

山岳域・河川源流域棲ガガンボカゲロウによる系統地理学的研究 Phylogeography of Dipteromimid Mayflies Inhabiting Mountainous Headwater

○竹中將起, 東城幸治 (信州大・理学部生物科学科)

ガガンボカゲロウ科 Dipteromimidae は日本固有科で1属2種から構成されている。最も原始的な有翅昆虫類であるカゲロウ目内においても原始系統群の一つである。1875年に記載されたガガンボカゲロウ *Dipteromimus tipuliformis* (Fig.1) は、丹沢山塊を分布の東北限に、これより西側には広く生息するほか、四国、九州、および奄美大島に生息する (Tojo and Matsukawa, 2003)。Tojo and Matsukawa (2003)は、従来の分布域から遠く離れた岩手県大船渡市内の2ヶ所から本科のカゲロウを確認し、形態を精査するとともに、従来知られてきた本州、四国、九州そして奄美大島産のガガンボカゲロウからは遺伝的に大きく分化することを確認し、この大船渡産の個体をタイプ標本としてキイログガンボカゲロウ *Dipteromimus flavipterus* を新種記載した。この後、岩手県岩泉町、秋田県大仙市などからもキイログガンボカゲロウの新産地が確認されている。

ガガンボカゲロウ類は、河川最源流域の細流（小さく緩い流れ）に適応するなど、極めて特殊かつ散在分布するようなハビタットを利用している。成虫期間は短く、数日程度である。これらのことから本種群の分散能力はたいへんに弱く、本種の個体群は、局所・散在分布する傾向が強い。このため、個体群レベルでの遺伝的固定化は促進され、地理的に遠く離れた個体群間での遺伝的分化はもちろん、近隣の個体群間でも遺伝的分化が大きいことが指摘されてきた (東城, 2005 ; tojo, 2010)。本研究は散在的ではあるものの広域を網羅するように個体群が分布していることも明らかとなり、地史と関連つけた系統進化の議論に適していると考えられる。このような傾向については、空間遺伝図により明示され (Fig.2), 遺伝的距離と地理的距離との間に有意な相関がみられた。

本研究で、ミトコンドリア DNA の 16S rRNA (領域) および COI 領域、核 DNA の Histone 3 領域の解析をおこなった結果、種間での遺伝的分化が大きいことや地域レベルでの大きな遺伝的分化が認められた。とくに、中央構造線の南北に位置する個体群で遺伝的に大きく分化する傾向がみられた。これは、植物の系統地理においてしばしば論じられてきた「そはやき (襲速紀)」型要素との関連性が示唆されるような興味深い結果が得られたので報告する。



Fig.1 *Dipteromimus tipuliformis*

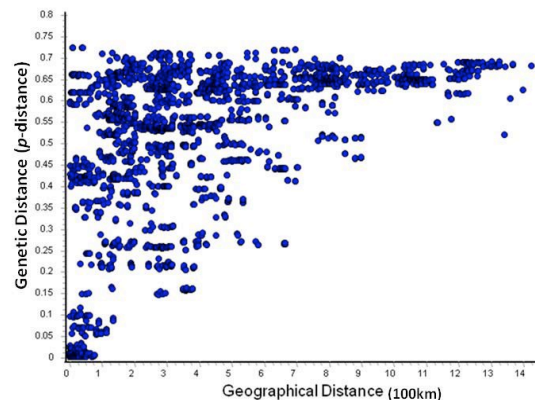


Fig.2 The relationship between pairwise genetic distance in the mtDNA 16S rRNA region (p -distance) of individuals and geographic distance of collection sites (Mantel test; $p < 0.001$)