

流域内のHSI種多様性と水生昆虫遺伝的多様性の関係性

東北大学大学院工学研究科 学生会員 ○糠澤 桂
東北大学大学院工学研究科 正会員 風間 聡

1. はじめに

種多様性と遺伝的多様性の最も一般的な関係は正の相関である (Vellend and Geber)¹⁾。これは、種多様性と遺伝的多様性の増減および相関を 1) 外部からの移入による種や遺伝子の増加や、環境異質性が環境適応のパターンを多様化させることによる両多様性の増加、2) 群集内における優占種の遺伝的多様性が増加することにより、対象種の餌資源としての生産性が高まり、多様な種群が本種を捕食し、種多様性が増加する、等のプロセスにより説明される。

本研究においては、数値シミュレーションにより算定された種多様性と実際の採集データに基づく遺伝的多様性を使用している。種多様性は HSI (Habitat Suitability Index) モデルを使用して算出した種多様性 (以下、HSI 種多様性) を使用した。本研究においては、風間ら²⁾の推定した水生生物の HSI より算定された HSI 種多様性と水生昆虫のウルマーシマトビケラの遺伝的多様性との関係性を評価した。

2. 方法

2.1 対象流域と HSI 算定に使用した環境データ

対象流域は宮城県ほぼ中央部に位置し、流域面積 939km² の名取川流域である。上流域は標高 1000m を越える山岳地帯のため冬季には多くの積雪があり、中流域は仙台市を中心とした市街地を有し、下流域は水田地帯が広がる。

本流域内の植生データとして第 5 回自然環境保全基礎調査 (平成 5 年～10 年度) の植生調査結果から作成された植生区分データファイルを利用した。土地利用データとして国土数値情報の宮城県土地利用格子データ (平成 3 年) を使用した。

解像度 50m の標高マップを用いて勾配を求めた。市街化率は土地利用マップにおける建物用地と幹線交通用地を「市街地」と仮定し算定した。市街地、森林までの距離マップは、土地利用マップをもとに作成した。河道マップおよび地勢図より水辺までの距離マップを作成した。

土田ら³⁾が開発した分布型流出モデルより 1999 年 7 月から 2000 年 6 月の 1 年間における水深と平均流速の分布データを算定した。気温、降水量などの分布データは、仙台、川崎、新川の 3 地点 (図-1) の AMeDAS データから重みつき距離平均法により求めた。本モデルは大きく河道部と斜面部の二つに分けられる。斜面部をさらに直接流層、基底流層、積雪・融雪層の 3 層に分けて計算しており、それぞれ

kinematic wave 法、貯留関数法、degree-day 法を用いている。河道部は dynamic wave 法を用いている。

2.2 HSI に基づく種多様性

HSI 算定対象分類群は止水性・流水性トンボ、メダカ、ゲンジボタル、ヘイケボタル、カエル類である。本生物データは名取市による 2000～2001 年の生物調査⁴⁾の結果を使用している。

HSI モデルはメッシュ内の環境指標 (水深、流速、水温など) を用いて生息適性を物理的に評価する構造である。まず、各環境指標に関する生物の生息適性指数を 0.0 (不適)～1.0 (最適) の間の数値により表現される SI (Suitability Index) モデルを作成する。本研究において用いた指標は (1) 水深 (年平均・年最大・年最小・年間変動の分散)、(2) 流速 (年平均・年最大・年最小・年間変動の分散)、(3) 植生、(4) 土地利用、(5) 勾配、(6) 市街化率、(7) 市街地までの距離、(8) 森林までの距離、(9) 水辺からの距離である。作成した全評価指標の SI から次式により HSI を算定した。

$$HSI = \sqrt[p]{\prod_{j=1}^p SI_j} \quad (1)$$

ここで、 SI_j : 評価指標 j の生息適性指数、 p : 評価指標の数である。HSI も SI と同様に 0.0、1.0 がそれぞれ対象生物に不適、最適な値である。

