



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	A systematic study of the tribe Platylabini (Hymenoptera: Ichneumonidae: Ichneumoninae) from Japan [an abstract of entire text]
Author(s)	菊地, 波輝
Description	この博士論文全文の閲覧方法については、以下のサイトをご参照ください。 https://www.lib.hokudai.ac.jp/dissertations/copy-guides/
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(農学)
Dissertation Number	甲第13934号
Issue Date	2020-03-25
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/78066
Type	doctoral thesis
File Information	Namiki_Kikuchi_summary.pdf



博士論文内容の要約

農学院環境資源学専攻・生物生態体系学講座 昆虫体系学教室

菊地 波輝

A systematic study of the tribe Platylabini (Hymenoptera: Ichneumonidae: Ichneumoninae) from Japan

(日本産 **Platylabini** 族 (膜翅目ヒメバチ科ヒメバチ亜科) の体系学的研究)

本論文は、全 5 章、本文 213 頁、65 図版、引用文献 85 篇からなる英文の博士論文である。

第 1 章 本論文の背景

寄生蜂とは、他の節足動物に捕食寄生する生態をもつ膜翅目昆虫の総称である。捕食寄生者は、その生活史において宿主を殺傷するため、宿主の重要な天敵となり、生態系の中で重要な位置を占めている。そのため、捕食寄生者と宿主の対応関係を知ることは、生態系の理解や応用、つまり農林学上の病害虫管理にも直接的に関係するといえよう。しかし、本邦における寄生蜂と宿主の対応関係を理解するための大きな障壁となっているのが、分類学的基盤の構築が不十分さである。寄生者の分類体系が十分に構築・整理され、同定が可能になっていなければ、寄生者と宿主の関係を正確に記述することができない。そこで本研究では、ヒメバチ科ヒメバチ亜科に属する一族である **Platylabini** 族を体系学的に研究し、日本における本族の分類学的基盤の構築を目指した。

ヒメバチ科 **Ichneumonidae** はそのすべてが寄生蜂である科のひとつで、主に昆虫やクモに捕食寄生することが知られている。また、非常に多様性の高い科であり、世界中で 38 亜科、23,000 種以上が記載されている。本研究で着目した **Platylabini** 族を含むヒメバチ亜科 **Ichneumoninae** は、もともと巨大な単系統群のひとつである。世界から 16 族 424 属 4,300 種以上が既知であり、そのすべての種は鱗翅目昆虫に内部寄生する単寄生蜂である。日本国内からは 10 族 79 属 271 種が記録されており、**Platylabini** 族はそのうちの 5 属 14 種を占める。しかし、比較的分類学的に整理されたグループの種数と比較すると、日本の **Platylabini** 族の既知種数はその実態に比して非常に少ない。

本研究では、各研究機関に保管されている日本国内で採集された標本を基に、日本産 **Platylabini** 族の分類学的再検討を行った。さらに、この族の単系統

性の検証と族の範囲の定義のため、DNA 配列情報を用いた系統解析も行った。

第 2 章 材料と方法

本論文では、北海道大学昆虫体系学教室所蔵の標本に加え、日本国内では愛媛大学、神奈川県立生命の星・地球博物館、兵庫県立人と自然の博物館、農研機構農業環境変動研究センター、大阪市立自然史博物館所蔵の標本を使用した。国外では、韓国の国立生物資源研究所、台湾の国立台湾大学、国立自然科学博物館、行政院農業委員会農業試験所所蔵の標本も検討した。

形態用語は主に Townes (1969) に従った。翅脈の名称については、Gauld (1991) を、雄交尾器の形態用語については Snodgrass (1941)、表面構造については Eady (1968) を参照した。

