

【東城】 信州大学の東城です。すみません、少し時間がかかりまして。

今、水生昆虫が専門ではあるんですが、ここに挙げてさせていただいたような、ツキノワグマとか、こういったものもトラップで捕まえて遺伝子解析をしたりというようなことを今進めております。



20160521 柿田川生態系研究会

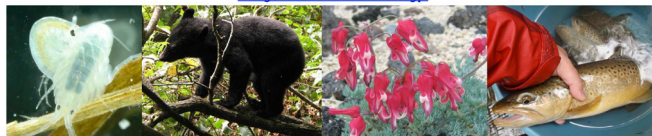
### 研究紹介：DNAマーカーを用いた河川生態学的研究試行

東城 幸治

信州大学 学術研究院 理学系（理学部 生物科学科）

信州大学 先鋭領域融合研究群 山岳科学研究所

[ktojo@shinshu-u.ac.jp](mailto:ktojo@shinshu-u.ac.jp)



今、所属が、もともと理学部生物なんですが、信州大学、山の研究にかなり力を入れておられて、山岳科学研究所というところにも兼任をしております。その関係で、高山植物のコマクサの遺伝子解析なんかも、遺伝子にしてしまえば動物も植物も一緒でしょうと言われて、今進めているんですが。そういう意味では、かなり特殊な経歴かとも思いますので、自己紹介をまずさせていただきますが。

## 自己紹介：東城 幸治

- 1990～ 筑波大学 第二学群 生物学類
- 1994～ 筑波大学大学院 博士課程 生物科学研究科
  
- 1999 学位取得 博士（理学）
  
- 1999～ 神奈川県立生命の星地球博物館・研究員
- 1999～ 筑波大学生物科学系（任期付き助手）
  
- 2002～ 科学技術振興事業団（JST）PD@つくば（生物資源研究所）
- 2002～ 日本学術振興会（JSPS）PD@つくば（生物資源研究所）
  
- 2004～ 信州大学 理学部 生物科学科 助手  
先鋭領域融合研究群 山岳科学研究所・研究員（兼任）
  
- 2012～ 信州大学 理学部 生物科学科 准教授（学術研究院 理学系）  
先鋭領域融合研究群 山岳科学研究所・研究員（兼任）

私、出身は福島ですが、うちの妻が沼津で、沼津でも、長泉とか、こちら、三島寄りの、最寄りの駅が下土狩なものですから、まだ実家もありまして、よくお盆・正月に帰省すると、子供たちを連れて柿田川の公園に遊びに来ていたというようなことがあります。

それから、大学は筑波だったんですが、おそらく三島先生のご退官の年、最後に生態学を学んだ世代だと思います。この後、神奈川県博にいたり、信州大学に移ったのが2004年になるんですが、それまでは、実はずっと筑波の研究所におりまして、発生遺伝学とって、ほとんどフィールドに出ない、モデル生物を使った、昆虫を使っていたんですが、こんなような形で、発生が進むときにどういうふうな形態形成が進んで、そこにどういう遺伝子が関係するかというようなことをメインに行っていました。

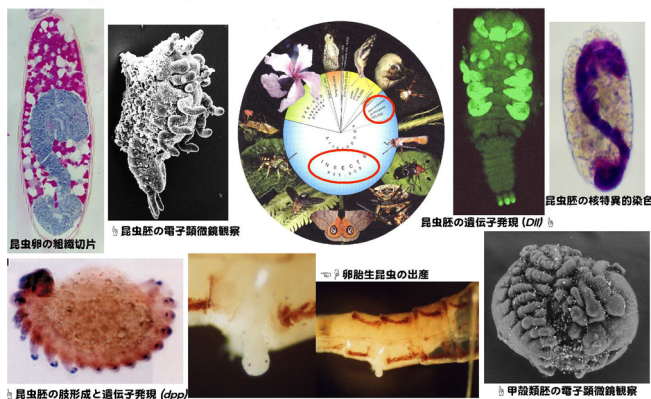
そのときに、もともといた研究室がショウジョウバエの発生遺伝の研究室だったんですが、ショウジョウバエももちろん学んだんですけども、できれば進化的におもしろい、鍵を握るようなグループを扱いたいなということで、一番原始的な羽を持つ昆虫ということで、一番最初の研究対象にカゲロウに焦点を当てまして、そのころから谷田先生とか竹門さんとかと一緒に水生昆虫の勉強をさせていただいたと。もう20年以上前の話ですけども。そういう意味では、本当の専門は、こういった200ミクロンぐらいの小さな卵

の中でどう形態形成が起こって、どんな遺伝子が発現すると足ができたか触覚ができたかとかというような、こういう遺伝子の発現を見たりというようなことです。

羽の起源を解き明かしたいということで、カゲロウ類なんかを使って遺伝的な取り組みをしていたというようなことになります。この辺がメーンの羽の起源の発生遺伝学の研究成果なんですけれども、こういったことをメーンにしなが、2004年に信州大学に着任しまして、発生の研究も続けるんですけれども、山岳科学の研究にも関わるようになりまして。そのとき、遺伝子解析は今までも普通に行っていましたので、分子マーカーを用いて進化とか生態学的な研究を何かできないかというようなことで、新しい分野にまた手を出すということになりました。

**東城研究室（進化生物学講座）：比較発生学、進化発生遺伝学**

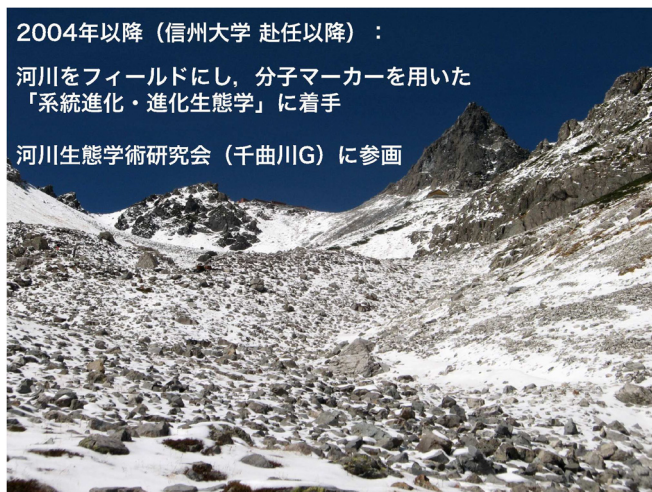
地球上に暮らす全生物種の半数以上を占める節足動物の①系統や進化、そして、系統進化に伴う「体のつくり(ホディープラン)」の変遷 ②繁殖システムと進化、などをテーマに研究しています



それから、ちょうどタイミングよく、河川生態学術研究会の千曲川グループが第1フェーズから第2フェーズに移るところだったこともありまして、河川生態にも分子マーカーを使った調査研究ができないかというようなことを打診されました。それで、新しいチャレンジではあったんですけれども、少し頑張ってみようというようなことになりました。

また、その1つのきっかけが、信州は非常に山に囲まれたところで、車で少し行けばいいフィールドが、すぐに行けるわけですが、それまで私も筑波にいたころは、山というのは動かざるものの代名詞とっていたんですが、地質の人たちと付き合いが深くなりまして、彼らが言うには、北アルプスの南側、槍・穂高連峰なんていうのは、あんなの若い山だと言うんですね。美ヶ原とか霧ヶ峰なんて、あんなのは赤ん坊だという言い方をして。この槍・穂高連峰というのは、大体180万年前に隆起し始めたという山で、それまで動

