

水文モデルを利用した水生昆虫遺伝的多様性の推定手法の開発

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
愛媛大学大学院理工学研究科 正会員 渡辺幸三

1. はじめに

景観遺伝学は遺伝的変動を地理情報と関連付けて評価する学問領域である¹⁾。景観遺伝学における近年の主要な課題として、局地的適応が野生生物群集の遺伝的変動に与える影響を明らかにすることが挙げられる^{1), 2)}。しかし、従来までの環境適応を評価する研究の大半において、環境選択の影響を受ける遺伝子座の環境選択性遺伝領域を考慮せずに環境適応の議論を展開してきた³⁾。遺伝領域の大半を占める中立性遺伝領域は、個体群サイズや遺伝子流動に起因して変異する⁴⁾。このため、環境適応を評価する場合、環境選択性遺伝領域のみを使用する必要がある。また、現地調査に基づく評価は、広域に渡るデータや時系列的な変動データを用いた解析に限界がある。特に、河川においては年間に水温や流勢が変動し、降雨の前後に流量や河床環境、生物相が著しく変化するため、時系列的な変動を考慮する必要がある。この問題を解決出来るのが、水文シミュレーションに基づく生物多様性の推定手法である。本手法を用いて流域全域の種多様性および遺伝的多様性を推定することにより、現地調査と室内実験の労力・コストを低減することが可能となる。

本研究において、分布型流出・水温モデル⁵⁾を用いて水生昆虫の流域スケールにおける環境適応パターンを評価した。重回帰モデルから推定された対立遺伝子頻度を用いて、遺伝的多様性の流域内空間分布を連続的に図示した。

2. 方法

2.1 対象流域と環境データ

宮城県中央部に位置し、流域面積 939km² の名取川流域を対象領域とした(図-1)。上流域は標高 1,000m を越える山岳地帯であり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する。

解像度 50m の標高マップを用いて勾配を求めた。国土数値情報の宮城県土地利用格子データ(平成 3 年)における建物用地と幹線交通用地を市街地と仮定し市街化率を算定した。土地利用データにおける水田と畑から農地率、森林から森林率を算定した。市街地、農地、森林までの距離においても土地利用データから作成した。

白岩ら⁵⁾が開発した分布型流出・水温モデルより 2005 年 12 月から 2006 年 11 月の 1 年間における水

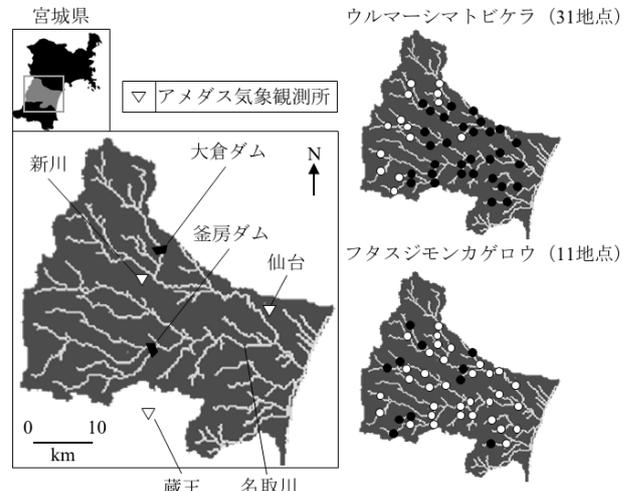


図-1 名取川流域と対象生物の採集地点. 黒丸は実際に個体を採集した場所, 白丸は種が不在の場所を示す。

深、流速、水温データ(年平均, 最大, 最小, 標準偏差)を算定した。気温、降水量などの分布データは、仙台、蔵王、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、河道部において dynamic wave 法を用いている。

2.2 遺伝的データ

名取川流域において 2006 年 10 月~11 月に採集されたウルマーシマトビケラとフタスジモンカゲロウを対象生物とした(図-1)。各幼虫個体から DNA をフェノール抽出し、AFLP Plant Mapping Kit 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 組の中から事前実験にて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 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 を使用した。環境選択 DNA 領域は渡辺ら(未発表, Watanabe, Monaghan, Omura)に従い、ソフトウェア STRUCTURE ver.2.2 を用いて遺伝的分化を調べ、ウルマーシマトビケラにおいて 14 領域、フタスジモンカゲロウにおいて 16 領域をソフトウェア Dfdist と BayeScan を用いて定義した。その後、遺伝子頻度を、ハーディ・ワインベルク平衡を仮定して計算した。

keyword : Distributed runoff model, genetic diversity, invertebrate, local adaptation, non-neutral loci

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

2.3 重回帰モデル

環境選択性遺伝領域ごとの遺伝子頻度を目的変数、水文モデルから計算した 2005 年 12 月～2006 年 11 月の水理・水温年データ、地理・地勢データを説明変数として、SPSS Statistics 17.0 (SPSS Inc.)を用いたステップワイズ重回帰分析によりモデルを構築した。危険値 P が 0.05 以下の統計的に有意な重回帰モデルの構築された遺伝領域のみを対象として、選択された環境変数を重回帰式に入力することにより、流域内の全メッシュにおける遺伝子頻度 $p_{i,cal}$ を求めた。推定された遺伝子頻度 $p_{i,cal}$ を用いて、次の式より遺伝的多様性指標の一つであるヘテロ接合度の期待値 $H_e = 1/n \sum 2p_{i,cal}(1-p_{i,cal})$ を算出した。ここで、 n は有意な重回帰モデルの構築された遺伝領域数である。

