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

糠澤 桂^{1*}・風間 聡¹・渡辺 幸三²

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)

²愛媛大学大学院理工学研究科 (〒790-8577 愛媛県松山市文京町3番)

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

宮城県名取川流域において、HSI (Habitat Suitability Index) から算出された種多様性 (HSI種多様性) と2006年における現地調査により得られた4種水生昆虫の遺伝的多様性の関係性を評価した。HSIモデルは地理データ (土地利用、勾配など)、分布型流出モデルから算出した水理情報を基に6種水生生物に関して構築したものを使用した。結果として、ウルマーシマトビケラの3種遺伝的多様性指標がHSI種多様性と有意な正の相関を示した。HSI種多様性が高い場所においては水生生物の生息ポテンシャルが高いと考えられる。このため、対象種の移入・定着が容易になるに従い遺伝子流動性が高まり、結果として遺伝的多様性が増加したと推測される。

Key Words : distributed runoff model, habitat suitability index, *Hydropsyche orientalis*, species and genetic diversity correlation (SGDC), *Trichoptera*

1. はじめに

種多様性と遺伝的多様性は、生物の多様性に関する条約 (CBD) ¹⁾により国際的保全および持続的利用が提唱されている概念である。近年においては、DIVERSITAS (生物多様性科学国際共同研究計画) により、様々な時空間スケールにおいて両多様性の变化パターンを理解することが今後の国際的な最優先研究事項の一つに設定されている²⁾。種多様性は種数やShannon-Weinerの多様度指数などにより数値化され、遺伝的多様性は対象種における個体間のDNA塩基配列の多様さ (多型) により推定される。

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³⁾。Vellend and Geber⁴⁾は、種多様性と遺伝的多様性の増加を 1) 外部からの新たな個体の移入による種や遺伝子の増加、2) 環境異質性が高い (多様な環境を有する場合、多様な生物種がその環境を選好して生息可能となるため種多様性が増加し、同時に、環境選択パターンの増加に伴い多様な遺伝子が定着するため、結果として両多様性が並行して増加する、等のプロセスにより説明している。Evannno⁵⁾は上記 2) の逆のケースとして、干ばつにより生息場が劣化し腹足類の両多様性が独立し

て減少したことを報告している。

流域における種多様性^{6,8)}および遺伝的多様性^{9, 11)}の評価事例は多いが、課題として両多様性の流域全域に渡る調査が時間と費用の面において困難であることが挙げられる。この問題を解決出来ると考えられるのが、広域環境データに基づく種多様性推定手法の両多様性の関係性評価への適用である。本手法を用いて流域全域において推定される種多様性を使用することにより、現地調査の省力化が期待出来る。

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現地調査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。HSIモデルは、対象地域をメッシュに分割し、対象生物の生息に関わるメッシュ内の環境の指標 (水深、流速、森林までの距離など) から生息適性を評価するモデルである。風間ら¹²⁾は宮城県名取川流域において土地利用と数値地図情報、流出モデルから算定された水理データにより 6 種水生生物のHSIを推定している。本研究においては、風間らの推定したHSIより算定されたHSI種多様性と 4 種水生昆虫の遺伝的多様性との関係性を評価した。

2. 方法

(1) 研究対象流域

宮城県ほぼ中央部に位置し、幹川流路延長 55.0km の一級河川である名取川を有する名取川流域（流域面積 939km²）を研究対象流域に選定した（図-1）。名取川は水源を宮城と山形の県境付近の神室岳に発し、奥羽山脈から発する碓氷川や広瀬川等の大小支川を合わせて仙台市を東流し太平洋に注ぐ。上流域は標高 1,000m を越える山岳地帯のため冬季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。また、大型の多目的ダムである大倉ダムと釜房ダムは、それぞれ広瀬川の支川である大倉川と、名取川の支川である碓氷川において設置されている。