かざること山のごとしというイメージだったのが、とんでもないということになってくるわけです。



そのとき、一番最初、信州大学に来て言われたのは、上高地の魅力は何なんだろうかと。周りは3,000メートル級の急峻な山々でして、当然、こういった谷を流れる川というのはV字谷になるような川なんです。一方、上高地は、下はもうゆったりと平らな地形があって流れている。これはかつて大きな湖があって、その湖の底に礫が平らに堆積したものだ。本来はここもV字谷で、深い谷だったところが礫で埋まったんだというような話を聞かされて。そのとき伺ったのが、梓川って、今、松本から犀川へ流れて、千曲川に入って、信濃川で新潟へ流れているんですが、かつての梓川というのが、水源は槍・穂高のあたりから水を集めて、上高地を流れて、飛騨高山側に宮川と流れて、神通川を流れて、富山湾に流れていたと。これが北アルプスが隆起し始めたころから大体64万年前ぐらいの話だと。焼岳が隆起してくると、この流れが一旦途絶えて、今度、低いところで、こっちの高原川のほうを流れていく。これ、ちょうどスーパーカミオカンデがあるところですけども、高原川を流れて、神通川と。これが1万年前まで続いて、最後、また焼岳の噴火でせき止めて、巨大な湖をつくって、この湖底に広大な平らな上高地の地形をつくったと。

これが1万年前から7000年前ぐらいに決壊して、こちらの川にスイッチした。河川争奪なんですけど、こういった歴史があるということと、これがかなり地質学的にボーリング調査とか、微動アレイ探査とあって、レーザーを地面に当てて測量するような形で、基盤側がどこにあるかというようなデータで、ほぼ確実にこういう河川争奪があった

だろうというようなことが言われているということで。これだけ新しい時代にこういった激しい地殻変動と河川争奪があるのであれば、分子マーカーを使って、この辺の3つの河川の生物の遺伝子解析をすれば、結構きれいにデータが出てくるんじゃないかというふうに思ったのが、信州大に来て最初のときでした。

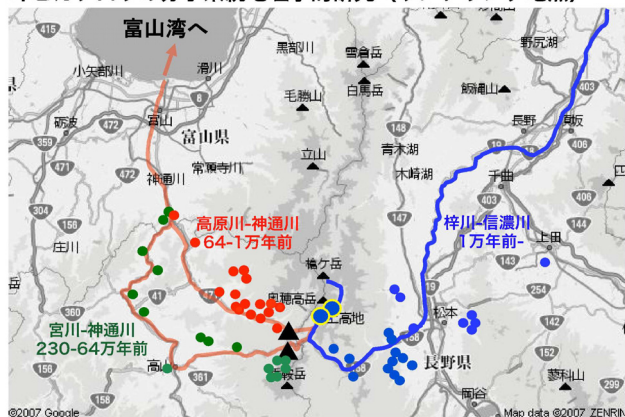
上高地に行くと、こういうウェストンのレリーフが埋め込まれているんですが、この埋め込まれているこの基盤の岩のほうが非常に重要な岩らしくて、地質学的には、世界で一番若い地表に露出した花崗岩なんだそうです。花崗岩というのは、火山のマグマが冷えて固まってできますので、大抵地下深く数キロ、5キロ、6キロとかという深さでできるものですので、地表に露出するまでには相当時間がかかるんですが、それが若いということは、これだけ激しく、世界的にもトップクラスの激しい地殻変動が最近起こっていたところだということなんだそうです。



梓川 (河童橋)

じゃ、この3つの宮川、高原川、梓川でサンプリングをして遺伝構造を見てみようということで、まず最初に焦点を当てたのが、カゲロウの——もともとカゲロウで遺伝子を扱っていたということもあるんですが、オビカゲロウといって、1次河川というよりも、1次河川にもカウントされないような小さなしたりにすむようなカゲロウなんですけど、この宮川とか高原川とか梓川の流域で、この青い地点がサンプリングした地点なんですけれども、こういった地点からサンプリングを行いまして、本当の川の源流の始まりのところですね。

### オビカゲロウの分子系統地理学的研究 (サンプリング地点)

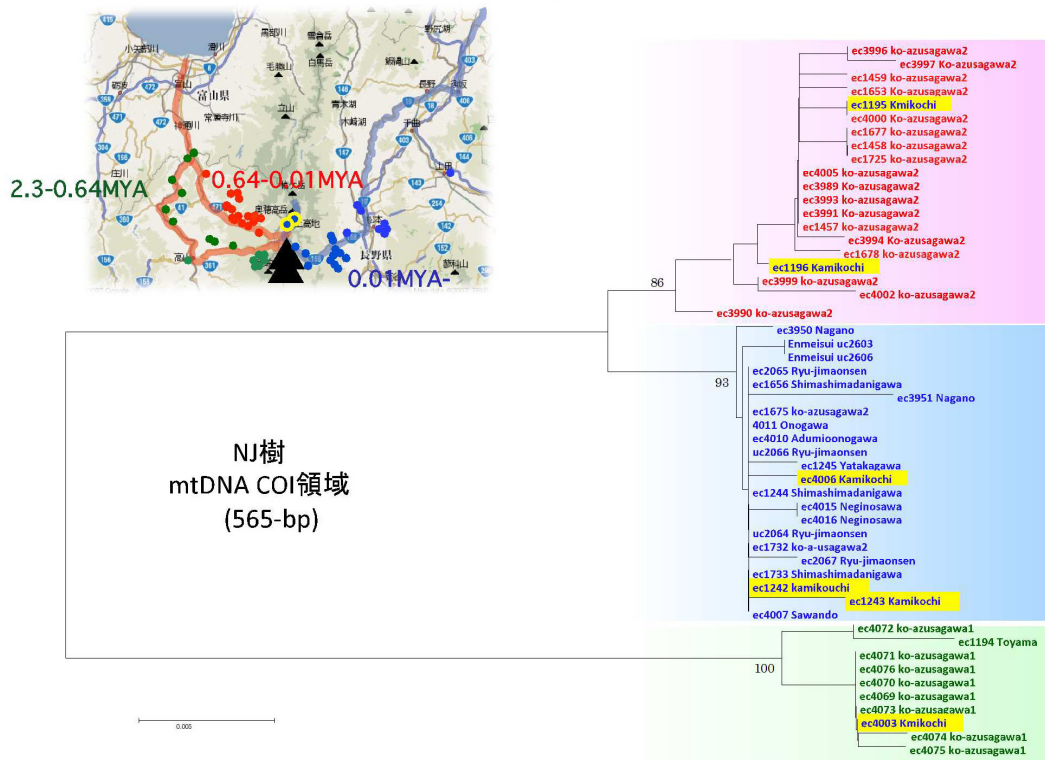


水がしっかり溪流のように流れるとすめない水生昆虫でして、かといって、夏場とか冬に涸れるようなところではだめだというような条件はあるんですけども、



こういったところにしかすめない、逆に、こういったところが連続的にないものですから、それぞれ、その地点地点の固有な遺伝子型というのが検出されるんですが、それを遺伝子解析すると、こんな結果になりました。

## 北アルプス周辺地域のオビカゲロウ *Bleptus fasciatus* 個体群の遺伝構造



この緑の流域で採れたものが、一番下の系統ですね。この赤い高原川水系が、このブロックと。今の梓川はこのブロックというふうに。これだけ狭い地理的なスケールでありながらも、しかも、同じ種類の遺伝子解析ですけれども、きれいに遺伝的に3つのグループに河川ごとに分かれてくるということとか、あるいは、このどれともつながりがあった——この上高地のところは黄色で示していますが、上高地は緑とも青とも赤とも関係しているというようなことがわかってきました。

