

(53) スリット型砂防ダムが存在する溪流河川の 底生動物の種多様性と遺伝的多様性

糠澤 桂^{1*}・風間 聡¹・渡辺 幸三²・Ji hyun KANG³

¹東北大学大学院工学研究科 (〒980-8579 宮城県仙台市青葉区荒巻字青葉6-6-06)

²Leibniz-Institute of Freshwater Ecology and Inland Fisheries (IGB) (Mueggelseedamm 301, 12587 Berlin, Germany)

³東北大学大学院環境科学研究科 (〒980-8579 宮城県仙台市青葉区荒巻字青葉6-6-20)

* E-mail: nukazawa@kaigan.civil.tohoku.ac.jp

山形県寒河江川流域の大井沢川において底生動物群集の種多様性及びトビケラ目のヒゲナガカワトビケラ (*Stenopsyche marmorata*) の遺伝的多様性を、マイクロサテライト法により評価した。大井沢川にはスリット砂防ダムが2基、非スリット砂防ダムが1基存在する。調査の結果、Shannon-Weiner 多様度指数は上流と下流のスリットダム直上-直下においてそれぞれ 0.90-1.02 と 0.98-1.18 であり直下において増加する傾向を示した。上流3地点及び下流4地点それぞれにおいて高頻度の対立遺伝子を確認した。平均ヘテロ接合度は下流に移動するに従い減少する傾向を示した ($H_o=0.486-0.678$)。調査地点間の距離は底生動物の群集相違度と相関があるが、ヒゲナガカワトビケラの遺伝距離とは相関が無いことが確認された。

Key Words : *Stenopsyche marmorata*, microsatellite DNA, check dam

1. はじめに

山地溪流における砂防事業の一環の砂防ダム(砂防堰堤)は、流下土砂量の調節や河川浸食、土砂崩れの防止等の多様な効果が期待される¹⁾。しかし、砂防ダムの型式の一つである不透過型(非スリット型)は、河川を本来流下している水や無機及び有機物質の連続的な流れを阻害し、ダム上流においては土砂の堆砂やそれに伴う上流の河床勾配の緩和や河床堆積物の均質化、下流においては河床低下が発生するなど、河川環境に与える影響は大きいと言える。しかしながら、貯水ダムを対象とした河川生態影響に関する研究事例^{2,4)}の多さに比べて、山地溪流における砂防ダムに関する報告は、設置数の多さにも関わらず少ないのが現状である。

近年、土砂管理と生態系保全の観点から砂防ダムにスリットを設けた透過型砂防ダム(写真-1)の計画と設置が各地において進められている⁵⁾。透過型ダムの設置される河川区間においては、河川の流れが自然に近い状態に再現されることから、1)ダム上流部への土砂の過剰堆砂防止、2)下流の貯水ダムへの土砂量の調節作用、3)河川の水生物の移動や生息環境の改善、等が期待

されている。3)に関しては、その効用を確認した事例は、透過型ダムの魚道としての機能についての検証は多い⁶⁾が、底生動物を対象とした調査は、砂防構造物施工区間における水生昆虫の流下に関するもの⁷⁾や、砂防ダム下流において流下方向沿いの底生昆虫の生息密度が緩やかな増加傾向を示すこと⁸⁾など先行研究はあるものの、少ないのが現状である。

山地溪流は流速が大きい、水生昆虫の大部分は、流れに逆らい遊泳せず河床材に固着営巣するタイプや、流されないように石や岩を這い生息するタイプ、河床間

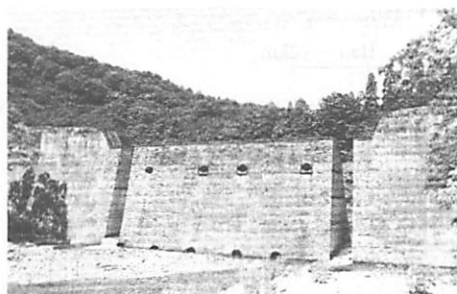


写真-1 大井沢第3ダム(透過型砂防ダム)

隙層に潜り生活するタイプの種群が多い⁹⁾。このため、砂防ダムの影響により河床環境が変化した地点においては、溪流性水生昆虫に影響を与えている可能性がある。このため、透過型及び不透過型砂防ダムの存在する河川区間における底生動物群集の調査は、河川生態系保全における新たな知見の創出の観点からも有意義である。