(2) HSI 算定に使用した物理環境データ（表-1）

a) 土地被覆データ

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。

b) 数値的地理データ¹³⁾

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、対象メッシュ（50m×50m）の周囲 81 メッシュ（450m 四方）の土地利用を調べ、市街化地域に当たるメッシュ数を合計し、それを総メッシュ数 81 により除することにより算定した。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。算定対象メッシュから最寄りの市街地および森林までの距離を求め、対象メッシュの値とした。同様に、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。本研究においては、河道および田を水辺と定義した。

c) 水理データ

土田ら¹⁴⁾が開発した分布型流出モデルを用いて、1999 年 7 月から 2000 年 6 月の 1 年間における水深、平均流速、の分布データを算定した。これらのモデルにおいて必要となる気温、降水量などの分布データを、仙台、川崎、新川の 3 地点の 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。河道部において dynamic wave 法を用いている。

表-1 HSI 算定に使用した物理環境データ

データ 入手元	分類	HSI 算定に使用した 環境データ
国交省、 環境省	土地被覆 データ	(1) 植生 (2) 土地利用
国交省 (4)～(7)は著 者らにおい て作成。	数値的地理 データ	(3) 勾配 (4) 市街化率 (5) 市街地までの距離 (6) 森林までの距離 (7) 水辺までの距離
分布型流出 モデル ¹⁴⁾	水深	(8) 年平均 (9) 年最大 (10) 年最小 (11) 年間変動の分散
	流速	(12) 年平均 (13) 年最大 (14) 年最小 (15) 年間変動の分散

▽ アメダス観測所

● ウルマシマトビケラ採集地点（全26地点）

図-1 名取川流域

(3) 種多様性

a) 対象生物

HSIを算定する対象生物に名取川流域下流部に位置する名取市による 2000～2001 年の生物調査¹⁵⁾の結果を使用

した。これは、解像度 250mメッシュの範囲において生息の有無を生態学の専門家が種を特定していき、底生動物から哺乳類まで全 1231 種の動物を確認したものである。本研究においては、以下に示す異なる生息環境を愛好すると考えられる 6 種水生生物分類群を対象生物として選定した。なお、サンプル数が多く生息環境が類似している生物種は一つの分類群としている。

- 1) 止水性トンボ類（オオルリボシヤンマ、オゼイトトンボ、コバネアオイトトンボ、ハッチョウトンボ）
- 2) 流水性トンボ類（アオサナエ、ホンサナエ、ヤマサナエ）
- 3) カエル類（ニホンアカガエル、トウキョウダルマガエル、ツチガエル）
- 4) メダカ
- 5) ゲンジボタル
- 6) ヘイケボタル

b) HSI モデル

HSI モデルは、メッシュ内の環境指標（水深、流速など）を用いて生息適性（生息ポテンシャル）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）を作成する。

SIは環境指標ごとに作成する。本研究において用いた指標は、植生、土地利用、勾配、市街化率、市街地までの距離、森林までの距離、水辺までの距離、水深（年平均・年最大・年最小・年間変動の分散）、流速（年平均・年最大・年最小・年間変動の分散）である（表-1）。SIを現地調査による生物の生息地データから求めた。まず、メッシュ内の生物調査データ¹⁵⁾と環境データにより対象生物における環境指標ごとの頻度分布図を作成する。頻度の最大値が 1.0 となるように基準化したものを対象生物のSIとする。作成した全環境指標のSIを相乗平均したものがHSIとなり、次のように表せる。

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

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。

c) 種多様性の算定

本研究においては各分類群の適性度を表すHSIに基づいて算定した分類群数とShannon-Weiner多様度指数¹⁶⁾を種多様性として使用した。HSIにより定量的に表現される生息適性度は、対象生物の生息ポテンシャルを表す指標と言える。この観点より、本研究においてはHSI 0.5 となる場合に対象分類群が「存在」と仮定し、

