

# 岐阜県可児市大森奥山湿地群における ハッチョウトンボの遺伝的交流状況の評価

\*飯田貴天（中部大学・応用生物），村上哲生（中部大学・応用生物）  
南基泰（中部大学・応用生物），藤井太一（中部大学・応用生物）

## 1. はじめに

ハッチョウトンボ *Nannophya pygmaea* は、東アジアから東南アジアおよびオーストラリアにかけて広く分布している体長約 2 cm の世界最小のトンボである。日本国内では本州、四国、九州の平地や丘陵地、低山地から高地の日当たりが良い湿地、湿原だけでなく、放棄水田でも生息が確認されている。周伊勢湾地域における主な生息地は、土岐砂礫層に起因した泥炭に乏しい小面積の貧栄養な湧水湿地であるが、多くの生息地が消滅の危機に瀕している。そのため、各地で保全活動が実施されているが、未だ遺伝的多様性まで考慮した保全事例はない。生物の個体群が保持する遺伝的多様性の低下要因は、生息地適性の低下だけでなく、生息環境の分断化によって引き起こされる遺伝的交流の制限も考えられている。そのため、遺伝的多様性まで考慮した保全をするためには、生息地環境の維持管理だけでなく、他の複数の個体群との遺伝的交流状況や遺伝的交流に必要な生息地の連続性についても評価する必要がある。本研究では地域個体群の保全に必要な数平方メートルのスケールで連続して存在する生息地間でのハッチョウトンボの遺伝的交流状況の評価した。

## 2. 材料と方法

本研究では、村上ほか（2020）によって地形、陸水学的性状および水生生物相について調査された岐阜県可児市大森に連続して存在する 8 つの独立した湧水湿地に生息するハッチョウトンボを評価対象とした。土地所有者の許可を得て成虫 294 頭を捕獲し、全 DNA 抽出試料として左脚 1 本を採取した（採取後は、捕獲地点で放虫した）。ダイレクトシーケンシング法でミトコンドリア DNA の cytochrome c oxidase subunit I 遺伝子の部分領域（以降、COI 領域）の塩

基配列を決定し、遺伝的多様性及び遺伝的分化について評価した。

## 3. 結果と考察

COI 領域を解析した結果、すでに岐阜県東濃地方で確認されている 2 ハプロタイプ（TGJ01、TGJ02）（Minami et al. 2016）と、新たに 6 ハプロタイプ（TGJ05-TGJ10）の合計 8 ハプロタイプが確認された。各湿地のハプロタイプ多様度は 0.21-0.62 と異なっていた。しかし、全ての湿地間における遺伝的分化係数（pairwise  $F_{st}$ ）は、有意な分化が認められなかった（10,000 回の Permutation test,  $p > 0.01$ ）。また、遺伝的分化係数と各湿地間距離との間にも、有意な相関関係は認められなかった（マンテル検定,  $p > 0.01$ ）。本湿地群は最も離れた湿地間の直線距離が 183.6 m で、各湿地間の植生高は 2.9-7.0 m であったが、本湿地群に生息するハッチョウトンボにとっては、湿地間の移動障壁とはなっていなかった。また、各湿地面積、湿地傾斜角度、湿地周辺部の植生高、水質とハプロタイプ多様度の間に有意な相関関係（ピアソンの積率相関分析,  $p > 0.01$ ）は認められなかったことから、各湿地の微環境の相違は遺伝的分化の要因となっていないものと考えられた。

本湿地群に生息するハッチョウトンボは、8 つの独立した湿地の間を遺伝的交流の制限なく移動しているメタ個体群であると考えられた。また、現状では生息環境の分断化による個体群内の近交弱勢や遺伝的浮動による遺伝的多様性の低下は危惧されないと考えられた。以上の結果から、今後も湿地の生息地環境だけでなく、湿地の連続性も維持管理していく必要があると考えられた。

## 4. 引用文献

Minami et al. (2016) Rikunomizu, 74:53-56  
村上ほか (2020) 陸水学雑誌, 81: 45-58