

トンボの進化過程と分岐年代を分子系統解析により解明

トンボ類は私たちにもっとも身近な昆虫の一つです。水生の幼虫（ヤゴ）、成虫ともに、昆虫などの小さな動物を捕食する肉食性昆虫です。系統学的には、昆虫類のほとんどを占める翅（はね）を獲得した昆虫「有翅昆虫類」の中で、最初に現われた系統群である「旧翅類」の一群に属します。

トンボ目として、現在 6,400 種ほどが知られていますが、多くの形態学的研究、分子系統学的研究にもかかわらず、その進化について、系統の分岐や年代などは、よく分かっていませんでした。

本研究では、世界 6 カ国、11 研究機関の研究者 18 名が共同で、105 種のトンボの約 3,000 の遺伝子についてトランスクリプトーム解析を行い、信頼度の高い系統関係を見いだしました。また、化石証拠を用いて、精度の高い主要群の分岐年代を導きました。

その結果、現生のトンボ目に至る系譜は、古生代石炭紀～二畳紀（約 3 億年前）に現れ、トンボ目の二大群である均翅亜目（イトトンボ類）と不均翅亜目（ヤンマ類、サナエトンボ類、トンボ類）の放散は、三畳紀（～約 2 億年前）から起こったことなどが明らかになりました。

また、トンボ目の出現以降、系統樹に分岐が見られない、長い空白時期が何回かあることが分かり、過去に、数多くの系統が出現・繁栄したものの、現生のトンボ類につながらずに絶滅した可能性が示唆されました。

研究代表者

筑波大学生命環境系／山岳科学センター菅平高原実験所

町田 龍一郎 客員研究員

研究の背景

トンボ類は私たちにもっとも身近な、文化を超えて愛されてきた昆虫です。ヤゴと呼ばれる幼虫は水生で、成虫とともに昆虫などの小さな動物を捕食する肉食性昆虫です。また、昆虫類のほとんどを占める翅を獲得した昆虫「有翅昆虫類」の中で、最初に現われた系統群「旧翅類」の一群に属します。

トンボ目としては、現在 6,400 種ほどが世界から知られていて、均翅亜目^{注1)}、不均翅亜目^{注2)}、ムカシトンボ亜目^{注3)}の 3 亜目に分けられます。身近な昆虫のトンボ類ですが、多くの形態学的研究、分子系統学的研究にもかかわらず、その進化については、系統の分岐や年代などは、よく分らないままでした。

研究内容と成果

本研究では、世界 6 カ国、11 研究機関の研究者 18 名が共同で、105 種のトンボ（うち 29 種は日本から提供）の 2,980 の遺伝子についてトランスクリプトーム解析^{注4)}を行い、ほぼすべての科の系統関係を明らかにし、信頼度の高い系統関係を見いだしました。

これにより、均翅亜目、不均翅亜目はともに単系統群^{注5)}であること（ムカシトンボ亜目は 1 科 1 属であるので単系統群）が分かりました。これまで両亜目のいくつかの科の単系統性に関しては疑義がありましたが、均翅亜目についてはすべての科、不均翅亜目についてもほとんどすべての科について単系統性が確認されました。

また、信頼できる多くの化石証拠^{注6)}を用いて、精度の高い主要群の分岐年代を導きました。その結果、現生のトンボ目に至る系譜は古生代石炭紀～ペルム紀（約 3 億年前）に現れ、均翅亜目と不均翅亜目の放散は三畳紀（約 2 億年前）の時期から起こったことなどが分かりました。また、トンボ目の出現以降、現生に至る分岐の出現が系統樹に現われない、いくつかの長い空白期があることが明らかになり、過去に、多くの系統が出現・繁栄したものの、現生のトンボ類につながらずに絶滅したことが推測されました。

トンボ目の生態、行動、形態などについても興味深いことが分かってきました。例えば、産卵行動です。トンボ目で原始的なグループであると確認された均翅亜目、ムカシトンボ亜目は植物組織内産卵（産卵管を植物の茎などに突き刺して産卵する）を行います。一方、不均翅亜目のほとんどのグループは卵を水面にばらまき産卵します。これまでヤンマ科は、不均翅亜目内で比較的進んだグループであるとされてきたため、これが植物組織内産卵を行うことに対して、適切な説明ができていませんでしたが、今回、ヤンマ科は不均翅亜目で最も祖先的な系統であることが判明し、産卵行動の理由も解明されました。

