

海を越えても共通だった小型蛾類の食性進化パターン

～日本固有の新種の存在も明らかに～

ポイント

- ・蛾類「ニセキンホソガ属」で何度も起きた特定の食性進化パターンを、種間の系統関係から解明。
- ・日本固有の新種「トチニセキンホソガ」を発見し、種内の特異な遺伝構造を解明。
- ・昆虫と植物の複雑な進化的関係の理解深化に貢献。

概要

北海道大学大学院農学院博士後期課程 1 年の澤田昌恭氏、同大学大学院農学研究院の吉澤和徳教授、京都府立大学大学院生命環境科学研究科の大島一正教授らの研究グループは、新種トチニセキンホソガを含む近縁な蛾類昆虫の間で繰り返し起きた餌植物利用パターンの進化を明らかにしました。

ニセキンホソガ属蛾類の幼虫は種ごとに異なる餌植物を利用しますが、カエデを利用する種及びトチノキを利用する種の存在が北半球から複数知られていました。本研究では、それらの種の詳細な系統関係^{*1}を初めて明らかにし、ニセキンホソガ属の進化過程で餌植物がどのように変更されてきたかを検討しました。その結果、各トチノキ利用種はそれぞれ異なるカエデ利用種と最も近縁なことが判明し、ニセキンホソガ属において餌植物をカエデからトチノキ、あるいはその逆順で変更する進化が少なくとも 3 回起きたことが分かりました。さらに、そのような餌植物の進化的変化は、北アメリカで 1 回、ヨーロッパ～アジアで 2 回生じたことが示唆されました。また、日本のトチノキを利用するトチニセキンホソガ *Cameraria serena* Sawada & Ohshima を新種として発表しました（和名新称）。集団遺伝学的解析の結果、植物を食べる昆虫としては珍しく、本種が餌植物（トチノキ）と全く異なる地理的・遺伝的構造を持つことが明らかになりました。

これらの結果は、植食性昆虫の餌植物の変更が無秩序ではなく一定の傾向で起こることを意味し、進化の法則性という究極的な問いの解明に繋がるものです。また、種間と種内の両方の検討によって植食性昆虫の複雑な進化的背景の理解が深まることを強調しています。

なお、本研究結果は、2025 年 12 月 1 日（月）公開の Biological Journal of the Linnean Society 誌にオンライン掲載されました。



トチニセキンホソガ（新種）の成虫



幼虫がトチノキの葉の内部に潜っている様子

【背景】

植物を餌とする昆虫（＝植食性昆虫）は非常に種数が多く、名前が付けられている生物種のおよそ 1/4 を占めています。その圧倒的な種多様化の原動力は、主に寄主転換（＝餌植物の変更）で説明されます。寄主転換によって種の多様化が起きる背景には、ほとんどの昆虫はそれぞれごく限られた植物種しか餌にできない、という重要な性質があります。そのため植食性昆虫は、進化の過程で餌植物を切り替え、餌植物の違いにより生殖隔離^{*2} を起こし、別の種へと分かれることで、現在のような種多様性を獲得したと考えられます。では、どのような植物に対しても昆虫は寄主転換を起こして、自由に餌植物を変更できるのでしょうか？実際には様々な制約の結果、昆虫が利用できる植物資源は限定され、寄主転換の方向は潜在的に狭まっている可能性があります。植物には非常に多くの種があるために無数の寄主転換パターンが想定されますが、もし特定の植物の間で何度も寄主転換が生じていた場合、寄主転換は決して自由自在に生じるのではなく規則性をもつと言えるでしょう。そこで研究グループは、植食性昆虫である葉潜り蛾^{*3} の一群、ニセキンホソガ属（鱗翅目：ホソガ科）に注目し、その寄主転換パターンを調べました。ニセキンホソガ属には、カエデ属植物（ムクロジ科）を利用する種が 6 種、トチノキ属植物（ムクロジ科）を利用する種が 3 種含まれています。これらの種の系統関係を調べることで、カエデー トチノキ間での寄主転換が何回起きたのか、寄主転換には法則性があるのかを検証することができます。

また、寄主転換の歴史は、昆虫と寄主植物の遺伝構造の違いとして現れるかもしれません。植食性昆虫と寄主植物は密接な関係のなかで進化してきたため、互いの遺伝構造が似ると言われています。しかし、既に存在していた植物種に対して昆虫が比較的最近寄主転換を行ったとすれば、両者の進化的関係は浅く、遺伝構造が類似するまでには至らないとも考えられます。そこで研究グループは、日本のトチノキを利用する新種のニセキンホソガに着目し、餌植物であるトチノキの遺伝構造と比較しました。

【研究手法】

ニセキンホソガ属に属する 18 種の系統関係を、3 個の遺伝子領域に基づく情報から推定しました（＝系統解析）。得られた系統関係を基に、各種の祖先がどのような寄主植物を利用していたのかを統計的に推定しました（＝祖先形質復元）。また、日本のトチノキを利用するニセキンホソガ属の一種について、形態、生態及び DNA 情報から分類学的に検討しました。さらに、同種の遺伝構造をミトコンドリアオーバーコーディング領域という遺伝子領域に基づいて解析しました。