図-2 平均分類群数分布図（250mメッシュ）

$HSI < 0.5$ となる場合は対象分類群が「不在」と仮定して分類群数を算定した。Shannon-Weiner 多様度指数 H は一般的に以下の式より算出する。

$$H' = -\sum_{i=1}^6 p_i \log_2 p_i \quad (2)$$

ここで、 p_i は個々の生物種のもつ重要度の相対比率を数値化したものと定義されている。一般的には分類群ごとの個体数の相対比率が用いられることが多いが、本研究においてはHSIを個体数の代りに用いる。風間ら¹⁷⁾は上記の式により算定された種多様性分布とオオタカのHSI分布の傾向が酷似していることを報告している。オオタカを含む猛禽類は生態系ピラミッドの頂点に位置しその生態系における種多様性の指標とされる¹⁸⁾。また、Shannon指数は情報理論から導かれた数式であり、集合の多様さを評価するために汎用的に使用される指標である。以上より、本研究における対象生物の選好情報に基づく生息ポテンシャルを重要度に設定して、水生生物の多様度を推定することが可能と考えられる。(2)式における p_i を次式のように表現した。

$$p_i = HSI_i / \sum_{i=1}^6 HSI_i \quad (3)$$

算定した 50mメッシュの分類群数分布および Shannon-Weiner 多様度指数分布を、本研究において解析に用いる 250m メッシュ値に平均化した。ここではその値を平均分類群数および平均多様度指数と呼ぶ。図-2 に例として平均分類群数分布図（最大値=6）を示す。

表-2 4種水生昆虫の遺伝的多様性 (PLP, H_e , θ_s , θ_π) とHSI種多様性の相関係数および危険率。太字は有意な相関関係を示す。

		ウルマーシマトビケラ				ヒゲナガカワトビケラ				シロズシマトビケラ				フタスジモンカゲロウ			
		PLP	He	θ_s	θ_π	PLP	He	θ_s	θ_π	PLP	He	θ_s	θ_π	PLP	He	θ_s	θ_π
解析個体数N		27				21				13				10			
Spearman's ρ																	
平均多様度指数	相関係数 ρ	0.30	0.29	0.38	0.29	0.02	0.14	0.09	0.15	0.12	0.08	0.00	0.05	0.30	0.39	0.20	0.43
	危険率P	0.24	0.14	0.05	0.14	0.93	0.55	0.71	0.52	0.70	0.79	1.00	0.87	0.40	0.26	0.57	0.22
平均分類群数	相関係数 ρ	0.13	0.39	0.54	0.41	0.23	0.06	0.10	0.05	0.14	0.13	0.17	0.16	0.14	0.03	0.09	0.06
	危険率P	0.52	<0.05	<0.01	<0.05	0.31	0.81	0.67	0.83	0.64	0.67	0.58	0.59	0.71	0.95	0.80	0.86
Pearson's R																	
平均多様度指数	相関係数R	0.24	0.24	0.35	0.25	0.00	0.14	0.07	0.15	0.05	0.01	0.08	0.01	0.29	0.30	0.20	0.25
	危険率P	0.24	0.36	0.08	0.21	0.99	0.54	0.78	0.52	0.87	0.98	0.80	0.97	0.41	0.41	0.57	0.50
平均分類群数	相関係数R	0.10	0.36	0.51	0.39	0.10	0.04	0.03	0.43	0.08	0.25	0.33	0.28	0.19	0.02	0.16	0.05
	危険率P	0.62	0.07	<0.01	<0.05	0.66	0.86	0.90	0.85	0.79	0.41	0.28	0.35	0.61	0.97	0.66	0.89