より直接的な砂防ダムによる水生生物の交流阻害の有無を検証する目的から、同種個体間の遺伝的差異を解析した。対象とした種は、ヒゲナガカワトビケラ (*Stenopsyche marmorata*) である。多くの水生昆虫は、流下行動や遡上飛行などの河川に沿う移動行動を行い、個体群のコロニゼーションサイクル (営巣活動) を完成させる。ヒゲナガカワトビケラについてもこの性質を備えている⁹⁾ため、幼虫期における流下の補償行為としての成虫における遡上飛行が砂防ダムの堤高により遮断される可能性がある。

以上の背景から、山形県大井沢川において底生動物群集の種多様性及び河川環境を調査した。また、ヒゲナガカワトビケラ地域集団の遺伝的変異をマイクロサテライト DNA マーカーにより解析した。

2. 方法

(1) 対象領域

対象領域は山形県寒河江川流域内にある標高約 450~700m に位置する山地溪流の大井沢川である (図-1)。寒河江川との合流地点以外においては周辺に人家は無く、樹林に覆われている。大井沢川においては3基の砂防ダムが存在する。大井沢第2ダムは1968年、第3ダムは1978年、第4ダムは1984年に完成している。また、第2ダムは2004年10月、第3ダムは2007年1月にスリット化工事が完成している透過型砂防ダムである。第4ダムはスリットの無い不透過型砂防ダムである。調査地点は、第4ダム及び第3ダム、第2ダムそれぞれの直上と直下 (st3-st7) および砂防ダムの影響が小さいと考えられる地点として第4ダムよりさらに約300m上流の1地点 (st1)、第2ダムよりさらに約1000m下流の1地点の計8地点 (st8) である。

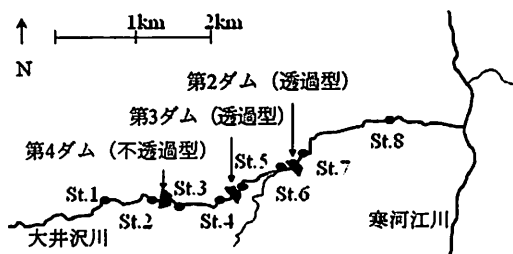


図-1 山形県大井沢川の調査地点

(2) 対象種及びサンプリング

対象種はヒゲナガカワトビケラ (*Stenopsyche marmorata*) である。幼虫は河川の上流域から下流域まで広く分布し河床礫の隙間に分泌糸を用いた巣網を張り営巣し、河川を流れる微細粒状性有機物 (FPOM) を摂食する造網型トビケラに分類される。

ヒゲナガカワトビケラについては、平成20年11月11~16日の期間に、対象個体の採取が可能な全7地点において対象種が20個体になるまでサンプリングした。また、全8地点において平成21年4月17日から7月16日にかけて、各1回ずつ底生動物の定量サンプリングをした。1つの地点において約20~30mの河川区間内から無作為に選んだ3箇所でコドラード付きサーバーネット (30cm×30cm, メッシュサイズ 250μm) を用いて定量サンプリングした。各地点において3回サンプリングした個体数の合計を総個体数とした。サンプリングした底生動物を実験室に持ち帰りその日のうちに99.5%エタノールを用いて固定した。サンプルについては、150倍の実体顕微鏡を用いて日本産水生昆虫検索図鑑に従い可能な限り細かい分類レベル (種・属・科) の同定を行い、それらをまとめて分類群とした¹⁰⁾。

(3) 河川環境データ

全8地点において底生動物のサンプリングと同日に、電磁流速計を使用して10回計測した平均値を平均流速とした。

(4) マイクロサテライト分析

マイクロサテライト分析は塩基配列中に存在するCAGTなどの2~数bp (base pair) の単純な反復配列 (マイクロサテライト) をPCR増幅し、DNA多型を検出する方法である。一般に、マイクロサテライトは通常のDNA領域よりも突然変異率が高く、種内個体間の遺伝的変異を検出し易い。従って、本研究で対象とする小さい空間スケールにおいても遺伝的分化を高精度で評価出来ると考えられる。

サンプリングされたヒゲナガカワトビケラの表皮をピンセットを使用して剥がし、体内の組織を採取して実験サンプルとし、1.5mlチューブに0.5ml HMW バッファー (10mM Tris-HCl (pH8.0), 150mM, 10mM EDTA-NaOH (pH8.0)) と共に入れた。この実験サンプルを攪拌ペッセルを使用してよくすり潰し、SDS (Sodium Dodecyl Sulfate) 及び10mg/ml Proteinase K溶液をそれぞれ5μlずつ入れ55℃の条件において30分インキュベートした。その後、TE (10mM Tris-HCl (pH8.0), 10mM EDTA-NaOH (pH8.0)) により飽和させておいたフェノールとCIA (Chloroform 96%, isoamyl alcohol 4%) を使用して遠心分離 (10000G, 10min, 20℃) を行いDNAを抽出して、エタ