本研究は、昆虫類全体の系統進化を明らかにしようとする国際研究プロジェクト、「1000 種昆虫トランスクリプトーム進化プロジェクト (1KITE)」^{注7)}のサブプロジェクトの一つ、「トンボ目サブプロジェクト」における成果です。

今後の展開

本研究は、これまでの分子系統学的研究と比較して格段に多くの種、遺伝情報を解析することで、トンボ目の系統進化を解明しました。しかし、ムカシヤンマ科に近い入手困難な 2 科を材料に含めることができませんでした。これらの科も含め、より多くの種群の解析を進めることで、トンボ目の系統進化の洞察をさらに深め、明らかになったトンボ目の系統進化の道筋に沿って、トンボ目の形態、行動、生態などの生物学的側面を議論していきます。そして、種数で動物の 75% を占めるほどの大繁栄を遂げてきた昆虫類、その初期進化のイメージを描き上げたいと思います。

参考図

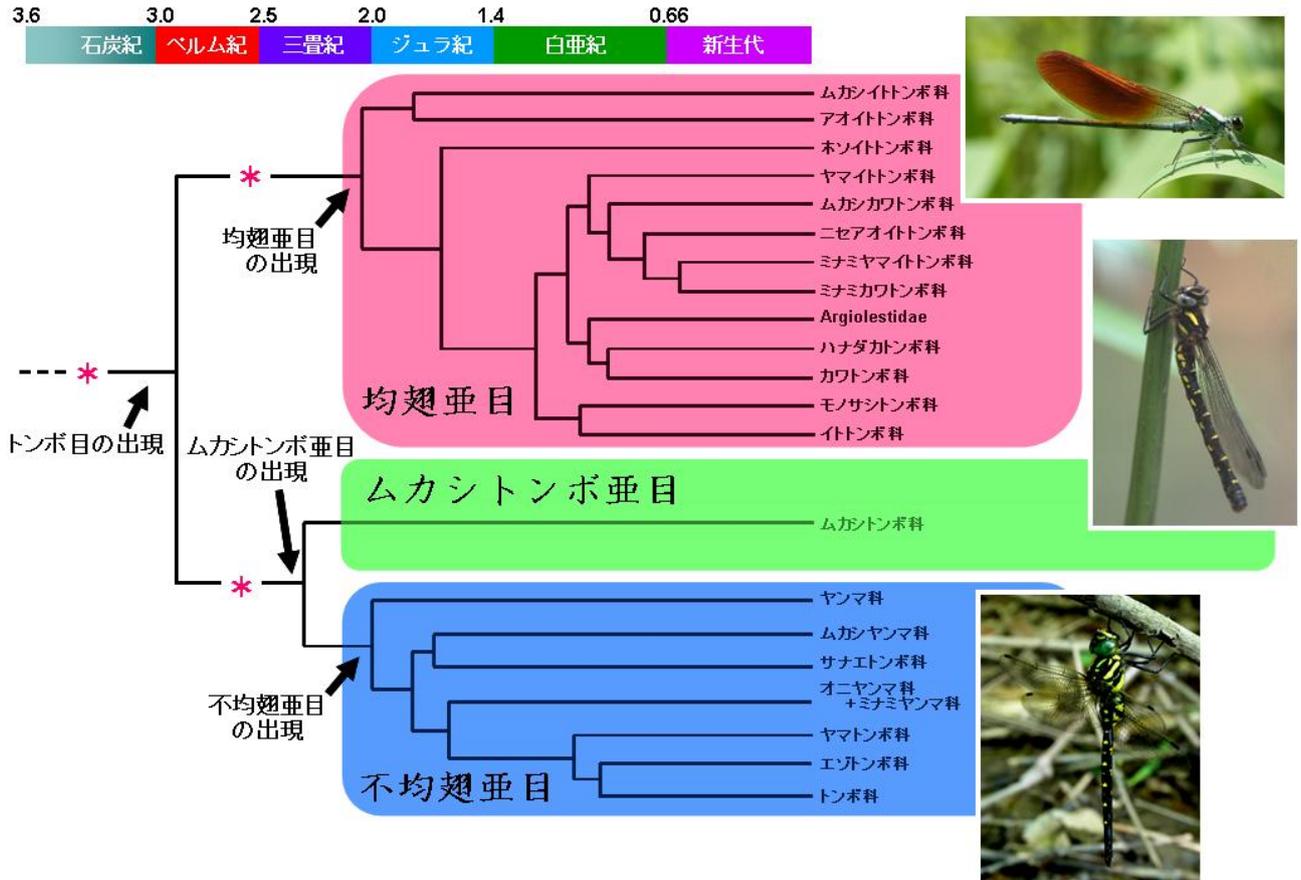


図 本研究で明らかになったトンボ目の科間の類縁と分岐年代

系統樹上に、分岐が検出されない長い空白期間（例えば*で示した箇所）が認められた。これは、分岐が起こらなかったのではなく、新たな系統は出現したが絶滅したと考えられる。数字は絶対年代（億年前）。（写真提供：武藤将道 日本学術振興会特別研究員 PD）

用語解説

注1) 均翅亜目

世界から約 3,300 種が知られるイトトンボやカワトンボなどの仲間。体は細く、前後の翅は形が似ている。静止時は翅を体の背方に閉じる。

注2) 不均翅亜目

普通のトンボやヤンマの仲間、世界から 3,000 種ほどが知られる。体は頑丈で、後翅が幅ひろく前後の翅の形が異なる。静止時は翅を広げる。

注3) ムカシトンボ亜目

ムカシトンボ亜目は世界で 3 種のみが知られるトンボ目の 1 亜目で、本研究では日本固有種であるムカシトンボが解析に用いられた。翅の形や閉じ方は均翅亜目的、体の特徴は不均翅亜目的という、両方の特徴を併せ持つ。

注4) トランスクリプトーム解析

細胞内の全転写産物（すべての RNA）を「トランスクリプトーム」と呼び、これを網羅的に解析することにより、信頼度の高い分子系統解析ができる。

注5) 単系統群

単一の祖先に由来するすべての種群を含んだ系統群。

注6) 化石証拠