(4) 遺伝的多様性

既存のウルマーシマトビケラ (*Hydropsyche orientalis*) , ヒゲナガカワトビケラ (*Stenopsyche marmorata*) , シロズシマトビケラ (*Hydropsyche albicephala*) , フタスジモンカゲロウ (*Ephemera japonica*) のAFLPデータ (未発表, Watanabe, Monaghan, Kikuchi, Kazama, Omura) を使用した。本データは名取川流域における 26 か所の調査地点において 2006 年 10 月 ~ 11 月に採集されたものを元にしている。各幼虫個体からDNAをフェノール抽出し、既報¹⁹⁾に従い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。本データを用いた多型遺伝子座割合PLPおよびヘテロ接合度 H_e の導出はAFLP-SURV ver. 1.0を使用した²⁰⁾。ヘテロ接合度 H_e は以下の式より算出している。

$$H_e = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 \quad (4)$$

ここで、 n は解析に使用した遺伝子座数、 p_i は*i*番目の遺伝子座における遺伝子頻度である。AFLP分析においては一つの遺伝子座における対立遺伝子数を 2 種類と仮定している。ハーディ・ワインベルグ平衡を仮定して遺伝子頻度はZhivotovsky²¹⁾に従いベイズのアプローチにより計算している。集団より無作為に抽出した 2 個の平均塩基相違数 (塩基多様度) の期待値である集団突然変異率 θ_s ²²⁾と多型サイト数 (Number of segregating sites) とサンプル数より推定される集団突然変異率 θ_s ²³⁾の 2 つの遺伝的多様性指標をArlequin ver. 3.1²⁴⁾を使用して算出した。 θ_s と θ_π は N を有効集団サイズ、 μ を世代あたり遺伝子あたりの突然変異率として以下の式より求められる。

$$\theta_\pi = 4N\mu \quad (5)$$

$$\theta_s = 4N\mu \sum_{i=1}^{n-1} \frac{1}{i} \quad (6)$$

3. 結果

種多様性 2 指標 (平均多様度指数, 平均分類群数) と 4 種水生昆虫の遺伝的多様性 4 指標における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 (表-2)。ここで平均多様度指数と平均分類群数の値の範囲はそれぞれ 0-1.54 と 0-2.64 である。Spearmanの順位相関係数においては平均分類群数とウルマーシマトビケラのヘテロ接合度 H_e ($\rho=0.39$, $P<0.05$) および突然変異率 θ_s ($\rho=0.54$, $P<0.01$) , θ_π ($\rho=0.41$, $P<0.05$) にはそれぞれ有意な正の相関関係が確認された。Pearsonの相関係数においては平均分類群数とウルマーシマトビケラの突然変異率 θ_s ($R=0.51$, $P<0.01$) , θ_π ($\rho=0.39$, $P<0.05$) はそれぞれ有意な正の相関を示した。平均分類群数とウルマーシマトビケラのヘテロ接合度, θ_s , θ_π における散布図と相関係数を図-3 に示した。平均分類群数とヘテロ接合度および θ_π に関して地点 4 と 12 において、平均分類群数と θ_s に関して地点 4 において、回帰モデルからの有意な残差 (外れ値) が確認された ($P<0.05$) (図-1, 図-3)。SPSS Statics 17.0 (SPSS Inc.) を使用してHSI算定に使用した環境データから調査地点間の非類似度 (平方ユークリッド距離) を計算し、これを基にWard法により調査地点をクラスター分類し樹形図を作成した (図-4)。

4. 考察

(1) 種多様性と遺伝的多様性の関係

HSI種多様性とウルマーシマトビケラの遺伝的多様性は正の相関を示した (表-2)。これはVellend³⁾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 種水生生物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持て

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。一つ目は、HSI種多様性が高い場所における種の移入・定着ポテンシャルの高さである。HSI種多様性が高い環境下においては、止水性・流水性トンボやホタルなど異なる環境を嗜好する種のHSIが高い場所であるため、多様な水生生物種の移入・定着ポテンシャルが高いと推測される。この場所においては、ウルマーシマトビケラ個体群における個体の入れ替わりが相対的に活発になると考えられるため、遺伝子流動が増加する。これにより、最終的に対象種の遺伝的多様性が増加した事実が示唆される。

図-3 平均分類群数とヘテロ接合度 H^* ($\rho=0.39, P<0.05$) , θ_S ($\rho=0.54, P<0.05$) , θ_π ($\rho=0.41, P<0.05$) の散布図。

