

生活型と摂食機能群の観点による河川底生動物の生息場と遺伝的多様性の関係

東北大学大学院工学研究科 正 会 員 ○糠澤 桂

東北大学大学院工学研究科 正 会 員 風間 聡

東北大学大学院工学研究科 学生会員 高瀬陽彦

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

遺伝的多様性の評価は頑健かつ進化ポテンシャルの高い個体群の保全のため必要である。遺伝子の空間構造を調べる景観遺伝学での一般的な研究として、河川構造物が魚類の遺伝子流動を阻害する事例¹⁾や、放流による遺伝子汚染を評価した事例²⁾などが挙げられる。しかし、局所的な生息場環境と遺伝的多様性の関係を評価した報告は少ないのが現状である。

淡水生物を対象とした定量的な生息場評価法として HSI (Habitat Suitability Index) がよく用いられる。HSI は物理環境と対象種の環境選好情報に基づいて、生息環境の質を定量的に表す指標である。HSI を利用した例として、IFIM (Instream Flow Incremental Methodology) の枠組みで魚類生息環境に基づく適正流量の検討³⁾が一般的である。一方、景観遺伝学では遺伝的多様性と HSI を用いた種多様性の比較をした事例⁴⁾はあるが、今までほとんど利用事例はない。

名取川流域において、広範囲に渡り採集された底生無脊椎動物群集の定量サンプルと分布型流出・水温モデルに基づいた底生動物群集の HSI が構築されている(未発表, 高瀬ら)。底生動物の遺伝的多様性と HSI の比較により、多様性に影響する種群を生活型や摂食機能群⁵⁾等の観点から評価出来る。

本研究において、河川底生動物における遺伝構造と生息環境の関係性を評価するために、4 種水生昆虫の遺伝的多様性と底生動物 HSI の相関を調べた。これにより、水工学的手法を用いた生物モデル (HSI) の有用性および遺伝的多様性に寄与する因子を明確にすることを最終的な目的とする。

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。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。市街地、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。

分布型流出・水温モデル⁶⁾より 2006 年の 1 年間に

おける水深、流速、水温データを算定した。気温、降水量等の分布データは仙台、蔵王、新川の 3 地点の AMeDAS データから重みつき距離平均法で求めた。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 生息場適性指数 (HSI)

HSI の算定対象は 49 分類群の底生無脊椎動物である。これに 2006 年 10~11 月の名取川流域における 45 地点の定量調査結果⁷⁾を使用した。49 分類群の内訳は、カゲロウ目 12、カワゲラ目 6、トビケラ目 18、双翅目 4、その他 9 分類群である。

環境指標ごとに生物の SI (Suitability Index) モデルを作成した。対象生物における環境指標ごとの出現頻度を求め、これの頻度の最大値が 1.0 となるよう基準化して SI とした。SI 値は 0.0 (不適) ~ 1.0 (最適) の間の数値により表現される。環境指標は、(1) 水温(年平均・年最大・年最小)、(2) 水深(年平均・年最大・年最小)、(3) 流速(年平均・年最大・年最小)、(4) 勾配、(5) 土地利用、(6) 市街化率、(7) 市街地までの距離、(8) 森林までの距離である。算出した全環境指標の SI を以下の式より相乗平均して HSI を求めた。

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

ここで、SI_j: 環境指標 j の生息適性指数、p: 環境指標の数である。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。

2.3 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、シロズシマトビケラ、フタスジモンカゲロウを対象生物とした。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。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。本データより、多型遺伝子座割合 PLP (%P) とヘテロ接合度 He を AFLP-SURV ver. 1.0 を使用して He=1-Σpi² より算出した。ここで、pi は i 番目の遺伝子座における遺伝子頻度である。

keyword : Distributed runoff model, genetic diversity, habitat suitability, invertebrate

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

表-1 摂食機能群ごとにまとめた底生動物 HSI と遺伝的多様性の相関. 表中の数字は有意な相関 ($P<0.05$) が確認された数, 括弧内は相関の符号であり, 上段は Pearson の相関分析, 下段は Spearman の順位相関分析による結果を示す. 略字は本文を参照のこと.

	<i>H. orientalis</i>		<i>H. albicephala</i>		<i>E. japonica</i>	
	PLP	He	PLP	He	PLP	He
PR(6)		1(+) 2(+)				
SH(1)						
FC(7)		2(-) 2(+),1(-)				
GS(6)				1(-)		
GC(2)					1(+) 1(+)	

表-2 生活型ごとにまとめた底生動物 HSI と遺伝的多様性の相関. 表中の数字は表-1 と同様である. 略字は本文を参照のこと.