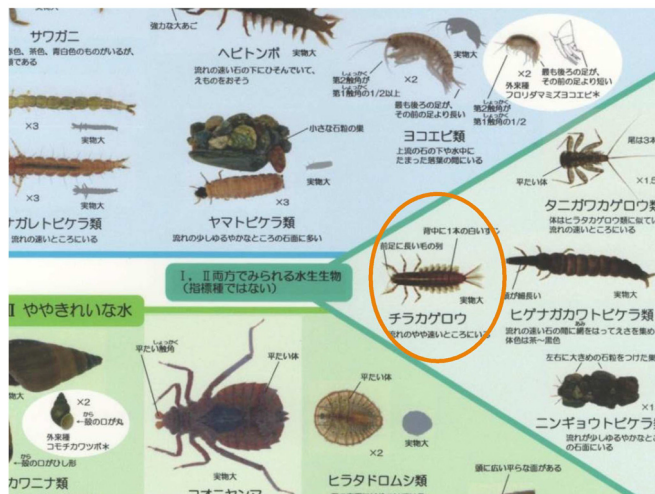
こんなことで、河川争奪とか、山の形成史とか、そこと、そこにすんでいる生物の血縁関係が、分子マーカーを使って見ることができたというようなことで、結構山をフィールドにした分子マーカーを使った研究もおもしろいんじゃないかということで、取り組み始めて十二、三年になります。今は、魚も、こんな電気ショッカーを背負ってアルプスの山の中を行きながら、これは外来種も採れてくるんですけれども、魚の調査だとか、カゲロウ以外のものも今は見ております。

それから、ちょっと話題が変わりますけれども、先ほどの河川の始まりの源流にしかすめないものでしたけれども、比較的河川のどんどころにでもすんでいるような、上流

から下流まですめるような、今度、ジェネラリストにも焦点を当ててみようというように  
 ことで、ここ数年取り組んでおります。



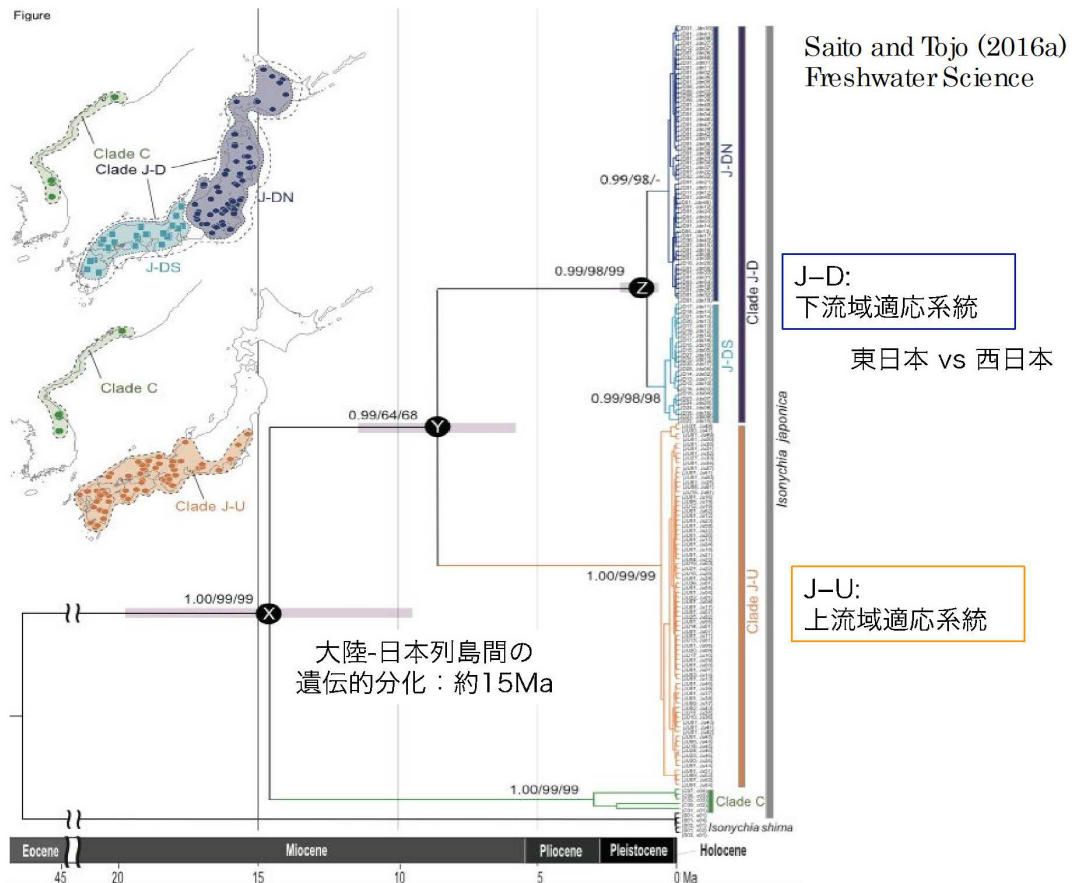
これはチラカゲロウといって、大型のカゲロウなんですけど、河川の上流から中流、それから、下流でも瀬があれば生息するような水生昆虫でして、これは環境省がつくっている指標生物としての水生昆虫の下敷き的一部分ですけれども、指標階級の1と2というのは、きれいな水とややきれいな水、両方に見られるようなものとして出てくるヒゲナガカワトビケラ、ザザムシなんかと同じように、比較的、野外での観察会なんかをやると、河川での観察会をやると、確実にどこでも採れるようなものです。



こんなものは、かなりいろいろぐちゃぐちゃに飛び回っていて、遺伝構造がもうぐちゃぐちゃで、先ほどのような河川ごとになんていうようなことではなくて、ぐちゃぐちゃの傾向が出てくるのかなと思って始めたんですが、実はそうでもなくて、結構きれいな遺伝構造が見れまして。まず最初に、系統的な、広域的な水平的に見たときにどういう遺伝構造



を持っているかというものをみていきますが、まず緑の系統が外れてきます。これは同種内の系統ですけれども、外れてくるのは大陸のロシアとか朝鮮半島の系統で、このロシア・朝鮮半島も、大陸の中では、特にどっちが朝鮮半島でどっちがロシアということはなく、ぐちゃぐちゃに入り交じってきます。それとは、日本列島はかなり大きく遺伝的に分化して……。



【加藤】 そのところって何になります？

【東城】 これは同族の別種です。シマチラカゲロウという。

Clade J-Uを構成する  
チラカゲロウは溪流や上流域??



Clade J-Dを構成する  
チラカゲロウは中・下流域??