二つ目の要因は、環境異質性の高さが遺伝的多様性に与える影響である。異なる環境を嗜好する6分類群の水生生物のHSIから算定された種多様性が高い場所においては環境異質性が高いと言える。従って、ウルマーシマトビケラ個体群の中に多様な局所的環境条件に適応した様々な遺伝子型の個体が定着し、結果としてその場所の遺伝的多様性が増加した可能性が考えられる。

(2) 外れ値(残差)の考察

HSI 種多様性と遺伝的多様性指標には地点 4 と 12 (図-1, 図-3) において有意な外れ値が確認された。これは、観測された遺伝的多様性が単回帰モデルによる予測値に比べて有意に低い(地点 4) もしくは高い(地点 12) ことを示している。これは、種・遺伝的多様性に独立に影響を与えていることが示唆される2つの要因(移入・定着ポテンシャルと環境異質性)以外の要因が種多様性あるいは遺伝的多様性に影響を与えていることを示している。

この原因として、局地的環境要因によりウルマーシマトビケラの遺伝的多様性が増加あるいは減少していることが考えられる。これを確かめるため、HSI 算定に使用した地点 4 と 12 地点は他地点と比較して特筆すべき逸脱は確認されない(図-4)。これは、全調査地点の中に

図-4 HSI 算定に使用した環境データを説明変数とした調査地点間のクラスター分析による樹形図。

においても、これら 2 地点の河川環境に特異性は無いことを示している。

Watanabe ら²⁵⁾の解析においては、ウルマーシマトビケラの遺伝的多様性が増加するに従い本種個体群密度が減少する有意な関係性が導かれている。特に、地点 4 においては全地点の中においても対象種の個体群密度は最も高く、個体数における優占種であった（総個体数の 32%）。これは、地点 4 における流況・地形条件から説明出来る。地点 4 は大倉川に設置されている多目的ダムの大倉ダムの約 3km 下流に位置している。大倉ダム下流においてはダムの洪水調整および発電取水の影響により減水および流況の平滑化が発生していると考えられる。この場合、下流において大規模な出水が発生する確率は小さいため対象種の個体群はかく乱されず、個体群密度が高く保たれていたと考えられる。しかし、大倉ダムの河川分断効果によりダム上流からの対象種の流入が困難である場合、下流への遺伝子の供給効果が小さいと推測される。このため、対象種の個体群が世代を通じて上流の個体群と交流する機会が減少し、同一個体群内での近親交配が進行したため、遺伝的多様性が低下した事実が示唆される。

本種は流域内において上流に生息する近縁種のシロズシマトビケラと棲み分けすることが知られている²⁶⁾。このため、上流のウルマーシマトビケラ個体群はシロズシマトビケラ個体群と交雑した結果として遺伝的多様性が増加した可能性がある。地点 12 を含む上流端のウルマーシマトビケラ個体群とそれ以外の同種全体群の遺伝的多様性の差を検定により比較したところ、遺伝的多様性 4 指標のうち 2 指標において統計的有意 ($P < 0.05$) に上流端の多様性が増加していた。地点 12 においてもこの影響を受けて遺伝的多様性が増加した効果が外れ値を示した要因の一つと考えられる。また、本種の AFLP 分析における対立遺伝子頻度は水温指標と有意な相関を有することが確認されている（未発表、Nukazawa, Kazama, Watanabe）。これにより、本研究において使用していない水温要素が本種の遺伝的多様性の制限要因となり、その影響が散布図において外れ値として現れた事実が示唆される。

(3) モデルの検討および応用的利用

HSI 種多様性は物理環境データに基づき算出されている。このため、HSI 種多様性を流域の種多様性評価および両多様性の関係性評価に適用することにより、現在までの現地調査に基づく評価手法の省力化が期待出来る。また、本研究においては HSI 構築に流出モデルから算定された水理データを使用している。このため、気候変動に伴う気象条件の変化をモデルの入力データにおいて考慮することにより、将来の HSI 種多様性を予測出来る。

