

## ダム建設河川に生息するヒゲナガカワトビケラの遺伝的多様性調査

研究者 大阪府立大学

林 義雄

### 1. 目的

カゲロウ, カワゲラ, トビケラなどに代表される河川昆虫の多くは, 幼虫の流下を補償するために, 成虫が遡上飛行を行うことが知られている. 彼らにとって, 河川の流程に沿った移動は, 種の存続のために極めて重要である. 河川昆虫の飛行高度は水面から10m以下の場合が多く, ダムのような横断工作物が, 遡上障害を起こす可能性がある. ダム直下では, 特定の河川昆虫の生息密度が高くなるなど, 群集構造が変化することが知られているが, ダムによる分断のため, その前後での遺伝的交流が断たれ, 遺伝的多様性にも影響が及んでいる可能性がある. この影響を直接評価するには, 遺伝子レベルでの集団構造の解析が不可欠である. 本研究では, 日本の河川にもっとも普通に生息するヒゲナガカワトビケラ (*Stenopsyche marmorata*) を対象に, ダム建設河川での本種の遺伝的構造を調査し, ダムによる影響の有無について検証した.

### 2. 概要

三保ダム(丹沢湖, 神奈川県酒匂川)を中心に, 周辺河川よりヒゲナガカワトビケラの幼虫および蛹を採集し, PCR (polymerase chain reaction)-SSCP (single-strand conformation polymorphism) 法によりミトコンドリア遺伝子のハプロタイプを調査した. 各地点のハプロタイプ頻度の比較により, ダムによる分断影響の有無について考察した.

### 3. 結果

酒匂川にて採集されたヒゲナガカワトビケラ標本の一部59個体について, ミトコンドリア遺伝子COI領域の一部(771塩基)を解析したところ, 6ハプロタイプが認められた. この領域で, PCR-SSCP法に利用可能なサイズの5ハプロタイプを増幅するためのプライマーを設計したところ, PCR-SSCP法により, これら全ての識別が可能であった. そこで, 酒匂川水系9地点と, 近隣の相模川水系の2地点, 各30個体(計330個体)のハプロタイプをPCR-SSCP法により調査し, ハプロタイプ頻度の比較を行った. その結果, ダム上流の2地点とそれ以外の地点の2つのグループで, ハプロタイプ頻度は大きく異なっていた. このことから, おそらく三保ダムによる個体群の分断があることが推察された. 通常, 隔離された個体群ほどハプロタイプ多様度は低下すると考えられるが, 今回の例では, ダムにより隔離された上流河川の個体群のハプロタイプ多様度の方が高くなっていた.

### 4. 今後の展望

本研究では, ヒゲナガカワトビケラについて, ダムによる個体群分断の影響についての調査手法を確立した. 特異的プライマー法による多型解析手法であるPCR-SSCP法を採用することで, 「正確・簡易・低コスト」での調査が可能となった. 今後は, より多くの事例を調査し, ダムの規模と個体群分断の影響の強さの関係を明らかにすることで, 河川昆虫を中心とした生態系の保全に応用できると考えられる.