

# 18S rDNA の2次構造に基づくアライメントで明らかになった ジュズヒゲムシの系統的位置と特異的な分子進化

(昆虫分類学若手懇談会シンポジウム「直翅系昆虫の系統と進化」イントロダクション)

○吉澤和徳 (北海道大学大学院農学研究科昆虫体系学教室), Kevin P. Johnson (Illinois Natural History Survey, USA)

絶翅目 (ジュズヒゲムシ Zoraptera) は、32既知種から構成される最も小さい昆虫の目の一つである。絶翅目の系統的位置には諸説あり、形態からは、準新翅類 Paraneoptera, 網翅類 Dictyoptera, 紡脚目 Embioptera のいずれかに近縁であると考えられている。分子に基づく絶翅目の系統的位置づけは、全昆虫の目間の系統推定を行った Wheeler ら (2001: Cladistics) によってはじめて示された。彼らによる 18S, 28S, 形態データの同時解析からは、現在の分類体系との整合性の高い高次系統が推定され、そのなかで絶翅目は網翅類の姉妹群に位置づけられた。一方 18S のみの解析では、極めて信頼性の低い結果しか得られていない (例えば内顎綱の双尾目 Diplura が、完全変態群の撚翅目 Strepsiptera の姉妹群に位置づけられるなど)。Kjer (2004: Syst. Biol.) は Wheeler らが行った解析法 (形態と分子データの direct optimization) を批判し、2次構造の相同性に基づいてアライメントした 18S データを用いて、昆虫 (主に不完全変態昆虫) の高次系統推定を行った。その結果得られた系統樹は、現在認められている高次分類体系とほぼ完全に一致し、アライメント法の改善により 18S 単独でも妥当な系統仮説を導出できる事を示した。一方 Kjer はアライメントの過程で、18S の極めて保守的な領域において、絶翅目 (*Z. snyderi*) と他の昆虫との塩基配列が一致せず、その配列がむしろダニ類と一致する事を見いだした。この事から Kjer は、*Z. snyderi* の 18S とされる塩基配列は、ダニ DNA の混入であると結論し、絶翅目を解析から除外した。以上のように、絶翅目の系統的位置の分子からの検討は極めて不十分で、さらに絶翅目の真の塩基配列が得られていない可能性すらあるなど、問題が多い。そこで本研究では、マレーシア、ベトナム、北米で採集した絶翅目の 18S 塩基配列とその2次構造を決定し、2次構造の相同性に基づきそれらを他の昆虫の配列にアライメントした。このデータに基づく最尤およびベイズ推定の結果は、絶翅類と網翅類の近縁性を支持した。また新たに得られた配列は、*Z. snyderi* の部分配列と良く一致し、ダニと絶翅目の部分配列の一致は、ホモプラシーである事も分かった。さらに、絶翅目の 18S は、次のような特異な進化傾向を示す事も明らかになった: ①塩基置換速度が極めて速い; ②2次構造が一部変化している; ③大規模な挿入が認められる。本講演ではこれらに加え、解析の中で明らかとなった、直翅系昆虫の高次系統関係の問題点と今後の展望についても議論する。