また、土地利用や市街化率などの環境指標を使用しているため、都市計画やゾーニング等により河川環境が改変された際の HSI 種多様性も推定可能である。

本研究においては HSI 種多様性とウルマーシマトビケラ遺伝的多様性の正の相関を確認した。今後は、ダムによる本種に対する遺伝子流動の阻害効果を検討・考慮し、評価対象種を増やす等により正確な種多様性と遺伝的多様性の関係性を定義できるようになると考える。この関係性に基づき、将来的には流域全域において遺伝的多様性の空間分布を予測するモデルを開発することが出来る。

5. 結論

本研究においては、6 種水生生物 HSI から算定された種多様性と 4 種水生昆虫の遺伝的多様性の関係性を評価した。

平均分類群数 S とウルマーシマトビケラのヘテロ接合度 H_e ($\rho = 0.39$, $P < 0.05$) および θ_s ($\rho = 0.48$, $P < 0.05$)、 θ_r ($\rho = 0.42$, $P < 0.05$) にはそれぞれ有意な正の相関関係が確認された。HSI 種多様性が高い場所においては水生生物の生息ポテンシャルが高いと考えられる。このため、対象種の移入・定着ポテンシャルが増加するに従い遺伝子流動性が高まり、結果として遺伝的多様性が増加したと推測される。

また、HSI 種多様性とヘテロ接合度には 2 地点において有意な標準化残差が確認された。残差が確認された地点における遺伝的多様性の低下は、大倉ダムによる上流からの遺伝子の供給効果が小さいことにより、ダム下流の個体群において近親交配が進行したことが原因であると推測される。

謝辞：本研究（の一部）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：大村達夫）の助成を受けたものである。併せてここに深甚なる謝意を表します。

参考文献

- 1) Convention on Biological Diversity: <http://www.cbd.int/>
- 2) Larigauderie A., Prieur-Richard A., Mace GM., Lonsdale M., Mooney HA., Brussaard L., Cooper D., Cramer W., Daszak P., Diaz S., Duraiappah A., Elmqvist T., Faith DP., Jackson LE., Krug C., Leadley PW., Prestre PL., Matsuda H., Palmer M., Perings C., Puleman M., Reyers B., Rosa EA., Scholes RJ., Spehn E., Turner BL., Yahara T.: Biodiversity and ecosystem services science for a sustainable planet: the DIVERSITAS vision for 2012-20, Current Opinion in Environmental Sustainability, Vol.4, pp.101-105, 2012.
- 3) Vellend M., Species diversity and genetic diversity: parallel processes and correlated patterns, Am. Nat., Vol.166 (2), pp.199-215, 2005.