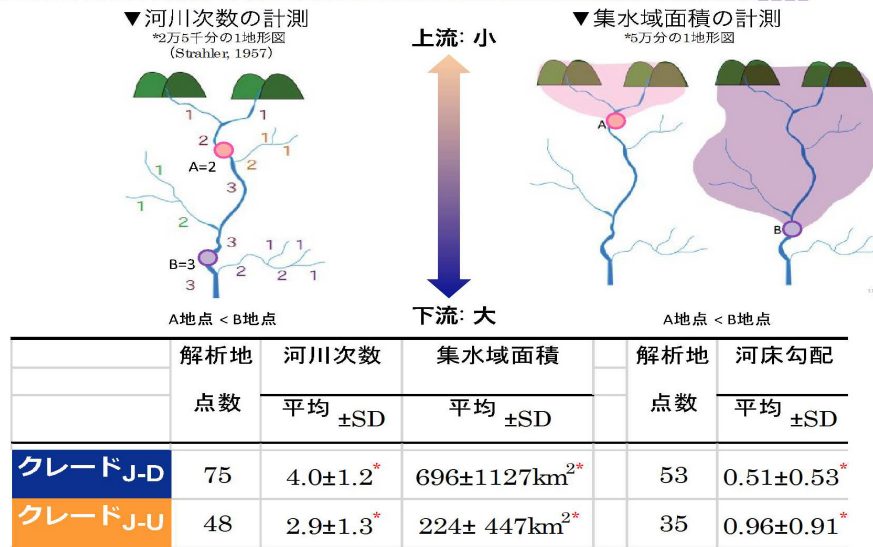


ちょうどこの遺伝的な分化、ミトコンドリアの遺伝子ですと、大体100万年あたり、どのぐらいの変異が起こるかというのが経験的にわかっていますので、分岐年代を調べていくと、大体1500万年前ぐらいと。ちょうど日本列島が大陸から離れてきた年代と合うというようなことがわかってきました。

日本の中でも、今度、この上のブロックとオレンジのブロック、これ、仮に、JDというのは、実は下流側のダウンストリームのDで、こちら側はアップストリームのUで、こちら側は上流に適応した系統で、こちらは下流に適応した系統。さらに、下流に適応した系統は2つに分かれて、東日本と西日本というふうに、きれいに分かれてくるということがわかってきました。

学生さんと一緒にフィールドに出ていると、遺伝子を見ないと、形態ではわからないんですが、何かこっちのグループに入ってくるチラカゲロウは、サンプリングした地点が結構山がちで、こちらは中下流だというようなことがあったので。

## チラカゲロウが採集された地点における 河川規模 (河川次数と集水域面積) と河床勾配



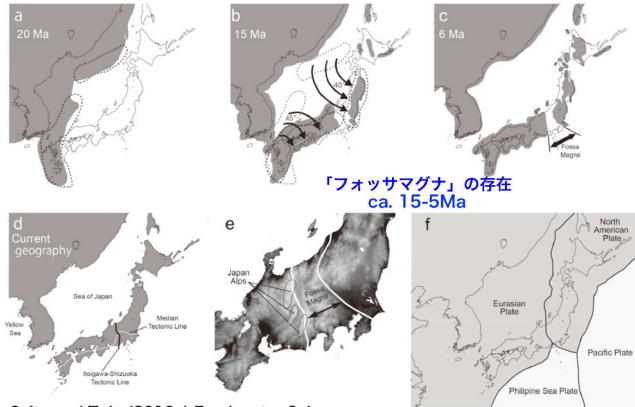
【加藤】 あれだと、Yが400万年になるの？ 200から400。

【東城】 Yは、もうちょっと、700～800ぐらいですかね。

【加藤】 ちょっと古すぎるね。

【東城】 ええ。ちょうどこの辺がフォッサマグナあたりが効いているのかなとも思ったんですが。それで、サンプリングした地点を全部河川次数がどうだとか、集水域面積がどうだとかというような形で、全部GISのデータと比較していきますと、やはり感覚的に下流だなと思ったものと、上流だなと思ったものは、統計的にも、河川次数でも、集水域面積でも、あるいは、河床の勾配でも有意に違いがあるということがわかってきて、種内でも何らかの適応をしながら、それぞれ特異な生息場所を選びながら分化している。種分化の途中とも言えるのかもしれませんが、

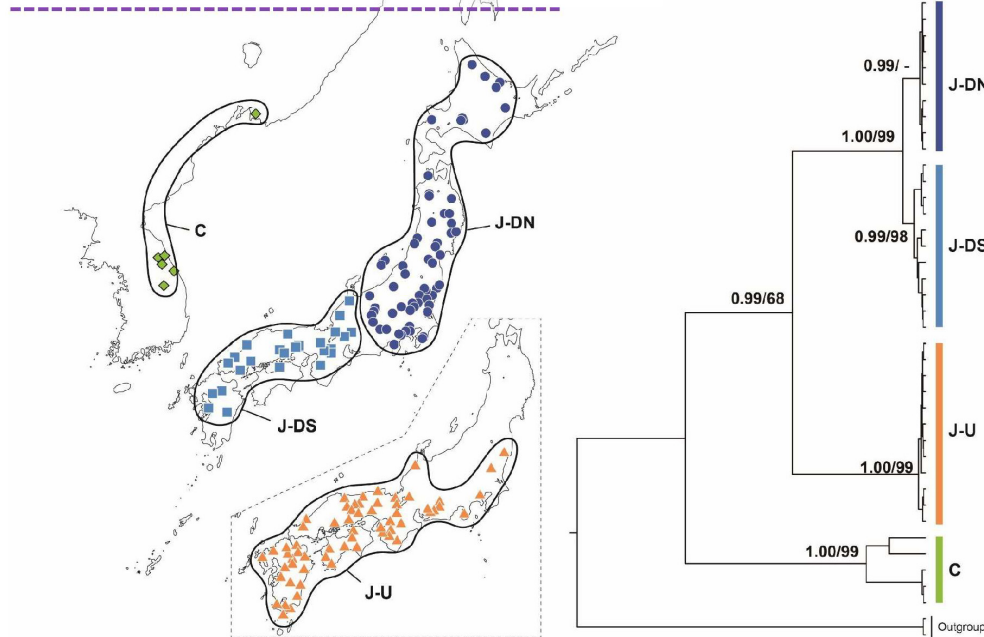
日本列島の形成：「観音開き Double Door Opening」説  
 (Otofujii et al., 1985; 「古地磁気」データに基づく)



Saito and Tojo (2016a) Freshwater Science

上流側と下流側、かなり極端な例を示していますが、そういった遺伝的な分化が見られたということとか、おそらく日本列島が大陸から、こんなふうに観音開きのように切り離されてきたというようなことが地質学的にわかっているんですが、この年代と大陸と日本列島の、同じ種内ですけれども、遺伝的な分化の程度がはっきりするとか、あるいは、その後も、長らくフォッサマグナで東日本と西日本というのは陸続きではなかった時代が長く続きましたので、そういった影響が、今現在の生きている水生昆虫の中にも遺伝構造

各クレードを構成するチラカゲロウにおける分布特性

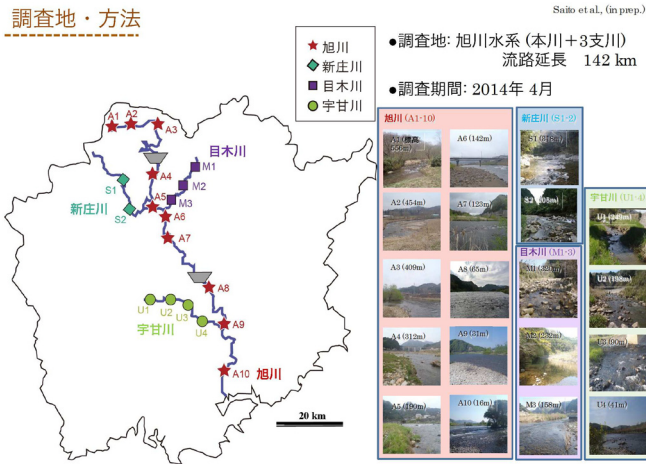


Saito and Tojo (2016a) Freshwater Science

異なる地理的分布

として見られているんだらうというふうに考えております。

これもほとんど同じようなことを示しています。それで、ある系統が上流、ある系統が下流に適応しているということで、1つの水系の中で両方が半々で見られるようなところと  
いうことで、岡山県の旭川に焦点を当てまして、



ハビタットのいろんな情報、環境要因とかも採ったりしながら、あるいは、回復率を採ったりとか、流速をはかったり、河床材料をはかったりとか、

## 調査地・方法

Saito et al. (in prep.)