3. 結果と考察

環境適応モデルにおいて、流出・水温シミュレーションから計算された水理・水温変数と地理・地勢変数の空間的変動に伴う、対象種の環境選択性遺伝領域における遺伝子の変動を表現可能である。水文モデルのシミュレーション手法を取り入れることにより、現在まで明らかにされていない水文要素の時間的変動と河川生物の遺伝子の関係性を定量的に示すことが出来た。例えば、重回帰分析により、年間最高水温と集水面積はフタスジモンカゲロウの環境適応に寄与する要素であることが示唆された。

重回帰分析の結果、ウルマーシマトビケラにて 10 個、フタスジモンカゲロウにて 9 個の有意なモデルが構築された ($P < 0.05$)。フタスジモンカゲロウの重回帰モデルにおいて、集水面積が多くの環境選択性遺伝領域にて説明変数として選択された (表-1)。この結果は、流勢が本種における流域スケールの環境適応パターンを決定づけている事実を示唆する。集水面積は変動成分を含む水理変数と関係性の大きいパラメータであると考えられる。このため、図-2 において、出水の影響が相対的に大きいと考えられる主流において個体群が淘汰された結果、遺伝的多様性が低下したプロセスが考えられる。ウルマーシマトビケラの遺伝的多様性は重回帰モデルにて選択された説明変数に一定の傾向が見られないにもかかわらず、上流から下流にかけて減少する分布を示した (図-2)。これは、名取川流域の上流から下流まで分布が変遷する土地利用の影響が大きいと考える。

5. 結論

水文モデルと遺伝子頻度を用いた重回帰分析の結果、フタスジモンカゲロウに水理要素に関する環境選択が存在する事実が示唆された。遺伝的多様性空間分布を推定する手法の開発により、今後生物多様性の保全に際し有用な知見を提供出来る。

謝辞：本研究は、科学研究費補助金 (22360192, 代表：風間聡) と科学研究費補助金 (30111248, 代表：

表-1 ウルマーシマトビケラ (Ho) とフタスジモンカゲロウ (Ej) の重回帰モデルにおいて各環境変数が説明変数に選択された回数

環境指標	説明変数	説明変数に選ばれた回数	
		Ho	Ej
水温変数	年間平均		4
	年間最高		
	年間最低	1	
	年間標準偏差	2	
水深変数	年間平均		1
	年間最高	1	1
	年間最低	1	
	年間標準偏差		1
流速変数	年間平均	1	4
	年間最高	1	
	年間最低	1	
	年間標準偏差	1	1
地理・地勢	勾配		
	集水面積		5
	市街化率	1	1
	農地率	1	1
	森林率	1	
	市街地までの距離	1	
	農地までの距離	1	1
	森林までの距離	1	

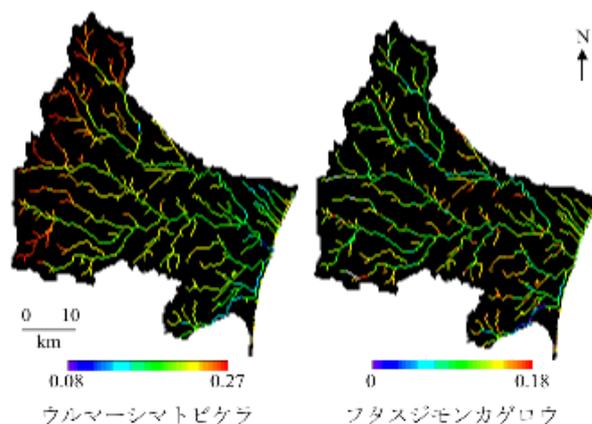


図-2 水生昆虫の遺伝的多様性空間分布図

大村達夫) 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) Manel S, Schwartz MK, Luikart G, Taberlet P (2003) Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. Trends Ecol Evol 18(4): 189-197
- 2) Manel S, Joost S, Epperson BK, Holderegger R, Storer A, Rosenberg MS, Scribner KT, Bonin A, Fortin MJ (2010) Perspectives on the use of landscape genetics to detect genetic adaptive variation in the field. Mol Ecol 19: 3760-3772
- 3) Reed DH, Frankham R (2001) How closely correlated are molecular and quantitative measures of genetic variation? A meta-analysis. Evolution 55: 1095-1103
- 4) Leimu R, Mutikainen P, Koricheva J, Fischer M (2006) How general are positive relationships between plant population size, fitness and genetic variation?. J Ecol 94: 942-952
- 5) 白岩淳一, 風間聡, 沢本正樹 (2006) 気候変動による河川水温の影響. 水工学論文集 50: 1063-1068