- 4) Vellend M., Geber M.A.: Connections between species diversity and genetic diversity, *Ecol. Lett.*, Vol.8, pp.767-781, 2005.
- 5) Evanto G., Castella E., Antoine C., Paillat G., Goudet J.: Parallel changes in genetic diversity and species diversity following a natural disturbance, *Mol. Ecol.*, Vol.18, pp.1137-1144, 2009.
- 6) 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, 京都大学防災研究所年報, Vol.48 (B), 2005.
- 7) Clarke A., Nally R.M., Bond N., Lake P.S., Macroinvertebrate diversity in headwater streams: a review, *Freshw. Biol.*, Vol.53, pp.1707-1721, 2008.
- 8) 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, Vol.54, pp.1285-1290, 2010.
- 9) Berrebi P., Povz M., Jesensek D., Cattaneo-Berrebi G., Crivelli A.J.: The genetic diversity of native, stocked and hybrid populations of marble trout in the Soca river, Slovenia, *Heredity*, Vol.85, pp.277-287, 2000.
- 10) Watanabe K., Monaghan M.T., Takemon Y., Omura T.: Dispersal ability determines the genetic effects of habitat fragmentation in three species of aquatic insect, *Aquat. Conserv.*, Vol.20, pp.574-579, 2010.
- 11) 糠澤桂, 風間聡, 渡辺幸三, Kang J., スリット型砂防ダムの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, 環境工学研究論文集, Vol.47, pp.433-439, 2010.
- 12) 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, Vol.63 (4), pp.323-337, 2007.
- 13) 国土交通省国土計画局:
<http://www.mlit.go.jp/kokudokeikaku/gis/index.html>
- 14) 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, Vol.48, pp.475-480, 2004.
- 15) 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.
- 16) Shannon C.E.: A mathematical theory of communication, *At&T Tech J.*, Vol.27-3, pp.379-423, 1948.
- 17) 風間聡, 松本哲, 沢本正樹, 浜本洋: HSI モデルによる生物生息域推定を利用した流域環境評価, 土木学会論文集 B, Vol.63 (4), pp.338-350, 2007.
- 18) 山崎亨: 猛禽類が自然保護活動の中で注目されるわけ「猛禽類でわかる生態系の健全度」, 月刊「自然保護」, No.408, 1996.
- 19) 渡辺幸三, 菊池祐二, 風間聡, 大村達夫: 東日本の3水系に生息するヒゲナガカワトビケラの遺伝的多様性の空間階層構造, 水環境学会誌, Vol.31, pp.31-37, 2008.
- 20) Vekemans X., T. Beauwens, M. Lemaire and I. Roldan-Ruiz: Data from amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers show indication of size homoplasy and of a relationship between degree of homoplasy and fragment size, *Mol. Ecol.*, Vol.11, pp.139-151, 2002.
- 21) Zhivotovsky L.A.: Estimating population structure in diploids with multilocus dominant DNA markers, *MolEcol.*, Vol.8, pp.907-913, 1999.
- 22) Tajima F.: Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations, *Genetics* Vol.105, pp.437-460, 1983.
- 23) Watterson, G.: On the number of segregating sites in genetical models without recombination, *Theor. Popul. Biol.* Vol.7, pp.256-276, 1975.
- 24) L. Excoffier, G. Lavel, S. Schneider: Arlequin ver.3.1 : an integrated software package for population genetics data analysis, *Evolutionary Bioinformatics Online*, Vol.1, pp.47-50, 2005.
- 25) Watanabe K., Monaghan M.T., Omura T.: Longitudinal patterns of genetic diversity and larval density of the riverine caddisfly *Hydropsyche orientalis* (Trichoptera), *Aquat. Sci.*, Vol.70, pp.377-387, 2008.
- 26) 柴谷篤弘, 谷田一三: 日本の水生昆虫, 東海大学出版会, 1989.

(2012.5.25 受付)

EVALUATION OF RELATIONSHIPS BETWEEN HSI BASED SPECIES DIVERSITY AND GENETIC DIVERSITY OF RIVERINE ANIMALS

Kei NUKAZAWA¹, So KAZAMA¹, Kozo WATANABE²

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

²Graduate School of Science and Engineering, Ehime University (Bunkyo-cho 3, Matsuyama, Japan)

Relationships between species diversity calculated from Habitat Suitability Index (HSI) of aquatic animals and genetic diversities of four species of aquatic insect (three caddisflies and one mayfly) were examined in the Natori River basin, middle of Miyagi prefecture Japan. The HSI has been evaluated for six riverine animals based on current velocity and water depth calculated from an existing distributed runoff model and geographical data (eg., landuse, slope, and urban ratio) by Kazama et al. (2007). As a result, three out of four genetic diversity indices of one caddisfly (*Hydropsyche orientalis*) showed significant positive correlation to the HSI based taxa richness. This result suggests a sharing influence of immigration on community and population levels is potentially high in the locations where many species can coinhabit. Accordingly, parallel effects of gene flow and habitat heterogeneity on species and genetic diversity through environmental filtering and local adaptation of genotypes of focal species would contribute to the enhancement of biodiversity.