

**チラカゲロウにおける個体群構造と遺伝的構造 -東アジア広域および山地から低地まで幅広く流程分布する広域分布種に着目して-**  
 斎藤 梨絵 (信州大院・工学系) ・ 〇東城 幸治 (信州大・山岳総研)

チラカゲロウ (昆虫綱, カゲロウ目) は日本列島を含む東アジアに広域分布し, さらには河川水系内においても上流から下流まで広く流程分布する. 本研究ではチラカゲロウを対象に, 東アジア広域における多数の水系を対象とする「水平方向 (平面)」的視点, および水系内の流程を対象とした「垂直方向 (断面)」的視点から, 河川広域分布種 (i. e., ジェネラリスト種) の個体群構造と遺伝的構造を追究する.

**【水平方向 (平面的) 視点での検討】**

116 地点から採集した 205 個体のチラカゲロウについて, mtDNA COI 領域および 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, チラカゲロウは, 近隣結合 (NJ) 法, 最尤 (ML) 法のいずれにおいても各々の単系統性が強く支持される 2 つのクレードから構成されることが明らかとなった: 日本列島クレード (クレード J), 大陸クレード (クレード C). さらに日本列島クレードは, 2 つのサブクレード (クレード J-A, J-B) から構成されることが示された. クレード J-A は北海道・本州・四国・九州から採集されたチラカゲロウ個体, クレード J-B は北海道を除く, 本州・四国・九州から採集されたチラカゲロウ個体により構成された.

また, クレード J-A は河川の中流・下流域で採集された個体, クレード J-B は河川の上流域で採集された個体により構成される傾向にあった. この傾向を検証するため, チラカゲロウが採集された地点における, 河川次数, および集水域の面積を計測し, 河川規模の相対評価を行った. 結果, クレード J-A に比べ, クレード J-B を構成するチラカゲロウが採集された地点は, より河川次数が低く, かつ集水域の面積が小さい傾向にあることが明らかとなった. さらに, 岡山県の旭川水系で採集されたチラカゲロウの遺伝子解析の結果, 河川上流域ではクレード J-B, 河川中・下流域ではクレード J-A に位置するハプロタイプが検出され, 両クレードを構成するチラカゲロウは, 1 つの河川水系内においても, 上-下流域間での空間的な棲み分けをしていることが示唆された.

**【垂直方向 (断面的) 視点での検討】**

次に, 信濃川水系を対象に, 水系内におけるチラカゲロウの個体群構造・遺伝的構造を追究した. 信濃川本川と主要支川に約 10km 間隔の調査地を設け, 個体群構造の究明として定量調査 (5 分間×3/地点) を行い, 地点間の相対的な個体密度および現存量を計測, 比較した. さらに, 各地点で採集されたチラカゲロウ個体について, mtDNA COI 領域の遺伝子解析に基づく遺伝的構造を解析した. その結果, 水系内におけるチラカゲロウは, 各地点の個体密度によらず, いずれの生息地点においても比較的高い遺伝的多様性を有することや, 日本列島最大級の河川規模である信濃川水系において広域的な遺伝子流動が生じていることが示唆された.

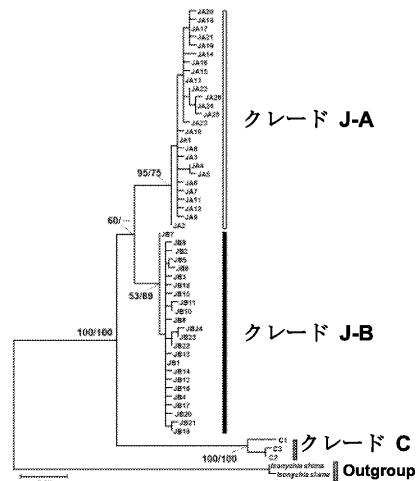


図 1. チラカゲロウの mtDNA 16S rRNA 領域の部分塩基配列 (386-bp) に基づくハプロタイプ間の ML 樹. 主要ノード部に付した数値はブートストラップ値 (ML 法/NJ 法).

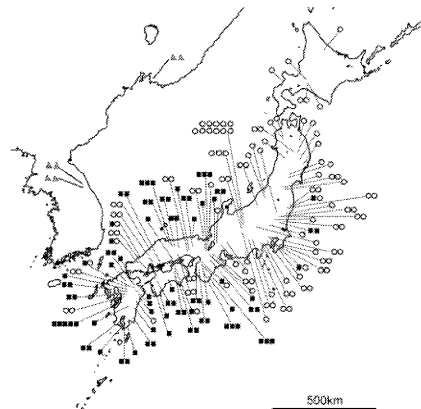


図 2. チラカゲロウの採集地点と検出されたハプロタイプが属するクレード (○: クレード J-A ■: クレード J-B ▲: クレード C) を示している