### 物理的環境

- ・ GPS情報 (緯度, 経度, 標高)
- ・ 川幅, 集水域面積
- ・ 早瀬の流速, 平瀬の流速 (5回/地点)

### ・ 河床勾配

2万5千分1地形図を利用し、採集地点より上流側に標高差5m, 下流側に標高差5mの地点を検出し、両地点間における流路延長を算出。地点間の標高差(10m)で除した。

### ・ 河床材料 (底質粗度, 5コドラート/地点)

60cm×60cmのコドラートに10cm間隔の格子構造をつけ、各格子点(25交点)に位置する礫サイズを、砂 (<2mm)、小礫 (2-16mm)、中礫 (16-64mm)、大礫 (64-256mm)、巨礫 (>256mm) あるいは岩盤の6つのカテゴリーに区分して計測し、以下の式より、底質粗度を算出。

底質粗度=砂被度×1+小礫被度×2+中礫被度×3+大礫被度×4+巨礫×5  
(各礫サイズ区分の被度=各区分の検出格子数/全格子点数)  
(Bain et al., 1985; Inoue and Nakano, 1998)

- ・ 開空率 (5回/地点)



あるいは、付着藻類の量ですとか、こういったものもはかりながら定量的なサンプリング

をして、そこで採れたものが遺伝的にどうかというようなことを見ていくというようなことをやりますと、

## 調査地・方法

Saito et al., (in prep.)

### 生物的環境

- 付着性藻類量 (クロロフィルa量 5回/地点)  
特殊アクリル繊維を用いた礫付着性藻類の定量法により計測 (谷田, 1999).
- FPOM (懸濁有機物量 5回/地点)  
1~5Lの試水を採水し、プランクトンネット (メッシュサイズ 40 $\mu$ m) を利用し、細粒区画 (FPOM<1mm) について24h 400 $^{\circ}$ Cで乾燥後に重量を測定し濾過水量を除いて濃度を算出.

- 定量採集： 3分間 $\times$ 5回/地点

- 遺伝子解析: 10個体/地点  
mtDNA COI領域  
nDNA ITS2領域

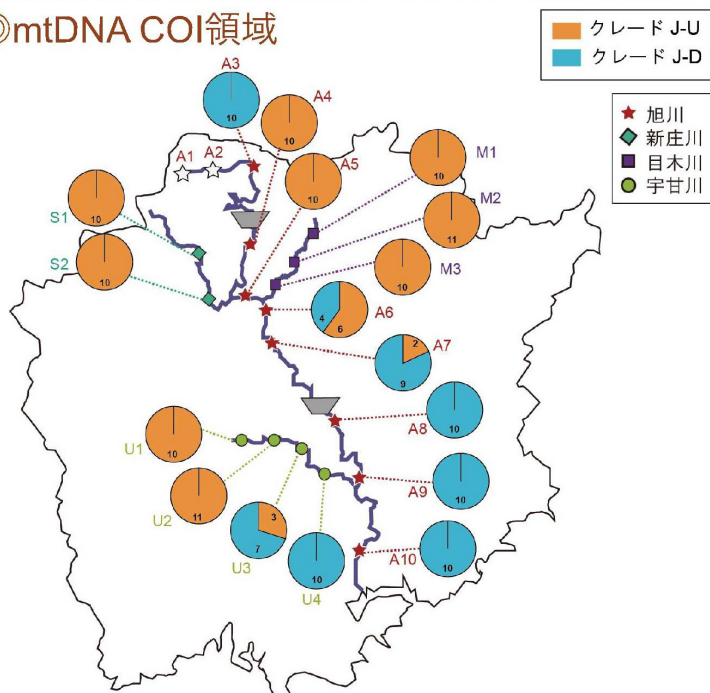
クレードJ-D, J-U系統を識別



このオレンジ色のほうが上流に適応した系統で、水色のほうが下流に適応した系統で、やっぱり一つ一つの種類を見ても、上流側にオレンジで、下流側に水色というような傾向が見えてきまして。ただ、旭川の最上流で、なぜか下流側に多い系統が見られるんですね。

## 各調査地点で検出されたチラカゲロウの遺伝子型

## ◎mtDNA COI領域



地点 番号	遺伝子解析		
	解析 個体 数	mtDNA (COI)	
		J-U	J-D
A1	-	-	-
A2	-	-	-
A3	10	0	10
A4	10	10	0
A5	10	10	0
A6	10	6	4
A7	11	2	9
A8	10	0	10
A9	10	0	10
A10	10	0	10
S1	10	10	0
S2	10	10	0
M1	10	10	0
M2	11	11	0
M3	10	10	0
U1	10	10	0
U2	11	11	0
U3	10	3	7
U4	10	0	10

これはダムの直上で、実は、水系としては、水系の上のほうに位置づけられるんですけども、かなり河床勾配が緩くなったり、ハビタットの特性としては、どちらかという下流側に近いような特徴を持っている。そういったところでは、そういう遺伝子型のものが検出されるということがわかってきました。細かく、それぞれの流速ですとか、川底の石の粗さですとか、河床勾配とか、何と相関があるかというようなことをとっていきますと、集水域面積とか、河床勾配とか、底質とかというのが特に相関が高いということがわかってきました。

## 各調査地点で計測した環境要因と 検出されたチラカゲロウの遺伝子型

	両クレードが検出されたA6, A7, U3 地点を除いた場合				両クレードが検出されたA6, A7, U 3地点も含めた場合			
	クレードJ-U		クレードJ-D		クレードJ-U		クレードJ-D	
	平均 ± S.D.		平均 ± S.D.		Mean ± S.D.		Mean ± S.D.	
標高 (m)	242 ± 61		112 ± 167		258 ± 85 *		115 ± 127 *	
集水域面積 (km <sup>2</sup> )	163 ± 175 **		874 ± 644 **		253 ± 255 *		742 ± 544 *	
川幅 (m)	44 ± 31		232 ± 159		62 ± 47		188 ± 137	
河床勾配 (%)	1.27 ± 0.71 **		0.21 ± 0.21 **		1.02 ± 0.76 **		0.24 ± 0.24 **	
底質粗度	96.6 ± 8.6 **		85.2 ± 4.9 **		95.7 ± 8.1 **		88.2 ± 5.5 **	
Chla量 (g/m <sup>3</sup> )	0.14 ± 0.06		0.07 ± 0.02		0.13 ± 0.06		0.09 ± 0.03	
FPOM量 (μg/L)	258 ± 29		289 ± 31		254 ± 25		272 ± 24	
早瀬の流速 (m/s)	1.07 ± 0.16		1.19 ± 0.23		1.14 ± 0.20		1.24 ± 0.2	
平瀬の流速 (m/s)	0.52 ± 0.09		0.48 ± 0.26		0.54 ± 0.13		0.53 ± 0.24	
開空率	0.82 ± 0.25		1.00 ± 0.00		0.86 ± 0.22		1.00 ± 0.00	