また、動物で広く使われている DNA バーコーディング手法をもとに、日本産標本を使いミトコンドリア DNA の COI 領域の一部配列を決定した。

第 3 章 日本産 Platylabini 族の分類学的再検討

日本国内で採集された標本を詳細に検討した結果、これまでの既知 5 属に加え 10 属の日本未記録属が見出された。*Apaeleticus* Wesmael, 1884, *Clypeolabus* Heinrich, 1974, *Cratolabus* Heinrich, 1974, *Cratolaboides* Tereshkin, 2009, *Dentilabus* Heinrich, 1974, *Ectopius* Wesmael, 1859, *Heinrichiellus* Tereshkin, 2009, *Linycus* Cameron, 1903, *Notoplatylabus* Heinrich, 1936, *Poecilostictus* Ratzeburg, 1852 の各属は日本初記録属である。*Clypeolabus* 属と *Cratolabus* 属はこれまで東洋区からのみ知られていた属で、これらの記録は旧北区初記録となる。また、1 種の非常に形態的に特異な種が見出された。この種について詳細に検討したところ、既知のいずれの属にも当てはまらない形質状態を複数もつことが明らかになった。そのため、この種を単型として新属を記載した。また、日本産の属への検索表を改定して示した。

さらに、DNA バーコーディング手法を用いて、*Linycus* 属および *Hypomecus* 属の分子同定を行った。日本産の *Linycus* 属の 1 種の標本は、形態的にはヨーロッパや北アメリカなどの全北区に広く分布している *L. exhortator* (Fabricius) に非常によく似ているが、この種は体の半分以上が赤色～橙色であるのに対し、日本産標本ではほとんど全体が黒色であった。日本産の *Linycus* 属の 1 種とイギリス産およびカナダ産の *L. exhortator* の DNA バーコード配列を比較したところ、5 %以上の相違が見出された。そのため、日本産種は *L. exhortator* とは異なる種と判断し、新種として記載した。*Hypomecus* 属の 1 種は、国後島産標本を基に 1 新種が記載され、先行研究では亜種 *Hypomecus quadriannulatus tylus* Uchida, 1936 とされていた。この種を日本各地から発見し

たが、基亜種と比較すると全ての脚が黒色（基亜種では赤色～橙色）という点で異なっていた。カナダ産の基亜種標本と DNA バーコード配列を比較したところ、約 1.5%の相違が見出された。同種内の変異と見なせるが、比較的大きい相違であり、色彩から識別可能であるため、従来通り日本産個体群を別亜種として扱った。

第 4 章 分子系統解析

ミトコンドリア DNA の COI 領域の部分配列を用いて、ヒメバチ亜科全体の系統関係を最尤法により推定した。ヒメバチ亜科 16 族のうち配列を参照できた 8 族 45 属の 56 OUT をもとに系統解析を行った結果、*Platylabini* 族はほぼ単系統群として見出された。*Heinrichiellus* 属は *Platylabini* 族とはやや系統的に離れた属であることが判明したが、この結果は形態的観察ともよく一致したため、本属は *Platylabini* 族から除外すべきだと考えられる。もうひとつの例外として、*Poecilostictus* 属が *Platylabini* 族とは異なる系統に位置する可能性が示された。しかし、本属は腹部腹板や跗節末端棘の形態など、ヒメバチ亜科において *Platylabini* 族のみが共有する形質をもつ。これらの形質は、*Poecilostictus* 属の姉妹群として見出された *Hoplismenus* 属とは共有されておらず、より詳細な系統関係の解明が必要だと考えられる。

第 5 章 総合考察

これまで *Platylabini* 族において属の定義形質に用いられてきた (Tereshkin, 2009) 前伸腹節の気門形状は属内での変異があることが明らかになった。また、本族の共有派生形質として、腹部腹板の融合を発見した。さらに、ヒメバチ亜科では *Platylabini* 族の一部でのみ、跗節腹面の棘が消失または対価傾向にあることが判明した。

本研究により、16 属 53 種の *Platylabini* 族 (*Poecilostictus* 属と *Heinrichiellus* 属を含む) が日本から記録された。琉球列島からは極めて少数の標本しか得られていなかった。種レベルでは、今後もいくつかの未記録または未記載の種が日本から見出される可能性は高い。本研究において示した日本産 *Platylabini* 族の属への検索表は、今後見つかる未知の種に対しても有効であると考えられ、今後の分類学的研究への重要な礎となるであろう。