【研究成果】

①食草利用の進化史の解明

ニセキンホソガ属を対象とした系統解析の結果、各トチノキ利用種はそれぞれ異なるカエデ利用種と最も近縁であることが明らかになりました（図 1）。続く祖先形質復元では、カエデー トチノキ間での寄主転換が少なくとも 3 回起きたことが示唆されました。また、各種の生息域（図 2）を考慮すると、そのような寄主転換は北アメリカで 1 回、ヨーロッパ～アジアで 2 回起きたと推測されました。これは、特定の進化事象が海を挟んで遠く離れた地域で何度も起きたことを意味し、「進化は繰り返すのか」という究極的な命題に繋がる重要な成果です。

②新種の発表

上記の解析にも含まれていた日本のトチノキを利用する種は、既知の種イタヤニセキンホソガとよく似ているものの、異なる形態的特徴を持っていました。そこで形態・生態・DNA 情報から総合的に判断して、新種トチニセキンホソガとして報告しました。この新種は、北海道（後志地方以南）から本州の

中国地方にかけて生息し、年に数回発生します。幼虫はトチノキの葉を食べます。

③新種の遺伝構造の解明

ミトコンドリアバーコーディング領域に基づくと、新種トチニセキンホソガは大きく二つの遺伝的なグループに分かれることが判明しました。それらのグループは互いに生息域が重なっていますが、グループ内の遺伝構造には異なる傾向が見られました。一方のグループでは地域ごとの遺伝的な差異が明瞭に見られた一方、他方のグループでは、全国的にほぼ一様の遺伝的特徴を示しました（図 3）。この遺伝構造は、寄主植物であるトチノキの遺伝構造とは全く異なっていました。これらの成果は、一般に想定される昆虫と寄主植物の遺伝構造の関係に当てはまらない点で重要であり、更なる研究が望まれます。

【今後への期待】

植物と植食性昆虫の関係性の進化は、生物多様性の成立背景を解く重要なカギの一つと言われている。ただし、植物と植食性昆虫の間で相互に働く選択圧は、複雑かつ分類群によって異なるため、注意が必要です。すなわち、普遍的な理論を追求する一方で、個々の生物種に着目した地道な研究が必要とされます。今回の成果は、一般性を検討する進化生物学と、個別・枚挙的な分類学の視点の両方を扱った数少ない研究例です。これからの進化多様性生物学における「新種記載」のあり方に関して、一つの指針となることが期待されます。

【謝辞】

本研究は JSPS 科研費（JP20H03312・JP23H02543・JP23K27234：代表大島、JP24K02080：代表吉澤）、韓国国立生物資源院（NIBR）の助成金（NIBR202402108）の助成を受けたものです。

論文情報

論文名	Host-shifting pattern common in relatives: phylogenetic study of Sapindaceae-associated <i>Cameraria</i> (Lepidoptera: Gracillariidae), with a description and population genetics of <i>Cameraria serena</i> sp. nov. (近縁種間で共通する食草転換パターン：ムクロジ科植物を利用するニセキンホソガ（鱗翅目ホソガ科）の系統学的研究、及び新種トチニセキンホソガの記載と集団遺伝）
著者名	澤田昌恭 ^{1,*} 、吉澤和徳 ² 、Charles S. Eiseman ³ 、安能 浩 ⁴ 、金 旺奎 ⁴ 、大島一正 ^{5,6,7} (¹ 北海道大学大学院農学院、 ² 北海道大学大学院農学研究院、 ³ 独立研究者、 ⁴ National Institute of Biological Resources、 ⁵ 京都府立大学大学院生命環境科学研究科、 ⁶ 京都府立大学新自然史科学創生センター、 ⁷ 京都府立植物園、*責任著者)
雑誌名	Biological Journal of the Linnean Society (進化生物学の専門誌)
D O I	10.1093/biolinnean/blaf082
公表日	2025 年 12 月 1 日 (月) (オンライン公開)