\*: P<0.05, \*\*: P<0.01 (一元配置分散分析, one-way ANOVA)

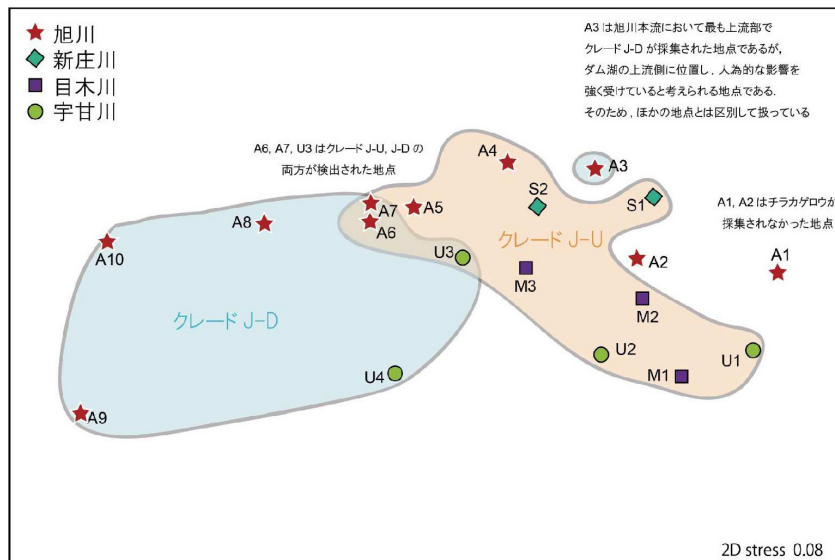
◆一元配置分散分析 (one-way ANOVA) の結果、環境要因のうち、  
集水域面積・河床勾配・底質粗度（・標高）の水準間で差が認められた

これはNMD Sという形で、よく似た河床のハビタットの環境要因と、それぞれどういう遺伝子型が見られたかというのを見ていきますと、上流側と下流側で、やっぱりハビタットの特性も大きく分かれていて、ちょうど真ん中あたりにくるのは両方の遺伝子型が混成しているところだということがわかってきました。このA3というのは、ダムの上の、上流にありながら、環境としては、下流的な環境が見られるところがここに位置づけられるというようなことですね。



## NMDS解析における両クレードを構成する チラカゲロウの分布特性と環境要因との関係性

- 各調査地点における環境要因データに基づく Bray-Curtis類似度指数を用いた NMDS解析. 各地点におけるハビタット (河川環境) の類似性評価 (解析ソフトウェア PRIMER v6)



それから、また同じチラカゲロウですけれども、千曲川の中に焦点を当てまして、千曲川は東日本的になるので、上流側の系統というのが出てこないんですけども、クレード J-D の中の話になりますけれども、千曲川本流と犀川、それから、魚野川と、比較的大きな支流を含めまして、30 地点ぐらいの定点を設けて、ここで定期的に季節を変えながらサンプリングするというようなことを行ってきました。環境要因も、先ほどの旭川と同じようにとりまして、これはチラカゲロウのバイオマス密度と湿重量、バイオマスをとっていますが、上流は少なく、だんだん中下流になると多くなって、流れが本当にもう瀬がないような下流になるとすめないというようなことになってきますが、かなり長い流域でこのチラカゲロウが生息してしまっていて、支流も、この塗りつぶしてあるところは生息しているんですが。

調査地・調査方法

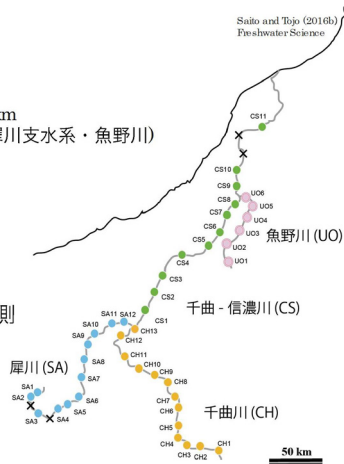
- 調査地  
千曲・信濃川水系: 幹線流路 367km  
千曲・信濃川本川+2支水系 (犀川支水系・魚野川)