ノール沈殿により DNA のペレットを得た。このペレットを 100 μ l の TE に溶解させてサンプル DNA とし、-20 $^{\circ}$ C にて保存した¹¹⁾。

本研究の解析においては Yaegashi ら¹²⁾がヒゲナガカワトビケラを対象として開発した 10 プライマーペアを使用した。その中において、DNA 抽出した実験サンプルとの PCR 反応が良好な steno03 と steno07, steno08, steno10 を使用した。試薬については、TaKaRaTaqTM (5 units/ μ l) を 1 μ l, 10 $\times$ PCR Buffer (Mg²⁺ free) を 2 μ l, 25mM MgCl₂ を 2.4 μ l, dNTP Mixture (2.5mM each) を 1.6 μ l, 滅菌水を 5 μ l, 10%Tween20 を 1.6 μ l, 蛍光標識をしたプライマーを steno03 (0.25mM) と steno06 (0.25mM) それぞれ 1 μ l ずつの組み合わせのマルチプレックス反応により F と R それぞれ混合したもの (=4 μ l) の合計 17.6 μ l 及び、steno08 (0.1mM) と steno10 (1mM) それぞれ 0.1 μ l と 1 μ l の組み合わせのマルチプレックス反応により F と R それぞれ混合したもの (=2.2 μ l) の合計 15.8 μ l としてこれらを調合した。その混合液を 30 秒間の熱変性 (94 $^{\circ}$ C), 30 秒間のアニーリング (45 $^{\circ}$ C), 2 分間の伸張反応 (72 $^{\circ}$ C) のサイクルにより 35 回 PCR 反応をした。PCR 反応を行うためにサーマルサイクラー (TaKaRa) を使用した。その後、PCR 増幅された DNA 断片を ABI PRISM[®]310 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) によるキャピラリー電気泳動を行い、310 GeneScan[®]3.1.2 (Applied Biosystems) を使用してフラグメントサイズを解析した。

(5) 種多様性

a) 地点内の種多様性

各地点の種多様性を分類群数 S と Shannon-Weiner 多様度指数 H' ¹³⁾により評価した。種多様性は一般的に種数が多いほど高い。しかし、群集に含まれる種の数が同程度の場合においても、特定の種の個体数が多く、ほかの種が少ない場合、種間の均等性を欠くため種多様性は低下する。 H' は種多様性における 2 つの要素 (豊富さと均等さ) を区別すること無く群集の多様性を表す指標であり、 x_i を i 分類群の個体数密度、 N を全分類群の総個体数密度としたとき、以下の式から算出される。

$$H' = -\sum \left(\frac{x_i}{N} \right) \log \left(\frac{x_i}{N} \right) \quad (1)$$

b) 地点間の種多様性 (群集相違度)

各地点間の群集構造の類似性を、Pianka の類似度指数 α' ¹⁴⁾を用いて評価した。 α は 0 から 1 の間の値をとり、1 の場合は相互の種構成と出現比率は同一となる。 N_A と N_B はそれぞれ地点 A と B の総個体数であり、 n_{Ai} と n_{Bi} はそれぞれ地点 A と B における i 分類群の個体数としたとき、 α は以下の式から算出した。

$$\alpha = \sum \frac{P_{Ai} \cdot P_{Bi}}{\sqrt{\sum P_{Ai}^2 \cdot \sum P_{Bi}^2}} \quad (2)$$

$$P_{Ai} = \frac{n_{Ai}}{N_A} \quad P_{Bi} = \frac{n_{Bi}}{N_B}$$

各地点間の群集構成の違いを、群集類似度 α を用いて群集相違度 $\theta = 1 - \alpha$ により評価した。 θ は 0 から 1 の値をとり、0 のときは地点間の群集構成が一致することを表す。

