、多種多様な利用者（好蟻性生物）が存在し、特殊な生物間相互作用の研究材料として注目されている。アリに依存した生活様式は、様々な系統群で繰り返し独立に進化してきたとされる。なかでもハネカクシ科ヒゲブトハネカクシ亜科では、この生活様式が 40 回以上にわたって独立に獲得してきたとされ（Parker 2016）、繰り返し起きた収斂進化の背景にある前適応的性質や遺伝基盤等についての研究も進められている（Narragon et al. 2022）。好蟻性獲得後の進化についても、一定の共通性や法則性が存在することが予想されるが、好蟻性系統における進化パターンに関する研究は、DNA サンプルや生態情報の収集の困難さから一部の分類群に限られている現状がある。また、それらの種多様化を促進しうる重要な要因として、寄主転換が挙げられている（Hlaváč et al. 2021）が、寄主転換によって駆動された種分化の詳細な過程が示された例はほとんど存在しない。

本研究では、こういった問題に洞察を与えうる研究材料として、好蟻性ハネカクシの一群であるヒラタアリヤドリ属群 *Homoeusa* genus complex（Maruyama 2009, 以下 HGC）に着目した。本属群は、比較的種多様性の概要を把握しやすい全北区地域に分布すること、グループ内の全種が好蟻性種で、各種が高い寄主特異性を持つと予想されることから、寄主転換をはじめとした好蟻性獲得後の進化パターンを研究するための理想的な研究材料である。本属群の進化パターンを理解するため、本論文の各章に対応する４つの段階と目的を設定した。(1) 全北区における種多様性の全貌を把握し、各種の生態情報について整理する。(2) 分子系統学的手法によって、本属群の単系統性を確認し、全体の系統関係と進化史を再構築するとともに、属分類体形の再検討および形態による種分類の妥当性を検証する。(3) 寄主転換を伴う種分化が現実的に起こりうるのかを集団遺伝学的手法による解析により検証する。(4) 上記の結果を総合して、本属群の種多様化要因を考察すること。

第１章では、九州大学総合研究博物館の収蔵標本を中心に、6 ヵ国 21 施設に所蔵された標本および個人所蔵標本を材料として形態形質の詳細な検討を行った。その結果、18 新種を含む合計 6 属 40 種が確認された。ここには、HGC としてこれまで近縁関係に言及がなかった 3 属を含んでいる。また、寄主アリの整理によって、ケアリ属を寄主とする種では、1 種の例外を除き、寄主範囲がケアリ属の 1 種群に収まることが示された。

第 2 章では、全北区の 6 カ国から全種数の 70%にあたる 28 種（全種数の約 70%）の DNA サンプルを収集し、最尤法およびベイズ法による系統推定、分岐年代推定、寄主アリ - 共生者関係の進化史推定のための cophylogeny 解析および祖先形質復元を実施した。その結果、5 属を含む HGC の単系統性が確認され、ヤマアリ亜科 Formicinae のケアリ属 *Lasius* だけではなく、一部の種では

カタアリ亜科 Dolichoderinae のツヤハダアリ属 *Liometopum* を寄主とすることが明らかになった。HGC の初期の多様化にはケアリ属の多様化が関与しており、中新世後期以降ではケアリ属内の種群レベルの寄主転換が繰り返されており、その背景にはケアリ種間の一時的社会寄生が関連している可能性が示唆された。また、既存の属の識別に用いられていた形態形質は同形形質やごく一部の種の固有派生形質であることが判明し、5 属を *Homoeusa* の新参異名とする分類学的処置を提案した。さらに、21 種中 18 種で形態種の単系統性が支持され、第 1 章の形態にもとづく種分類の妥当性がおおむね示唆された。

第 3 章では、ヒラタアリヤドリ種群 *Homoeusa prolongata* complex を材料に約 150 個体からミトコンドリア 16S 領域とゲノムワイド SNPs を用いた集団遺伝学的解析によって、寄主転換を伴う生態的種分化が好蟻性ハネカクシではじめて検討された。クラスタリング解析や遺伝子流動解析の結果は寄主転換に伴う生態的種分化を支持するパターンだった。また、寄主転換を起こした形態種の多系統性が示され、平行進化または集団間の混合などの複雑な進化過程を経験している可能性が示唆された。

第 4 章では、ここまでの結果を総括して、HGC の種多様化要因に関して議論を行った。シラミ類などの体表寄生者などで多くみられる寄主の種分化と同期した共種分化（Light and Hafner 2007）は、HGC 内ではほとんど見られなかったが、一方で寄主転換はより多く繰り返されたことが示された。また、HGC の新北区産種が 2 系統存在することや近縁種間で重複のない地理的分布範囲を示す例やは、地理的障壁が種分化に果たした影響の大きさを示唆している。総合すると、主要な寄主であるケアリ属における多様化を背景として、種群レベルの寄主転換と地理的障壁が組み合わさり、全体の種多様性を形成したと結論付けられる。