

山岳源流棲昆虫・カメノコヒメトビケラ類の分子系統地理学的研究

○新井谷梨鈴（信州大・理），伊藤富子（北海道水生生物研究所），
東城幸治（信州大・山岳総研）

【背景】

カメノコヒメトビケラ *Palaeagapetus* 属（トビケラ目，ヒメトビケラ科）は湧水や河川源流域の細流に生息する小型のトビケラで、北米大陸に2種、東アジアに7種が確認されている。日本国内には、マガリカメノコトビケラ *P. flexus*（サハリン～北海道中部）、カメノコヒメトビケラ *P. ovatus* とフクイカメノコヒメトビケラ *P. fukuensis*（北海道南部～本州中部）、コガタカメノコヒメトビケラ *P. parvus*（本州中～南西部）、シコクカメノコヒメトビケラ *P. shikokuensis*（四国）、キュウシュウカメノコヒメトビケラ *P. kyushuensis*（九州）がほぼ側所的に分布している（図1）。トビケラ目には、幼虫期に絹糸を利用して巣を作る種が多いが、本種群は5齢幼虫になると餌であるフジウロコゴケ（ウロコゴケ目，ウロコゴケ科）の葉を用いて営巣する。フジウロコゴケは北半球の温帯に広く分布し、水中に大きな群落をつくる種である。この水苔の巣の中で蛹に変態し、羽化した成虫は交尾後フジウロコゴケに産卵する。このようにカメノコヒメトビケラ類は、一生を通してフジウロコゴケに依存した生活史をもつ。本種群は、特殊なハビタット嗜好によってその分布は局在的となり、移動分散も制限されると考えられる。日本列島には広域分布するものの、種あるいは個体群レベルでの遺伝的分化が地史をよく反映している可能性が高く、系統解析や系統地理学的研究に適した生物種群であると考えられ、本研究では分子系統地理学的な検討を試みた。

【方法・結果】

国内・国外産カメノコヒメトビケラ属の全9種について遺伝子解析を行った。国内40地点・海外3地点から得られた計124サンプルを用いてミトコンドリアDNA COI 領域、および核DNA Histone 3 領域を解析し、得られた塩基配列からML法により分岐図を作成した。

この結果、カメノコヒメトビケラ類は大きく2つの系統群（①北米+ロシア+東日本，②西日本）から構成されることが明らかとなった。そして、この2大系統の境界が中部山岳地域にあることが明らかとなった。

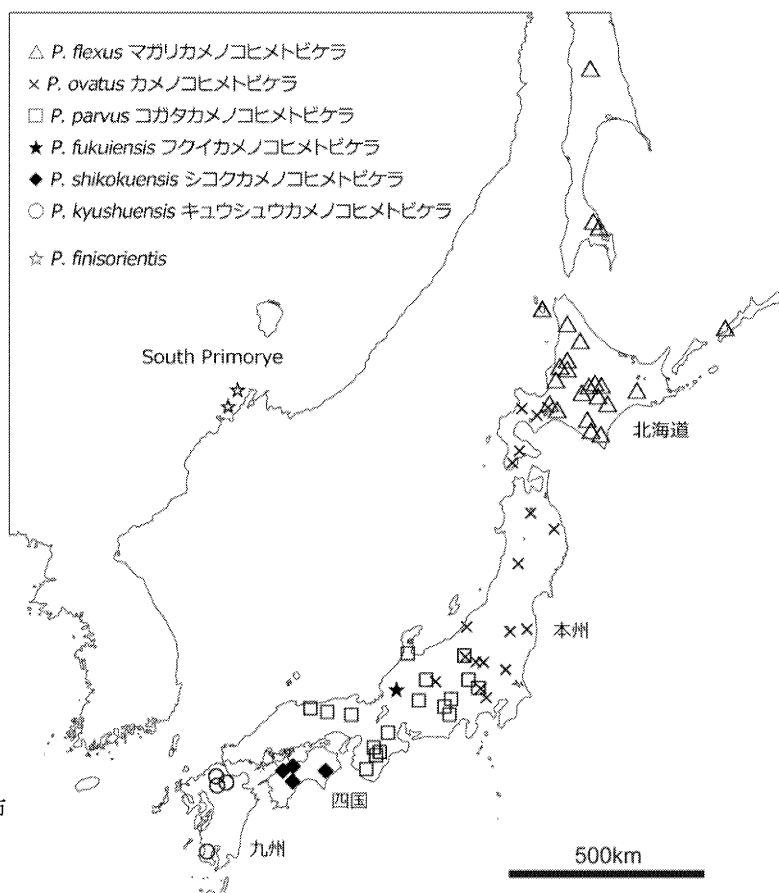


図1.
東アジアにおける
カメノコヒメトビケラ属の分布