(6) 遺伝的多様性

遺伝的多様性は、種内に存在する遺伝子の多様性を意味する。これにおいては 1) 個体群内の個体間にみられる遺伝子の変異と、2) 個体群間にみられる遺伝的変異がある。本研究においては、各地点における個体群の対立遺伝子頻度及び各遺伝子座毎にヘテロ接合度の観測値 (N_{het}/N : N_{het} はヘテロ接合体として検出された個体数、 N は遺伝子解析に使用したサンプル個体数) を算出し、それらを平均したものを平均ヘテロ接合度 H_o とした。Hardy-Weinberg 平衡 (HWE) からの逸脱の有無を検定した。個体群間の遺伝的分化の指標である Slatkin の遺伝距離 D を既報¹⁵⁾に従い算出した。HW 平衡の検定及び Slatkin の遺伝距離に関してはソフトウェア Arlequin3.1¹⁶⁾を用いて計算した。

3. 結果と考察

(1) 底生動物群集データ

8 地点において総個体数密度は 170 (/m²) (st.1) -370 (/m²) (st.2), 分類群数は 10 (st.1) -20 (st.7) の範囲である。内訳は、カゲロウ目 9 分類群, カワゲラ目 3 分類群, トビケラ目 10 分類群, コウチュウ目 6 分類群, 双翅目 7 分類群, 鱗翅目 1 分類群である。コカゲロウ属は st.1-st.5 に、ミヤマタニガワカゲロウ属は全地点に優占し、この 2 分類群が全採取個体の 36.8% を占めていた。Shannon-Weiner 多様度指数は 0.82-1.02 の範囲である。

(2) 種多様性

次ページ図-2 に各地点の Shannon-Weiner 多様度指数 H' と分類群数 S の結果を示す。両指標とも、二つの透過型ダムの直下において直上の地点に比較して増加する傾向が見られた。この傾向は、スリット化が比較的古くに行われた第 2 ダム直下 (st.7) の方が顕著に見られた。各地点の種多様性は、その場の環境状態から決定される種数の環境容量と、外部からの種の移入のしやすさの二つの因子により決定される。透過型ダムの直下の種多様性が増加した潜在的な原因として、1) ダム直下の環境が

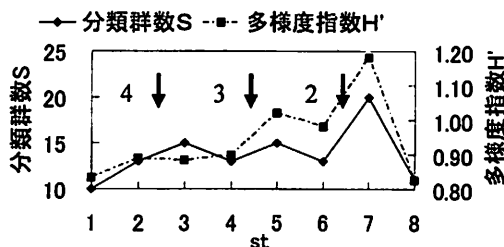


図-2 多様度指数 H' と分類群数 S の流程分布。

下向き矢印は砂防ダムの流程における位置を、数字は砂防ダムの名前を示す。2: 大井沢第2ダム(透過型), 3: 大井沢第3ダム(透過型), 4: 大井沢第4ダム(不透透型)

再生して新たな種が生息可能な生息場が出来た, 2) 物理的な遮断が緩和されて上流からの有機物(水生昆虫の餌資源)及び土砂の流下が自然環境下の状態に近づいた結果, 下流に生息可能な種数が増加した, 3) 物理的な遮断が緩和されてダム上流からスリット化以前まで流下不可能であった新たな種が移入し, その効果が下流に移動するに従い積算された結果, 下流において種多様性が増加した, の三つが考えられる。最下流の st.8 において観察された種多様性の低下は, 主な河床材料が砂であり, 本来溪流に見られる石と礫がほとんど見られないため, 多くの溪流性水生昆虫の生息が困難であることに起因すると考えられる。st.8 は砂防ダム直下に位置しないため, この河床の特性は砂防ダムの設置に起因せず, 地勢やその他の環境条件に因るものと考えられる。

(3) 遺伝的多様性

表-1 に 7 地点 (st.1-7) における個体群のサンプル数 N , 対立遺伝子数 A と平均ヘテロ接合度 H_o を示す。4 領域のプライマーにより検出された対立遺伝子数は全地点において 4-10 個である。平均ヘテロ接合度 H_o は 0.143-0.850 の範囲にある。東日本における 24 箇所のヒゲナガカワトビケラ個体群を対象に, RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) 法を用いて算出された平均ヘテロ接合度は 0.081-0.371 の範囲である¹⁷⁾。しかしながら, 変異率の高いマイクロサテライト領域は, 通常の核 DNA を対象に解析する RAPD よりも遺伝子多様性が増加することが考えられる。実際, ダイズ遺伝資源の遺伝子解析における平均ヘテロ接合度は, マイクロサテライトにおける数値 (=0.56-0.68) が RAPD における数値 (=0.31) よりも高い数値である¹⁸⁾。また, 全 st.間における平均ヘテロ接合度に有意差は無い (t 検定, $P>0.05$)。しかしながら, 統計的に差はないものの, 砂防ダムによる影響を受けていないと考えられる st.1 ($H_o=0.678$) に比較して, st.4-st.7 ($H_o=0.486-0.612$) において減少していることが分かる (図-3)。