- 調査期間  
2011年11月～2012年4月

- 集団構造:  
個体密度とバイオマス計測  
定量採集 5分×3/地点

- 遺伝子解析 mtDNA COI領域

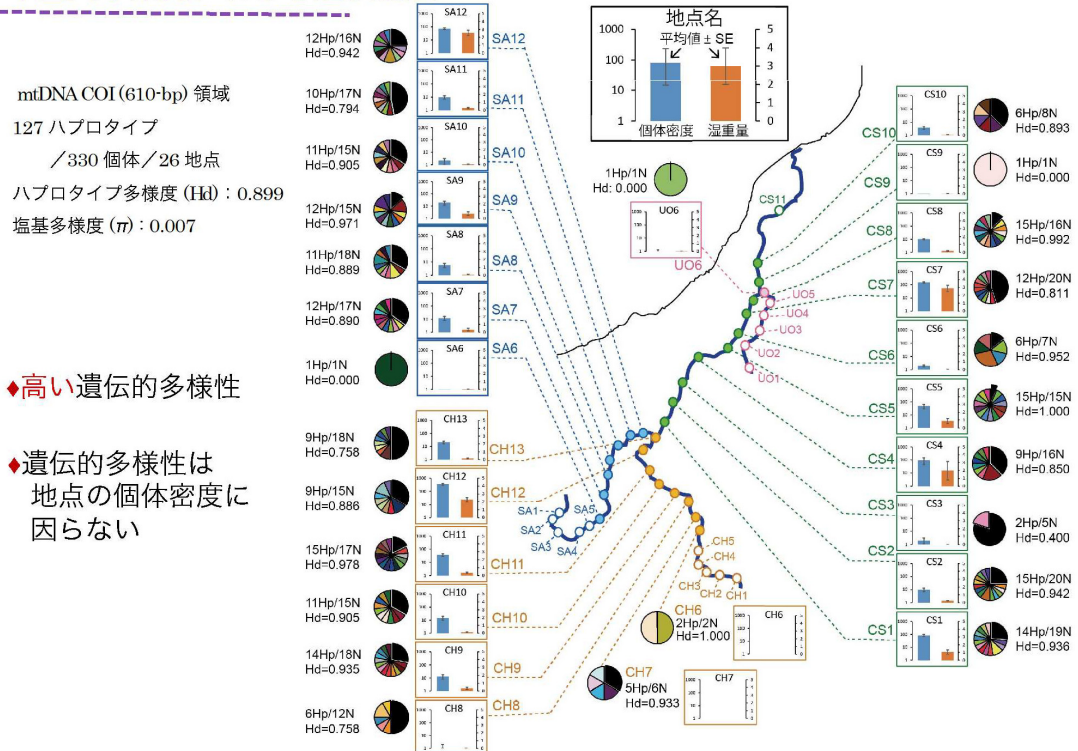
- 上流から下流にかけての環境変遷  
底質粗度



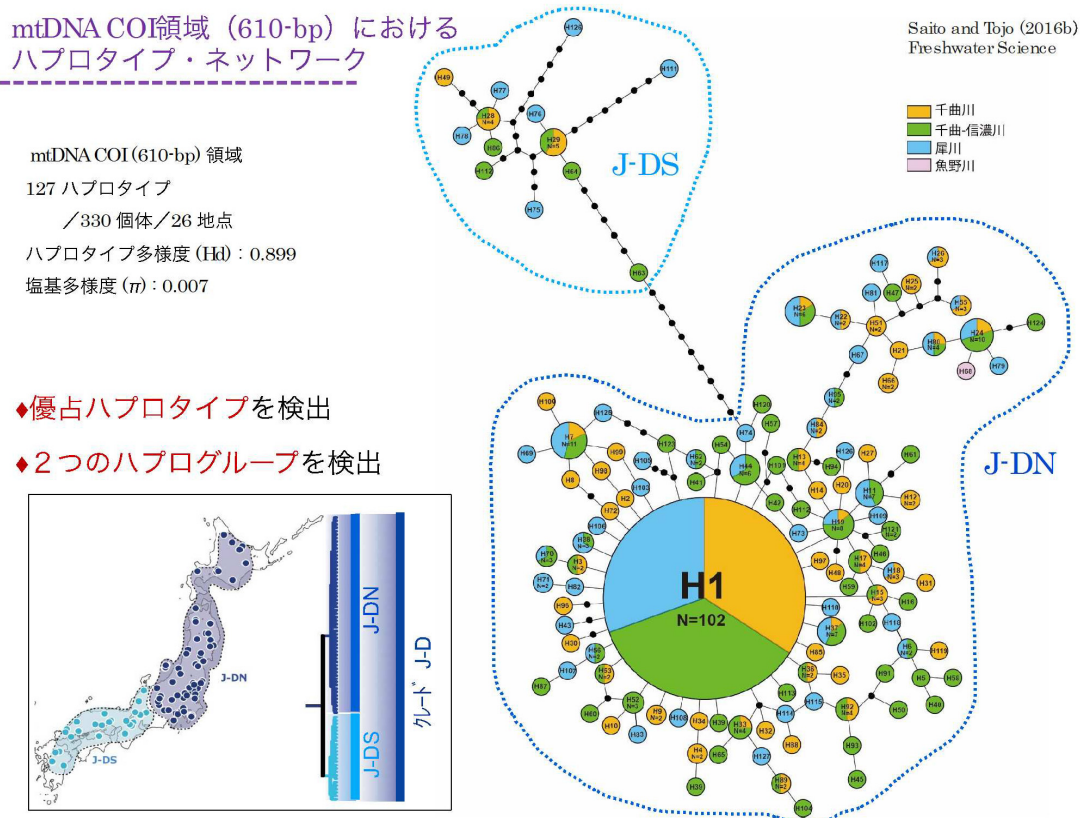
それぞれの地点で採れたものを遺伝子解析をして、この円グラフは、色の違いが遺伝子型の違いということになりますが、もともとバイオマスが大きいところは遺伝的にも多様で、生息密度も、バイオマスも低いところは遺伝的にも多様性が落ちるかなというふうに考えていたんですが、実はそうでもなくて、もう全体的にこういうふうに遺伝的にも多様であるということがわかってきました。

千曲川水系内における遺伝構造

Saito and Tojo (2016b)  
Freshwater Science



これは遺伝子型のネットワークになるんですが、大きくこっち側とこっち側に分かれるのは、ちょうど千曲川というのは、この2つの境界をまたいで流れている支流を含んでいますので、そういう意味ではリーズナブルかなというような遺伝構造が見られました。



それから、これは飛ばしますけれども、その遺伝子解析をしたデータに基づいて、この上流から下流に向かって分散しているのか、下流から上流に向かって分散しているのか、あるいは、支流との関係はどうかというような、あるいは、どこがソースになって、この種類の発生源になって、どこがシンクになっているかと。満遍なく300キロ以上にわたる流程で広くいるんですけども、場所によってはただすんでいるだけで、そこでほとんど再生産が起こってなくて、実は繁殖しているのはもっと違うところだというようなことが見えてくるというような形になりますが、これを遺伝情報を使って、マイグレートというソフトウェアを使って遺伝子流動の方向性とその強度をはかることができますが、千曲川の上流から下流には、この数字が大きければ大きいほど分散が大きいということになるんですけども、このNmというのが、一世代当たり、チラカゲロウの場合は、半年

当たりこのぐらいの個体数が上から下に来ていると。逆に、下から上にこのぐらい行っていると。相対的に見ていただければいいんですけども。本流の場合は、上流から下流よりも下流から上流に上がっていくことのほうが多いというような。

【加藤】 上がっているわけね。

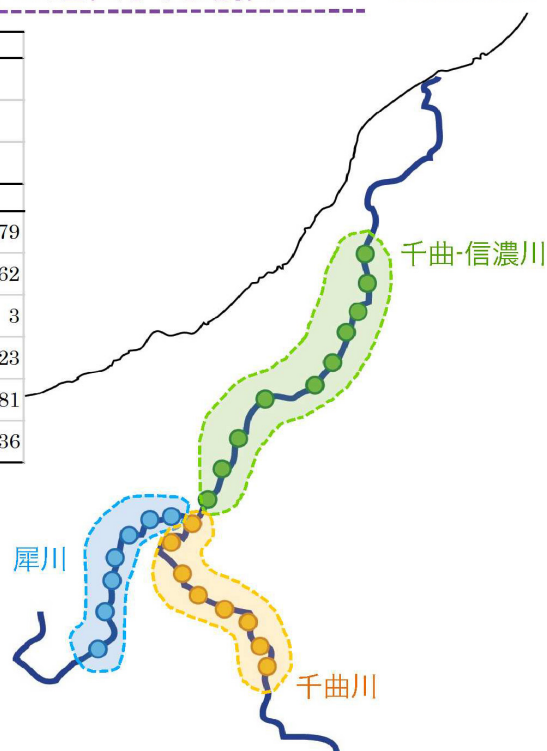
【東城】 ええ。多分、これは幼虫とかの流下を補うような形で、成虫の遡上機構が起こっているんだろうというふうに想像はつくんですが。

逆に、この犀川も、じゃ、上流から下流より下流から上流のほうが大きいかというのと、逆に、犀川の場合は、犀川から千曲川に入るものは大きいんですけども、千曲川から犀川を上っていくというのは逆に少なくてですね。ここは河床勾配が本流に比べると急なんです。あるいは、近年ですと、ダムが連続しているというようなこともあるのかもしれませんが、犀川の場合は、下から上に上っていきにくいというような傾向が見えてきています。こういったような分子マーカーを使って移動分散、あるいは、どこが発生源になるかというようなことが追えるということで、柿田川なんかを例にとりますと、短い流路ですけど、あの中だけでももう完結しているのか、あるいは、狩野川との間でどのぐらい行き来があるのかというようなことは、魚でも水生昆虫でも分子マーカーを使うことで追うこともできるかなというようなことを考えています。

