

平成 30 年 6 月 25 日現在

機関番号：13601

研究種目：挑戦的萌芽研究

研究期間：2016～2017

課題番号：16K14807

研究課題名(和文)日本初の大ダム撤去で解消される分断障壁と流水ネットワーク再生がもたらす遺伝子流動

研究課題名(英文) Elimination of a major distributional barrier by Japan's first dam removal project: The transition in the gene flow scale of aquatic organisms caused by the re-establishment of a flowing river network

研究代表者

東城 幸治 (Tojo, Koji)

信州大学・学術研究院理学系・教授

研究者番号：30377618

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 2,900,000円

研究成果の概要(和文)：日本初となるダム撤去事業が球磨川・荒瀬ダムで実施された(2013-2018年)。約60年間存在したダム湖が解消し、ダムの上下流や支流は流水ネットワークで接続され、河川生物の移動分散の障壁は完全に解消された。流水環境に適応した生物種群の移動分散を可能にし、遺伝子流動スケールにもプラスの影響をもたらすと予想される。

本研究では、ダム撤去直前に採取したヒゲナガカワトビケラの遺伝構造解析を行い、ダム撤去前の遺伝構造データとして位置づける。今後のサンプリングと遺伝子解析データ、すなわちダム撤去後のデータと比較することで、日本初のダム撤去事業がもたらすであろう効果を検証する基礎データとして位置づける。

研究成果の概要(英文)：Japan's first dam removal project was undertaken at the Arase Dam on Kumagawa River during the years 2013 to 2018. The dam reservoir, which existed for ca. 60 years, drained away as the up- and downstream sides of the dam site and their tributaries were reconnected as a flowing water network. The major obstacle in dispersion of stream inhabiting organisms was completely eliminated. Removal of the dam re-enables the dispersion of organisms adapted to running water environments. As a result, it is expected to have a positive influence on their scale of gene flow.

This study records for future comparison the genetic structure analyses of an aquatic insect collected immediately before the project. These analyses are treated as base data on genetic structure before the project. In the future, I plan to compare them with the data of genetic structure after dam removal. So, this constitutes the extremely important fundamental data to verify the effects of Japan's first dam removal project.

研究分野：進化生物学

キーワード：ダム撤去事業 流水ネットワーク 移動分散 遺伝子流動 集団遺伝 水生昆虫 自然再生 遺伝的多様性

### 1. 研究開始当初の背景

本研究で着目した球磨川・荒瀬ダムは、本邦に3,000基以上も建設されてきたハイダム（堤高15m以上のダム）において初めての撤去がなされたダムである。

ダム建設が生態系や生物多様性にもたらす影響に関しては様々な議論がなされてきたが、ダム撤去がもたらす影響や効果に関しては、議論や検討する余地すらなかった。

一方、日本国内には、ダム建設から50-60年が経過し、老朽化が危惧されるダムも多数存在する。2011年の東日本大震災においては、地震によるダム損壊も発生し、人的被害（死傷者）も出るなど、今後の老朽化ダム管理の面においても様々な課題が浮き彫りとなってきた。

このような背景から、本研究では、日本初のダム撤去事業がもたらす生態系・生物多様性への影響評価や、これらの事業を積極的に利用する戦略的な自然再生、生物多様性再生に着目した研究課題を設定した。

一般的に、このような公共事業を対象とした研究設計の場合、全ての調査計画を自ら設計して研究するようなことは異なり、一事例的な展開になることが多い。しかし、今回の荒瀬ダムの撤去事業に関しては、偶然ではあるものの、コントロールの設定が可能である等の好条件も揃っている。荒瀬ダムとほぼ同時期に建設され、ダムの規模やダム湖（湛水域）や形状もほぼ同等で、ダムの建設地も荒瀬ダムの上流約20kmの距離であることから、流程による環境要因の相違も小さいと考えられる瀬戸石ダムが存在している。すなわち、ダムが撤去される荒瀬ダムの比較対照として瀬戸石ダムを想定することが可能である。

### 2. 研究の目的

上記のような背景から、本研究では、河川の「瀬」ハビタットに特異的に生息する流水生の水生生物に着目した。止水域では生息することができないことから、ダム湖が存在した約60年間、ダムの上流側と下流側、ダム湖へ流入していた球磨川の各支流は、流水ネットワークが分断され続けたことになる。今回のダム撤去により、流水ネットワークが再生されることで、球磨川生態系においてどのような効果をもたらすかを検討する上で、極めて重要な課題となると考えた。