表-1 個体群の遺伝子解析に使用したサンプル個体数 (N), 対立遺伝子数 (A) および平均ヘテロ接合度 H_o (観測値), そして Hardy-Weinberg 平衡の検定結果 (HWE) (*: $P<0.05$, **: $P<0.01$, ns: not significant ($P\geq 0.05$))

		遺伝子座				平均
		steno03	steno07	steno08	steno10	
st.1	N	20	12	17	20	17.3
	A	6	6	7	4	5.8
	H_o	0.800	0.417	0.647	0.850	0.678
	HWE	ns	**	ns	ns	
st.2	N	19	12	16	16	15.8
	A	6	8	5	5	6
	H_o	0.842	0.417	0.500	0.563	0.580
	HWE	ns	**	*	ns	
st.3	N	19	16	19	16	17.5
	A	5	5	6	6	5.5
	H_o	0.737	0.625	0.632	0.688	0.671
	HWE	ns	ns	*	ns	
st.4	N	17	12	13	17	14.8
	A	5	6	5	6	5.5
	H_o	0.647	0.500	0.385	0.765	0.574
	HWE	ns	**	ns	ns	
st.5	N	15	7	12	12	11.5
	A	5	4	5	6	5
	H_o	0.800	0.143	0.417	0.583	0.486
	HWE	ns	**	*	ns	
st.6	N	16	13	18	18	16.3
	A	6	7	8	5	6.5
	H_o	0.688	0.538	0.444	0.778	0.612
	HWE	ns	*	ns	ns	
st.7	N	16	11	16	15	14.5
	A	6	10	6	6	7
	H_o	0.500	0.727	0.500	0.533	0.565
	HWE	ns	ns	**	*	

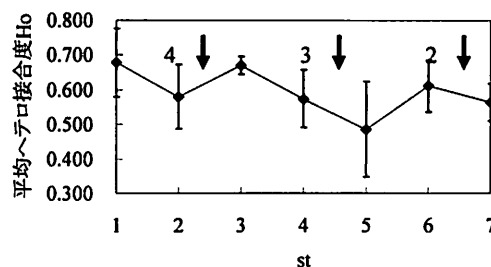


図-3 平均ヘテロ接合度 H_o の流程分布。各 st.におけるバーは標準誤差を表す。下向き矢印及び数字は図-2に同じである。

(4) 遺伝的分化

7 地点 (st.1-7) の個体群間における遺伝子の違いの程度を表す指標である遺伝距離 D は 0-0.056 の範囲であり,

表-2 遺伝距離 D

	st.1	st.2	st.3	st.4	st.5	st.6	st.7
st.1	-						
st.2	0.0000	-					
st.3	0.0000	0.0096	-				
st.4	0.0000	0.0000	0.0000	-			
st.5	0.0077	0.0196	0.0191	0.0118	-		
st.6	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0558	-	
st.7	0.0215	0.0323	0.0000	0.0104	0.0434	0.0000	-

表-3 steno10における対立遺伝子頻度

DNA断片長(bp)	st.1	st.2	st.3	st.4	st.5	st.6	st.7
104	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.07
108	0.32	0.31	0.13	0.23	0.04	0.19	0.23
110	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.00	0.03
112	0.00	0.06	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00
114	0.30	0.41	0.31	0.12	0.67	0.44	0.17
116	0.18	0.03	0.28	0.18	0.13	0.17	0.27
118	0.20	0.19	0.19	0.03	0.04	0.03	0.00
120	0.00	0.00	0.03	0.41	0.08	0.17	0.23
122	0.00	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00

調査区間における遺伝的分化は小さい(前ページ表-2)。しかし, steno10 に着目すると興味深い傾向が見られた。表-3 に steno10 における対立遺伝子頻度を示す。これを見ると, DNA 断片長 108bp, 114bp, 116bp, 118bp, 120bp の 5 つの対立遺伝子が各調査地点において多く出現している(5 つの対立遺伝子の頻度は 0.90-1.00)。よってこれら 5 対立遺伝子は大井沢川の調査区間において優占している対立遺伝子と言える。DNA 断片長 118bp の対立遺伝子頻度は上流の 3 地点(st.1-st.3)において 0.19-0.20 の範囲であり, 下流 4 地点(st.4-st.7)においては 0.03-0.04 の範囲である。また, DNA 断片長 120bp の対立遺伝子頻度は上流の 3 地点において 0.00-0.03 であり, 下流 4 地点においては 0.08-0.41 である。以上の結果は、一部の遺伝子座において上流と下流において遺伝的分化が発生していることを示す。