HSI ≥ 0.5 となる場合に対象生物が「存在」として仮定し、数値を 1 とし、HSI < 0.5 となる場合は対象生物が「不在」と仮定して数値が 0 となるよう設定して分類群数を算定した。算定された分類群数分布図を図-1 に示す。

2.3 遺伝的多様性

既存のウルマーシマトビケラの AFLP データ (未発表, Watanabe, Omura, Monaghan) を使用した。本データは名取川流域における 28 か所の調査地点 (図-1) において 2006 年 10 月～11 月に採集されたものを元としている。各幼虫個体から DNA をフェノール抽出し、AFLP Plant Mapping Kit (Applied Biosystems) による AFLP 分析を行った。全サンプルにおける PCR 反応に使用した DNA 断片の 2 次選択のプライマーペアには、キットに含まれる延べ 64 組の中で、事前実験で最も多くのフラグメントを検出した 3 組を使用した。PCR 産物を、ABI PRISM® 3130xl Genetic Analyzer (Applied Biosystems) を使用して塩基長ごとに分離した。フラグメント解析にはソフトウェア Gene Mapper (Applied Biosystems) を使用した。本データよりヘテロ接合度 H_e を AFLP-SURV ver. 1.0 を用いて以下の式より算出した。

keyword : Distributed runoff model, numerical simulation, Species and genetic diversity correlation (SGDC)

連絡先 : 〒980-8579 宮城県仙台市青葉区荒巻字青葉 6-6-06 東北大学大学院工学研究科土木工学専攻

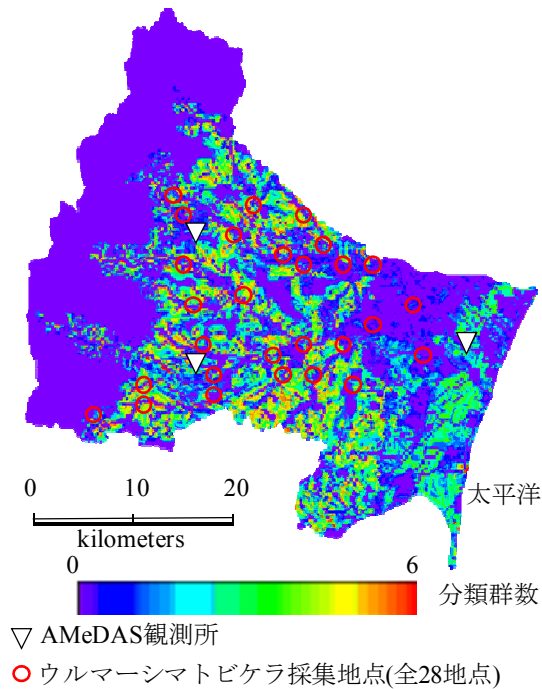


図-1 宮城県名取川流域における種数分布図

$$H_e = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 \quad (2)$$

ここで、 n は解析に使用した遺伝子座の総数、 p は遺伝子座 i における対立遺伝子頻度である。多型サイト数 (Number of segregating sites) とサンプル数より推定される突然変異率 θ_s を既報⁵⁾に従い Arlequin ver. 3.1⁶⁾を使用して算出した。

3. 結果と考察

HSI 種多様性とヘテロ接合度 H_e ($\rho=0.39$, $P<0.05$) および θ_s ($\rho=0.48$, $P<0.05$) は有意な正の相関を示した (図-2)。これは Vellend²⁾における最も一般的な両多様性の相関パターンと一致する。この結果は、HSI を算定した 6 種に適した生息環境においてウルマーシマトビケラは多様な遺伝子を有していることを示している。正の相関が導かれた要因は 2 つ考えられる。1) 複数の水生生物種の生息適性から推定された指標である HSI 種多様性が高い場所においては、種の移入・定着ポテンシャルが高いと言える。これに基づき、外部からのウルマーシマトビケラ個体群の移入および定着が容易であると仮定すると、定着プロセスに伴い遺伝子プールのサイズが増加し、結果として遺伝的多様性が増加したことが考えられる。2) HSI 種多様性の高い場所においては多様な種が生息していることが予想される。この種の多様さが環境異質性の高さに起因すると仮定すると、ウルマーシマトビケラ個体群が多様な環境条件に適応し、結果として遺伝的多様性が増加したことが考えられる。