分子の進化速度のみでは正しい絶対年代は求められない。そこで、正確に年代が分かっている所属が特定された化石（化石証拠）を系統樹上に載せることで、分岐の年代を決めていく（キャリブレーション）。

注7) 1000種昆虫トランスクリプトーム進化プロジェクト(1K Insect Transcriptome Evolution: 1KITE)

世界13カ国・地域, 32研究機関からの約100人からなる国際研究プロジェクトで、これまで議論が絶えなかった昆虫の系統進化について、大規模トランスクリプトーム解析からの決着を目指している (<https://www.1kite.org/index.html>)。

研究資金

本研究は、NSF 補助金 (Nos. 1564386, 1453147)、ドイツ研究基金 (DFG: NI 1387/1-1)、科学研究費補助金 (21570089) などの補助を受けて行われました。

掲載論文

【題名】 Evolutionary history and divergence times of Odonata (dragonflies and damselflies) revealed through transcriptomics

(トンボの進化の歴史と分岐年代を分子系統解析が明らかにした)

【著者名】 M. Kohli, H. Letsch, C. Greve, O. Béthoux, I. Deregnaucourt, S. Liu, X. Zhou, A. Donath, C. Mayer, L. Podsiadlowski, S. Gunkel, R. Machida, O. Niehuis, J. Rust, T. Wappler, X. YU, B. Misof, J. Ware

【掲載誌】 iScience

【掲載日】 2021年10月21日

【DOI】 10.1016/j.isci.2021.103324

問合わせ先

【研究に関すること】

町田 龍一郎 (まちだ りゅういちろう)

筑波大学生命環境系/山岳科学センター菅平高原実験所 客員研究員

URL: <https://www.sugadaira.tsukuba.ac.jp/machida/mushi.html>

【取材・報道に関すること】

筑波大学広報室

TEL: 029-853-2040

E-mail: kohositu@un.tsukuba.ac.jp