ヒゲナガカワトビケラの幼虫は河床礫間に造網し、その網に流下する有機物や水生昆虫の死骸を捕捉して摂食する。大井沢第 4 ダム(不透過型ダム)の設置に伴い、上流の土砂堆積および下流の河床低下により第 4 ダム上下流の河床区間の勾配が緩化され, st.1-st.3 における平均流速は低下していた(0.58-0.71(m/sec))。一方, 大井沢第 2, 第 3 ダム(透過型ダム)周辺の河川区間(st.4-st.7)における平均流速は, st.1-st.3 における平均流速よりも有意に高い値を示した(0.84-0.98(m/sec), $P<0.01$, t 検定)。上流 3 地点と下流 4 地点間の流速及び流速の違いにより、一部の遺伝子座において遺伝的選択が発生し、遺伝的分化が発生した事実が示唆される。これは不透過型ダムの下流において地点間の遺伝的多様性を増加させる要因であるが、各地点内の遺伝的多様性を直接的に増加させる要因にはならない。

砂防ダムによる底生動物への影響が大きいのは、遺伝子と種どちらのレベルにおいてなのか、また、その影響は交流阻害によるものなのか、環境の変化によるものなのか、そしてその影響が縦断方向にどのように波及するかを判断する目的により、図-4 に (a) 群集相違度 θ と st 間の距離 (km), (b) 遺伝距離 D と st 間の距離 (km), (c) 遺伝距離 D と群集相違度 θ の関係を示して評価した。Sei ら¹⁹⁾の報告においては、底生動物であ

るヨコエビ (*Gammarus spp.*) の遺伝的類似性と底生動物群集の群集類似度に相関があることを報告している。これは距離が離れた地点間ほど交流が乏しくなり、群集レベルと遺伝子レベルの距離が共に減少することを示している。一方、本研究においては、群集相違度と st 間の距離においては相関がある ($R^2=0.51$) が、遺伝距離と st 間の距離においては相関は無い ($R^2=0.02$)。遺伝距離と群集相違度においても相関は無い ($R^2=0.01$)。これは、1) 遠い地点ほど交流が減少する影響が群集レベルのみに見られて、遺伝子レベルにおいては見られない。2) 群集レベルに見られる距離との関係が、環境適応による群集構成の変異の結果である²⁰⁾、と解釈出来る。この要因として、1) 遺伝子解析に使用した個体群の地点間距離が、最大 230km (st.1-st.7) と狭いスケールであるため、集団間の遺伝構造が均一化していたこと、2) 砂防ダム

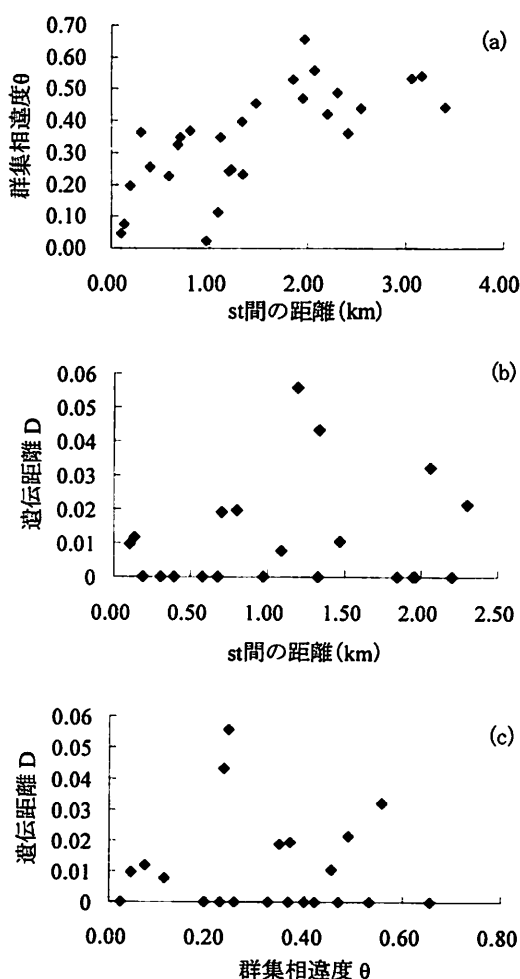


図-4 (a) 群集相違度 θ と st 間の距離 (km) ($R^2=0.51$), (b) 遺伝距離 D と st 間の距離 (km) ($R^2=0.02$), (c) 遺伝距離 D と群集相違度 θ ($R^2=0.001$)