HSI 種多様性は生物に適した環境を表現している指標であると言える。このため、HSI 種多様性と遺伝的多様性の関係性を評価することにより、将来的には多自然川作りやビオトープなどの保全・再生計画において淡水生物に適した環境を創生する際に、そ

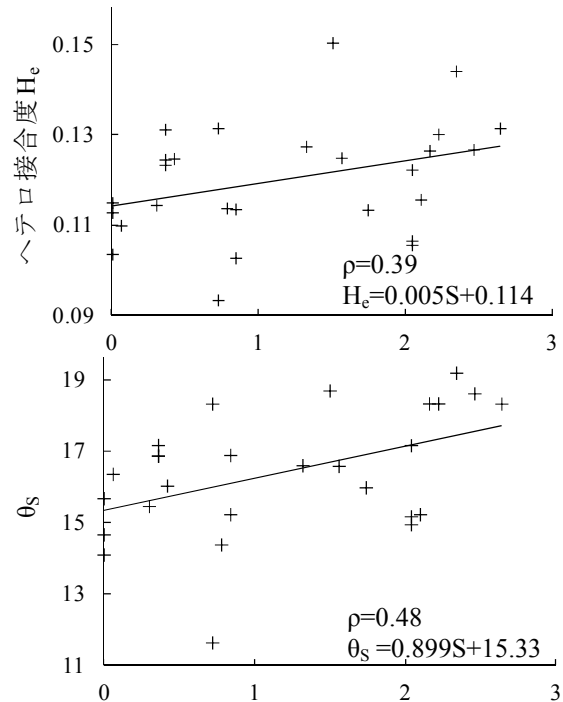


図-2 平均分類群数とヘテロ接合度 H_e ($P<0.05$), θ_s ($P<0.05$) の散布図。

の場所の遺伝的多様性がどのように変化するかを推定出来る。

4. 結論

6 種の水生生物 HSI から算定された種多様性とウルマーシマトビケラの遺伝的多様性の関係性を評価した。平均分類群数 S とヘテロ接合度 H_e ($\rho=0.39$, $P<0.05$) および θ_s ($\rho=0.48$, $P<0.05$)、にはそれぞれ有意な正の相関関係が確認された。

謝辞：本研究は、科学研究費補助金 (22360192) と科学研究費補助金 (21254003) の助成を受けた。併せてここに深甚なる謝意を表します。

参考文献

- 1) Vellend M., Geber M.A.: Connections between species diversity and genetic diversity, Ecol. Lett., 8, 767-781, 2005.
- 2) 風間聡, 松本哲, 沢本正樹: 数値地図情報ならびに水文モデルデータを用いた HSI モデルによる生物生息域の推定, 土木学会論文集 B, 63 (4), 323-337, 2007.
- 3) 土田恭平, 風間聡, 沢本正樹: 河川環境確保のための土地利用と許容人口の関係, 水工学論文集, 48, 475-480, 2004.
- 4) 名取市: 名取市環境基本計画策定基礎資料 IV 動植物調査報告書, 2002.
- 5) Watterson G.: On the number of segregating sites in genetical models without recombination, Theor. Popul. Biol. 7, 256-276, 1975.
- 6) L Excoffier, G Laval, S Schneider: Arlequin ver.3.1 : an integrated software package for population genetics data analysis, Evolutionary Bioinformatics Online, 1, pp.47-50, 2005.