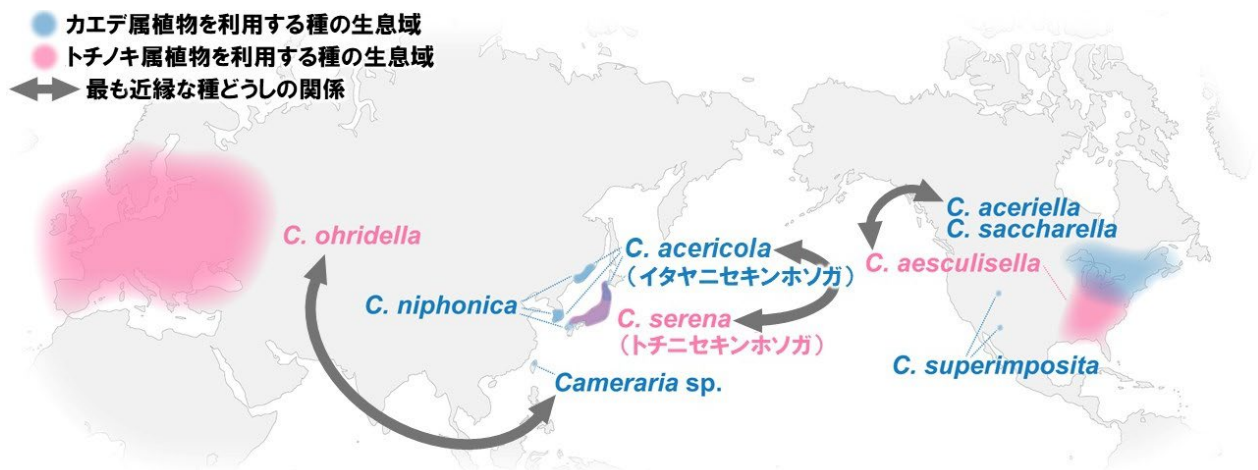


図 2. カエデかトチノキを利用するニセキンホソガ各種の分布図。最近縁なトチノキ利用種とカエデ利用種の生息域から、寄主転換は北アメリカで 1 回、ヨーロッパ～アジアで 2 回起きたことが分かる。

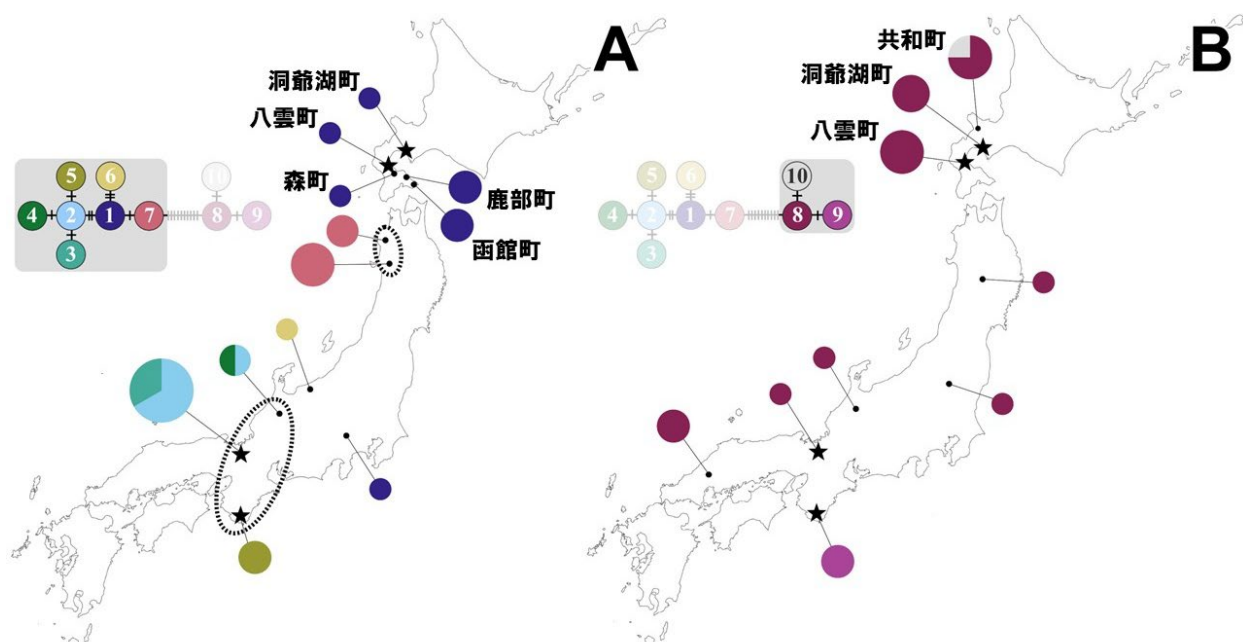


図 3. 新種トチニセキンホソガの種内遺伝構造。遺伝的グループ A 及び B の二つに大別される。解析で見つかった塩基配列の型は 10 種類あり、図中では色分けして示してある。グループ A には 1～7 番の型が、グループ B には 8～10 番の型が含まれる。地図上に示した各型の分布から、両グループはほぼ生息域が重なっていることが分かる（特に★で示した地点では完全に同所的に生息していた）。ただし、グループ A では地域ごとに遺伝的に分化しているのに対して（図中にて点線で表示）、グループ B では 8 番の型が広く分布し遺伝構造をもたないという違いがある。

【用語解説】

- *1 系統関係 … 生物の進化的な関係。現在は異なっている種やグループどうしが、進化の歴史上どの順番で分化し、共通の祖先から派生してきたかという繋がりのこと。
- *2 生殖隔離 … 交配を妨げたり、交配できたとしてもその子孫がうまく発生や成育、次世代生産ができなくなるメカニズムのこと。一般に、別種とされる種間には様々な生殖隔離が進化しており、このメカニズムによって種間の交雑が妨げられている。
- *3 葉潜り蛾 … 幼虫期を植物の葉の内部で過ごす蛾の総称。幼虫は葉の内部を潜り進み、植物組織を食べながら成長する。成虫になるまでのどこかの段階で、葉の外に脱出する。