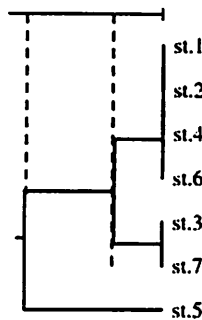


図-5 遺伝距離Dによるクラスター分析結果

が小規模であるため、個体群の遺伝子流動への寄与が小さいことが挙げられる。また、HW平衡の検定結果から、サンプル数が少ないsteno07以外の3つの遺伝子座の多くにおいて有意差がない($P \geq 0.05$)ことから、本調査区間において砂防ダムによる個体群の遺伝子流動への影響は小さいことが推測される。

図-5 に遺伝距離 D によるクラスター分析の結果を示す。この結果から、st.5 (第3ダム直下) が他6地点と大きく異なる遺伝構造を有していることが分かる。st.5 は遺伝的多様性 (A , H_e) が調査地点の中においても最も低かった (表-1, 図-3)。したがって、st.5 の個体群は他の地点においては見られにくく、かつバリエーションが遺伝子により構成されていると言える。この原因として、局所的に特異な環境が形成されて選択が起きた可能性が挙げられる。しかし、st.5 はスリット化された第三ダムの直下において特に顕著な環境変化は見られないため、遺伝的浮動により局所的に特殊な遺伝構造が形成された可能性が高い。

4. 結論

本研究は透過型・不透過型砂防ダムの存在する山地溪流河川の大井沢川において底生動物群集の種多様性と遺伝的多様性を解析した。本研究において得られた主な結論を以下にまとめる。

(1) 底生動物群集の Shannon-Weiner 多様性指数 H' 及び分類群数 S は透過型ダムの下流において増加する傾向がある。多様性指数と分類群数は st.4-st.5 において 0.90-1.02 と 13-15、st.6-st.7 において 0.98-1.18 と 13-20 である。これは砂防ダムのスリット化により 1) ダム直下の環境が再生して新たな種が生息可能な生息場が出来た、2) 物理的な遮断が緩和されて上流からの有機物及び土砂の流下が自然環境下の状態に近づいた結果、下流に生息可能な種数が増加した、3) 物理的な遮断が緩和されてダム上流からスリット化以前まで流下不可能であった新たな種が

移入し、その効果が下流に移動するに従い積算された結果、下流において種多様性が増加した、の三つが挙げられる。

(2) 遺伝子座 steno10 において、上流3地点と下流4地点にのみ存在する対立遺伝子を確認した。これは、不透過型ダムによる河床勾配の緩化により、上流3地点と下流4地点間の平均流速に有意差 (t 検定, $P < 0.01$) が生じ、一部の遺伝子座において遺伝的選択が発生したことにより、遺伝的分化が発生した事実を示唆している。

(3) st 間の距離が離れているほど、群集レベルの交流が弱化する事が示されたが、遺伝子レベルにおいてその傾向は見られない。狭い調査区間における群集構成は、生息環境に依存するケースが考えられる。このため、群集構成の変異と遺伝的分化を比較し、適切に各々の st 間の距離との相関を評価するためには、より長い調査区間を新たに設けることが重要である。

謝辞：本研究は河川環境管理財団から助成を受けた。また、本研究は科学研究費補助金（代表者：風間聡、課題番号：22360192）によって行われた。ここに併せて深甚なる謝意を表します。

参考文献

- 1) 国土交通省国土技術政策総合研究所危機管理技術研究センター砂防研究室：土石流・流木対策設計技術指針解説，364号，2007
- 2) Daniel Gillenwater, Timothy Granata, Ulrike Zika: GIS-based modeling of spawning habitat suitability for walleye in the Sandusky River, Ohio, and implications for dam removal and river restoration. Ecological Engineering 28 pp.311-323, 2008
- 3) 渡辺幸三、大村達夫：ダム放流水が河川底生動物群集に及ぼす季節的影響，土木学会論文集 G, Vol.63, No.2, pp.93-101, 2007
- 4) 波多野圭亮・竹門康弘・池淵周一：貯水ダム下流の環境変化と底生動物群集の様式，Annals of Disas. Prev. Res. Inst. Kyoto Univ., No.48B, 2005
- 5) 大久保駿・阿部宗平・水山高久：スリットを有する砂防ダム，床固めの建設実態，砂防学会誌，Vol.48 No.5, pp.16-20, 1996
- 6) 大浜秀規・坪井潤一：透過型堰堤における魚道としての機能，応用生態工学 12 (1), pp.49-56, 2009
- 7) 布川雅典・菊池俊一：北海道南部の砂防堰堤の存在する河川における底生昆虫の生息密度と滞留有機物量の縦断分布，J. of Community Cooperative Research Center, Senshu Univ., 2, pp.57-62, 2007
- 8) 北村泰一・石松孝至：砂防構造物施工区間における水生昆虫の流下 (drift) 特性に関する一考察，南九州大学研報