すなわち、日本初のダム撤去事業が、約60年という長い年月に渡り分断してきた流水ネットワークを再生する可能性を期待し、ダム撤去事業の前後での流水生の水生生物の遺伝子流動のスケールや方向性に関する変遷を把握するべく、ダム撤去の前段階の基礎的知見の蓄積を目的とした。

### 3. 研究の方法

荒瀬ダムの撤去事業は2013年から2018年の5年間をかけて実施された。本研究の实

施以前に、研究代表者の研究室では、ダム撤去前の2012-2013年において、荒瀬ダムの上下流を含めた球磨川水系内の約70調査定点を設け、流水生の水生昆虫を採取していた。本研究では、これらのサンプルを用いて、本研究の目的へのアプローチに最も相応しいと考えられる対象種群の絞り込みを実施した。この結果、流域広域的に生息しており、各調査定点における採取個体数も多く、遺伝子解析もなされているヒゲナガカワトビケラ *Stenopsyche marmorata* (昆虫綱・トビケラ目、ヒゲナガカワトビケラ科) を対象とすることとした。本種に関しては、既に遺伝子解析に関するいくつかの研究事例があり、マイクロサテライト・マーカーも既に開発されている。加えて、ダムの上-下流域間での遺伝的分化を指摘する研究も存在している。また、研究代表者の研究室でも遺伝子解析の対象としてきたことから、本研究の展開においても最適な対象であると捉えた。

ヒゲナガカワトビケラを対象に、約70調査地点から各地点20個体を目安にした全ゲノムDNAの抽出と、DNAバーコーディング領域にもなるミトコンドリアDNA COI領域(658-bp)の配列を解析した。併せて、球磨川水系のヒゲナガカワトビケラの位置づけを明確化するため、日本全国のヒゲナガカワトビケラや国外の地域集団や近縁種群(同属の別種も含めた)との遺伝的な比較を実施した。

次に、球磨川水系内の遺伝的構造をより詳細に把握するため、マイクロサテライト解析を実施した。

これらの一連の解析によって得られた遺伝情報を基に、系統解析や集団遺伝構造解析を実施した。

### 4. 研究成果

先ず、ヒゲナガカワトビケラの系統学的な位置づけや、球磨川水系のヒゲナガカワトビケラの種内系統群における位置づけを評価した。ヒゲナガカワトビケラ類は、形態分類とその分布域の地理的マッピングにより、ゴンドワナ大陸(南半球)起源と考えられてきたが、本研究も本説を支持する結果となった。加えて、インド亜大陸の北進に伴いアジア地域への分散を果たし、東アジア地域を種分化しながら北進してきた系統進化史やその最も末端種に相当するのがヒゲナガカワトビケラであることを明確に究明した。本成果は、米誌 *Freshwater Biology* に受理された(Saito et al., 2018)。加えて、ヒゲナガカワトビケラに関しては、高標高帯にのみ生息する隠蔽種が存在することも究明した(Saito et al., 2018)。また、ヒゲナガカワトビケラ種内には、8つの遺伝系統群が検出され、日本列島からはこれらのうちの6系統群が検出されていることが明らかとなった(斎藤・東城, 2016)。そして、本研究で注目する球磨川には、これらの8系統群の中

でも最も派生的系統群であるクレード8のみが検出されることも究明された。

球磨川水系内の約70地点を対象としたDNAバーコーディング領域の解析からは、水系内からかなり多くの遺伝子型が検出され、水系内における遺伝構造解析(多型解析)における有効性が確認された。

一方、種内多型の検出において期待されたマイクロサテライト解析においては、既存のマーカーでは十分な検出力がないことが確認された。従来の種内多型解析で効果を示してきた背景には、8つの遺伝系統群のうちの複数系統群を跨ぐような遺伝構造をもつ地域に限定して効果的であったものと推測された。このような結果を受け、球磨川水系から検出されているクレード8の遺伝系統群において有効であり、かつ他の遺伝系統群においても多型解析が可能となるような解析対象遺伝子座位の絞り込みを実施し、新規のマイクロサテライト・マーカーを開発した。有効性の検証までは済んでいないものの、既存のマーカー以上の有効性が期待される。