	<i>H. orientalis</i>		<i>H. albicephala</i>		<i>E. japonica</i>	
	PLP	He	PLP	He	PLP	He
CR(12)		1(+) 2(+)			1(+) 1(+)	1(+) 1(+)
AT(3)					1(+) 1(+)	2(+) 1(-)
NS(7)	1(+) 1(+),1(-)	2(-) 1(+),2(-)				
GL(6)		1(-)				
BR(4)					1(-)	
SW(2)	1(+)					
				1(-)		

2.4 相関分析

49 分類群の底生動物 HSI と 4 種水生昆虫の遺伝的多様性における Spearman の順位相関係数および Pearson の相関係数を SPSS Statistics 17.0 (SPSS Inc.) を用いて算出した. 結果は底生動物の摂食機能群 (PR:捕食者, SH:破砕食者, FC:濾過食者, GS:刈採食者, GC:採集食者) と生活型 (CR:滑行型を除く匍匐型, AT: 造網型を除く固着型, NS:造網型, GL:滑行型, BR:掘潜型, SW:遊泳型) に分類して考察した.

3. 結果と考察

シロズシマトビケラにおいて, 遺伝的多様性 (%P) と HSI に強い正の相関が確認された ($R=0.50$, $P<0.10$). この事実は, 良好な生息場における遺伝的多様性を高める働きを示唆する. また, HSI が 0 のときに遺伝的多様性が変動している. これは, 実際の個体群の局所環境への適応や生息場の接続性などにより多様性が変動した結果と考える.

表-1 と表-2 を見ると, 濾過食者と造網型の水生昆虫 HSI とウルマーシマトビケラの遺伝的多様性は負の相関を有する傾向が分かる. これは, ニッチェ競争に起因する本種に対する選択圧が遺伝的多様性を

低下させた事実を示唆している. また, 本種の遺伝的多様性は捕食者に分類される水生昆虫の HSI と一貫して正の有意な相関を有することが明らかにされた (表-1). これは, 捕食圧が大きいハビタットにおいて本種の遺伝的多様性が高まることを意味している. フタスジモンカゲロウにおいて, 遺伝的多様性は採集食者の HSI と正の相関を有していた (表-1). これは, 採集食者の生息ポテンシャルが高いデトリタスや FPOM を摂食しやすい緩やかな流れのハビタットにおいて本種の遺伝的多様性の高まることを意味している. しかし, 本種サンプル地点数が少ないため, HSI 空間分布は流域全体における実際の生息分布とずれを有する可能性がある.

4. 結論

本研究により, 水工学的手法による生物モデルを用いた遺伝的多様性評価手法の有用性が示された. シロズシマトビケラの遺伝的多様性と HSI に強い正の相関が確認された. これは生息ポテンシャルの高い良好な生息環境が遺伝的多様性を高める働きのある事実を示唆する. ウルマーシマトビケラの遺伝的多様性は捕食者と正の有意な相関を有していた.

謝辞: 本研究は, 科学研究費補助金 (22360192, 風間聡; 30111248, 大村達夫; 25241024, 竹門康弘; 25303020, 渡辺幸三; 25289172, 渡辺幸三) および特別研究員奨励費 (256493, 糠澤桂) 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) Deiner K., Garza JC., Coey R., Girman DJ., Population structure and genetic diversity of trout (*Oncorhynchus mykiss*) above and below natural and man-made barriers in the Russian River, California, *Conservation Genetics*, Vol.8, pp.437-454, 2007.
- 2) Vähä J-P., Erkinaro J., Niemelä E., Primmer CR., Life-history and habitat features influence the within-river genetic structure of Atlantic salmon, *Molecular Ecology*, Vol.16, pp.2638-2654, 2007.
- 3) Muhlfeld CC, Jones L, Kotter D, Miller WJ, Geise D, Tohtz J, Marotz B, Assessing the impacts of river regulation on native bull trout (*Salvelinus confluentus*) and westslope cutthroat trout (*Oncorhynchus clarkii lewisi*) habitats in the upper Flathead River, Montana, USA. *River Research and Applications*, Vol.28(7), pp.940-959, 2011.
- 4) 糠澤桂, 風間聡, 渡辺幸三, 河川生物の HSI 種多様性と遺伝的多様性の関係性について, 土木学会論文集 G (環境), Vol.68(7), pp.603-610, 2012.
- 5) Merritt RW, Cummins KW. (eds), *An introduction to the aquatic insects of North America* (3rd ed.). Kendall/Hunt, Dubuque, Iowa, 1996.
- 6) 白岩淳一, 風間聡, 沢本正樹, 気候変動による河川水温の影響. 水工学論文集 50: 1063-1068, 2006.
- 7) 浜本洋, 風間聡, 渡辺幸三, 沢本正樹, 大村達夫, 宮城県中南部に生息する河川底生動物群集の種多様性の空間階層構造, 水工学論文集, Vol.52, pp.1171-1178, 2008.