- 9) 大串龍一:水生昆虫の世界, 東海大学出版会, 2004
- 10) 川合禎次(編):日本産水生昆虫・科・属・種への検索, 東海大出版会, 2005
- 11) 東京大学医科学研究所制癌研究部:新細胞工学実験プロトコール, 秀潤社, 1993
- 12) Yaegashi S, Watanabe K, Omura T: Isolation and Characterization of Ten Microsatellite Loci in the Caddisfly *Stenopsyche marmorata* (Trichoptera: Stenopsychidae), *Molecular Ecology Resources*
- 13) Shannon CE: A MATHEMATICAL THEORY OF COMMUNICATION, *BELL SYSTEM TECHNICAL JOURNAL* Vol27, Issue3, pp.379-423, 1948
- 14) 中村寛志: 生物群集の解析手法と環境アセスメント, *Journal of the Faculty of Agriculture SHINSHU UNIVERSITY* Vol36 No.1, 2000
- 15) Slatkin, M: A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies, *Genetics*, 139, pp.457-462, 1995
- 16) L Excoffier, G Lavel, S Schneider: Arlequin ver.3.1: an integrated software package for population genetics data analysis, *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1, pp.47-50, 2005
- 17) Watanabe K, Omura T: Relationship between reservoir size and genetic differentiation of the stream caddisfly *Stenopsyche marmorata*, *Biological Conservation* 136: pp.203-211, 2007
- 18) Wayne Powell, Michele Morgante, Chaz Andre, Michael Hanafey, Julie Vogel, Scott Tingey, Antoni RafalskiThe: comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for gemplasm analysis, *Molecular Breeding* 2, pp.225-238, 1996
- 19) Makiri Sei, Brian K.Lang, David J.Berg: Genetic and community similarities are correlated in endemio-rich springs of the northern Chihuahuan Desert, *Global Ecology and Biogeography*, 18, pp.192-201, 2009
- 20) 糠澤桂・風間聡・渡辺幸三:透過型・不透過型砂防ダムの存在する山地溪流における底生動物群集の種多様性, *水工学論文集*, 54 巻, pp.1285-1290, 2010

(2010. 5. 21 受付)

SPECIES AND GENETIC DIVERSITIES OF BENTHIC ANIMALS IN A MOUNTAIN STREAM FRAGMENTED BY SLIT AND UNSLIT SABO DAMS

Kei NUKAZAWA¹, So KAZAMA¹, Kozo WATANABE², Ji hyun KANG³

¹ Graduate School of Engineering, Tohoku University (Aoba 6-6-06, Sendai, Japan)

² Leibniz-Institute of Freshwater Ecology and Inland Fisheries (IGB) (Mueggelseedamm 301, 12587 Berlin, Germany)

³ Graduate School of Environmental Studies, Tohoku University (Aoba 6-6-20, Sendai, Japan)

We investigated species diversity of benthic faunal communities and genetic diversity of caddisfly *Stenopsyche marmorata* in Oisawa River fragmented by two slit and one unslit sabo dams. Over the slit dams, Shannon-Weiner diversity indices and number of taxa increased from 0.90 to 1.02 and 13 to 15 respectively (upstream), and also from 0.98 to 1.18 and 13 to 20 respectively (downstream). Through microsatellite analysis of *S. marmorata*, we found two selective alleles, which shows clear genetic differentiation along the corridor between three upper stream sites and four downstream sites. Longitudinal change of mean observed heterozygosities along corridor showed decreasing pattern of genetic diversity as going to downstream site ($H_o=0.486 - 0.678$), showing the highest diversity at the highest upstream site, which receives no effect of the unslit dam. Difference of community's species compositions between sites were correlated to geographical distances where as genetic distances between sites were not correlated to geographical distances, suggesting that species compositions of the communities were determined through the process of species adaptation to the local environment.