以上のように、荒瀬ダム撤去事業前のヒゲナガカワトビケラの遺伝構造解析に関する基礎的知見や撤去後の遺伝構造との比較検討を十分に実施し得るだけの成果を上げることができた。今後は、2018年に撤去事業が終了し、流水ネットワークの再創生がなされた後、そこから一定の年数の経過とともにどのように遺伝構造が変遷していくのか?をモニタリングする上での基礎的知見を蓄積することができたと考えている。

このような大規模公共事業における「Before-After」比較においては、「Before」部分のデータが十分には得られていないがために十分な議論へと展開できないことが多い。このような観点においては、本研究ではダム撤去前における水系内網羅的な基礎的知見、とくに標本や全ゲノムDNAを蓄積することができたことの意義は大きいと考えている。

## 5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

〔雑誌論文〕(計7件)

1. Saito Rie, Kato Shinya, Kuranishi B Ryoichi, Nozaki Takao, Fujino Takeshi and Tojo Koji (2018) Phylogeographic analyses of the *Stenopsyche* caddisflies (Trichoptera: Stenopsychidae) of the Asian Region. *Freshwater Science* 37: (in press) 査読あり

2. Tojo Koji, Sekine Kazuki, Takenaka Masaki, Isaka Yuichi, Komaki Shohei, Suzuki Tomoya and Schoville D Sean (2017) Species diversity of insects in Japan: Their origins and diversification processes. *Entomological Science*, 20:

357-381. 査読あり

<https://doi.org/10.1111/ens.12261>

3. Doi Hideyuki, Katano Izumi, Sakata Yusuke, Souma Rio, Kosuge Toshihiro, Nagano Mariko, Ikeda Kousuke, Yano Koki and Tojo Koji (2017) Detection of an endangered aquatic heteropteran using environmental DNA in a wetland ecosystem. *Royal Society Open Science* in press. *Royal Society Open Science*, 4:170568. 査読あり

DOI: 10.1098/rsos.170568

<http://rsos.royalsocietypublishing.org/content/4/7/170568>

4. Oike Akira, Watanabe Koichiro, Min Mi-Sook, Tojo Koji, Kumagai Masahide, Kimoto Yuya, Yamashiro Tadashi, Matsuo Takanori, Kodama Maho, Nakamura Yoriko, Notsu Masaru, Tochimoto Takeyoshi, Fujita Hiroyuki, Ota Maki, Ito Etsuro, Yasumatsu Sshigeki and Nakamura Masahisa (2017) Origin of sex chromosomes in six groups of *Rana rugosa* frogs inferred from a sex-linked DNA marker. *Journal of Experimental Zoology Ser. A: Ecol. Integr. Physiol.*, 2017: 1-10. 査読あり

<https://doi.org/10.1002/jez.2130>

5. Sekiya Tomohiro, Ichiyanagi Hidetaka and Tojo Koji (2017) Establishing of genetic analyses methods of feces from the water shrew, *Chimarrogale platycephalus* (Erinaceidae, Eulipotyphala). *JSM Biology*, 2: 1010. 査読あり

<https://www.jscimedcentral.com/Biology/biology-2-1010.pdf>

6. Saito Rie, Jo JaeIck, Sekine Kazuki, Bae JeonYeon and Tojo Koji (2016) Phylogenetic analyses of the isonychiid mayflies (Ephemeroptera: Isonychiidae) of the East Palaearctic region. *Entomological Research*, 46: 246-259. 査読あり

<https://doi.org/10.1111/1748-5967.12168>

7. 斎藤梨絵・東城幸治(2016)「ハビタット・ジェネラリスト種」ヒゲナガカワトビケラにおける隠れた遺伝的多様性-分子系統地理とハビタット特性-. *昆虫と自然.*, 51: 20-23. 査読なし

〔その他〕

ホームページ等

信州大学研究者総覧

<http://soar-rd.shinshu-u.ac.jp/profile/ja.OCcebLh.html>

6 . 研究組織

(1)研究代表者

東城 幸治 (Tojo, Koji)

信州大学・学術研究院理学系・教授

研究者番号 : 30377618