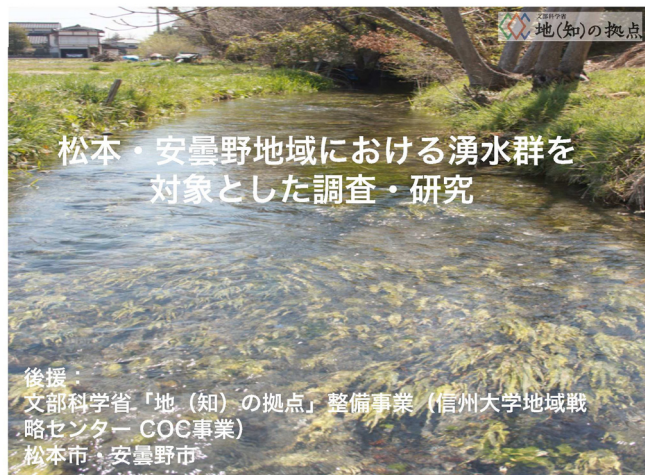
### Migrate-nを用いた各グループ間の遺伝子流動推定

Saito and Tojo (2016b)  
Freshwater Science

$\theta$ : Mutation-scaled population sizes		Mode	
千曲川		0.032	
千曲, 信濃川		2.175	
犀川		0.013	
$M$ : Mutation-scaled immigration rates		Mode	$Nm$
Migration	千曲川→千曲, 信濃川	956	2079
Migration	千曲, 信濃川→千曲川	11200	3562
Migration	千曲川→犀川	223	3
Migration	犀川→千曲川	3890	123
Migration	千曲, 信濃川→犀川	223	81
Migration	犀川→千曲, 信濃川	6040	13136



少し飛ばしますが、最後に、今、松本・安曇野、湧水が多い地域ですので、ここも文科省のCOCのサポートを受けまして、あるいは、松本市・安曇野市のサポートも受けまして、ここ数年、松本・安曇野の湧水でも調査を行っております。

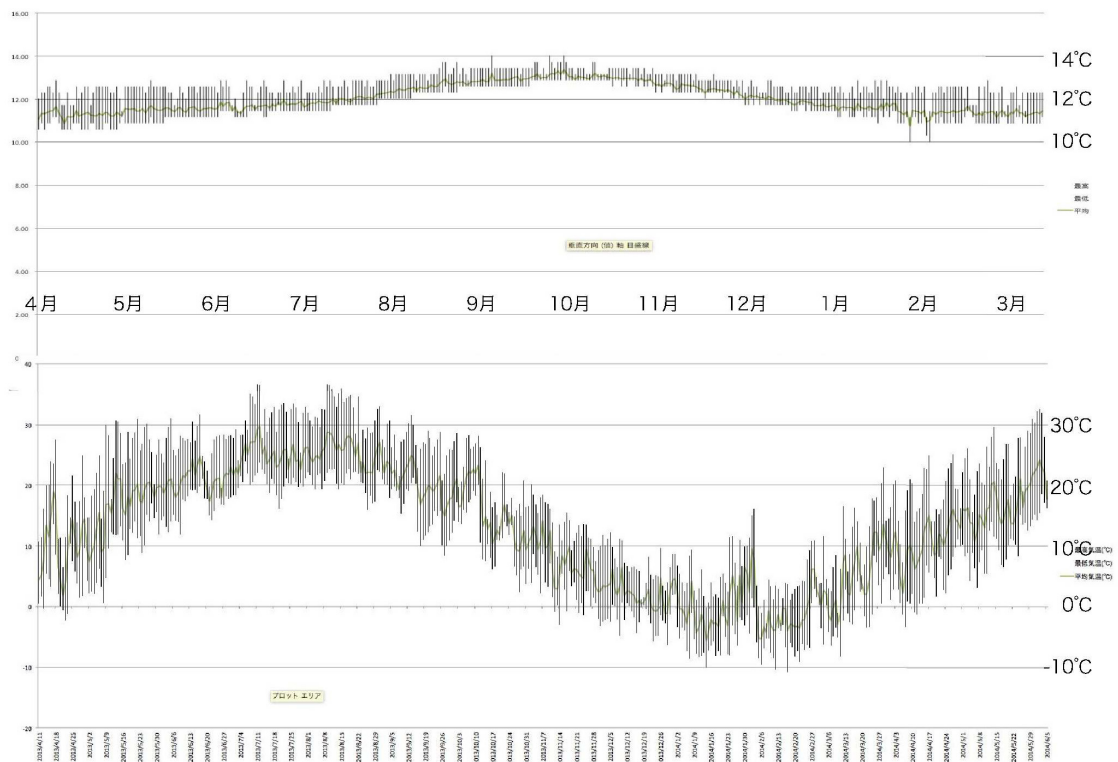


ここは松本市内、ここはお城で、駅がこの辺ですが、ちょうど西側に北アルプスがそびえていまして、ちょうど伏流水がこの河岸段丘から湧き出すところが松本・安曇野の湧水群になります。ここでマレーストラップをセットして、週に1回収しながら、1年間ずっと年間を通したサンプリングをして、それぞれどういう種が生息していて、その季節消長がどうかというような調査を行っております。



柿田川の調査もされている野崎さんにも通っていただきながら、一緒に進めておりますが、これ、下は松本市内の気温の年間の変動になります。上が水温ですけども、ほとんど12度をちょっと切るぐらいの水温でずっと安定していると。2回下がっていますが、

これは大雪が降ったときで、松本だと、雪が降りますと、雪を溶かすのに湧水の水路に入ると速く溶けるものですから、どんどん雪が放り投げられて、それで湧水の水温が下がっているというような状態ですけど、かなり安定性が高い。これ、真ん中のラインが日平均のグラフで、このバーは、日最高水温と最低水温という値になります。ここで、今こういうものが季節消長がどうなっているかと、そういったことを調査しています。



最後に、すみません、少しお時間をいただいて、このカメノコヒメトビケラというのは湧水起源のトビケラなんです、湧水の中に生息しているフジウロコゴケというコケがないと生きていけないトビケラでして、このコケを食べて、このコケで巣をつくって、この巣の中に潜って生息しています。蛹化も、このコケの中でさなぎになって、羽化をした後も、このコケの——水生のコケというか、苔類ですけども、この周りをうろうろしながら交尾して産卵するというサイクルを持っています。

これも大分絵が飛んでいますけれども、世界に9種しか今いないんですけども、アパラチアに2種と、ロッキー・シエラネバダに1種、それから、日本列島に6種もいるんですが、ロシアに、ウラジオストクとサハリンに1種ずつ。サハリンと北海道の1種が共通

種ですので、全部足して、その分1を引いて9種しかいないんですが、結構海外の研究者は、日本人のトビケラの研究者は細かく分けすぎだというような批判もされていたんですが、遺伝子解析しますと、その種の分け方というのは、多分、分けすぎではなくて、妥当な分類でして、これまでの日本のトビケラの形態分類屋さんの分け方が正しかったということも遺伝子解析からも示したんですが。

左側がミトコンドリアの系統樹で、右側が架空の遺伝子で書いた系統樹になりますけれども、こんなふうに大きく2つのグループに分けられます。青いグループと赤いグループに大きく2つに分かれる。この中も細かく見ていくとおもしろいことはおもしろいんですけども、いろんな領域を見ましても、いろんな系統樹の書き方をしましても、こういう2つの上のブロックと下のブロックに分かれると。

この境界がどこに来るかということなんですが、先ほどの系統樹にはロシアとか北米のものも含まれているんですが、それを含まなくても、その境界がここに来るんですね。ちょうど糸魚川静岡構造線のあたりに来るんですね。そういった意味では、日本列島というのは、途中でも観音開きのように大陸から切り離されてきたという話をしましたけれども、そういう意味で、すごく地史の影響を強く受けていて、そこにすんでいる生物も、その影響をかなり強く受けていて、それが今すんでいる——大陸から離れてきたというのは1500万年も前の話ですけども、いまだに原生の生物の遺伝構造にこういった特徴が認められるということがわかってまいりました。

以上になりますが、私としましては、水生昆虫の、遺伝子解析というのが一番得意なところですので、そんな形で柿田川の研究にも何らかの形で関わっていければと思っております。

以上です。