

# チラカゲロウにおける遺伝的構造

## － 山地から低地まで幅広く流程分布するジェネラリスト種に着目して－

○齋藤 梨絵（信州大院・工学系）・東城 幸治（信州大・山岳研）

チラカゲロウ *Isonychia* (*Isonychia*) *japonica* は、チラカゲロウ科 *Isonychiidae* に属する大型のカゲロウである（図 1; Ishiwata and Takemon, 2005). 体長 18 mm 程で、幼生の背部には正中線上に特徴的な黄白線がみられる。日本広域（北海道，本州，四国，九州）に分布するほか，朝鮮半島，中国，ロシアからも記録されている。河川の上流から下流までの比較的広い流程に分布している（Ishiwata and Takemon, 2005). チラカゲロウは，国交省による「河川水辺の国勢調査」においても高い出現率であることが認められている，いわゆる「普通種 ジェネラリスト」である。



図 1. チラカゲロウ  
*Isonychia japonica* (♂)

河川源流域に生息する生物種群は孤立・散在型の個体群構造をとることに伴い，パッチ状化した各個体群内での遺伝的固定化が進むものと考えられる (e.g., Tojo, 2010). 一方，チラカゲロウのように，上流域から下流域にまでわたり広域分布するジェネラリスト種群は，卵期や幼生期における受動的流下や，幼生期における餌や好適な環境を求めての能動的流下，そしてこれらを補償するための成虫期における遡上行動 (i.e., 産卵のための遡上飛翔; 伊藤, 1984) ，さらには支流との合流などで生じる生息環境の複雑さにより，遺伝子流動が生じる流域規模は大きくなると考えられる (Wright, 1978; Tojo, 2010; Ogitani et al., 2011). 本研究では，河川広域に分布する水生昆虫のジェネラリスト種であるチラカゲロウを対象に，個体群構造・遺伝的構造の特徴を追究することを目的とした。

### 1. 水系内のスケールに応じた個体群構造と遺伝的構造

千曲川（信濃川）水系を対象に，リーチ・セグメント・ベイスンの各スケールで比較検討した mtDNA COI 領域の遺伝子解析に基づく遺伝的構造の解析結果を報告する。

### 2. 水系よりも大きなスケールでの個体群構造と遺伝的構造（分子系統地理学的研究）

日本国内で採集したチラカゲロウについて，mtDNA 16S rRNA 領域の遺伝子解析を行い，塩基配列に基づく分岐図を作成したところ，近隣結合(NJ)法，最尤 (ML)法 のいずれにおいても各々が単系統である 2 つの大きなクレード (Type1 と Type2) から構成されることが明らかとなった。さらに，分布や生態の知見が乏しい同属の（別亜属）別種である，シマチラカゲロウ *Isonychia* (*Prionoides*) *shima* についても解析に加え，チラカゲロウおよびシマチラカゲロウの 2 種における種分化・系統的位置関係についても追究した。また，宮城県大崎市で採集された，形態学的にシマチラカゲロウと思われる個体 *Isonychia* sp. (図 2) について解析を行ったところ，興味深い結果が得られたため報告する。

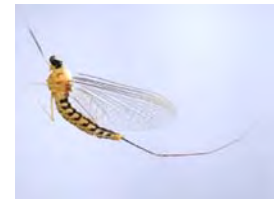


図 2. *Isonychia* sp. (♀)  
宮城県大崎市産