



Title	河川生物の保全に向けた遺伝子流動評価に関する研究
Author(s)	中島, 颯大
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(農学)
Dissertation Number	乙第7234号
Issue Date	2026-03-25
DOI	https://doi.org/10.14943/doctoral.r7234
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/99850
Type	doctoral thesis
File Information	NAKAJIMA_Souta_abstract.pdf, 論文内容の要旨 https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/



学 位 論 文 内 容 の 要 旨

博士の専攻分野の名称： 博 士（農学）

氏名 中 島 颯 大

学 位 論 文 題 名

河川生物の保全に向けた遺伝子流動評価に関する研究

河川生態系は生息地の分断化に脆弱なため、河川生物において種や地域個体群の絶滅を防ぐためには、質の高い生息地を増やすと同時に、生息地の連結性を確保することも重要である。生息地の連結性の現状を把握し、確保していく指針を検討するうえで有用なのが、景観遺伝学的アプローチによる遺伝子流動（移動分散にともなう生物集団間の遺伝子の交流）の評価である。しかし、河川生物を対象に景観遺伝学的な研究を行った事例は少なく、遺伝子流動の考え方をを用いた検討が実際の河川管理の場で普及するには至っていない。この理由には、景観遺伝学で開発された解析手法の多くが陸上生物を対象に立案されていること、解析に必要なデータの入手に多地点で多数の個体を採取する必要があること、遺伝子流動が環境変化に対してどう応答するかを予測する手法が確立されていないこと、などが挙げられる。

河川生物の生息地を分断化する要因のうち、今後影響の増大が避けられないものとして気候変動が挙げられる。なかでも河川上流部に生息する冷水性魚類は水温上昇により生息適地が河川の源流部に縮小・断片化していくことが予測されており、遺伝子流動評価の必要性が高い生物群の1つである。また、冷水性魚類の生息や繁殖の主要な制限要因である夏季水温は、気温だけでなく地下水流出などの局所的に変化する要因の影響も受けているため、遺伝子流動が夏季水温と密接に関わっている場合、保全方策は環境の空間異質性を考慮したものでなければならず、気候変動を見据えて検討する必要も生じる。そこで本研究では、気候変動による影響が危惧される冷水性魚類ハナカジカ (*Cottus nozawae*) を材料として、集団間の遺伝子流動と景観要素との関係を包括的に評価するとともに、遺伝子流動評価における現地調査の簡便化と解析手法の拡張に資する検討を行った。これにより、1) 気候変動下において冷水性魚類の長期的存続を実現するために保全優先度の高い区間を明らかにすること、2) 河川生物の流域内スケールでの遺伝子流動を評価するための調査・解析フローを提案することを目的とした。

最初に、ハナカジカの遺伝子流動と各生息地の夏季水温との関係について、景観遺伝学の解析手法を駆使して複数の観点から検証した。調査地は石狩川水系空知川上流域とし、本流域内の20地点において、夏季水温が低い傾向のある第四紀火山岩に覆われた流域（火山岩流域）と、その他流域の地点が入り混じるサンプリングデザインによりハナカジカの組織片を採取した。組織片から抽出したDNA（組織DNA）をMIG-seq法によるゲノムワイドSNP解析に供試し、集団遺伝解析を行った。解析の結果、流域内で河川ネットワークに対応した集団遺伝構造がみられた。また、集団間の遺伝的分化は地理的距離が離れるほど大きくなる「距離による隔離」のパターンがみられたが、遺伝的分化と地点間の夏季水温差との関係（「環境による隔離」）はみられなかった。一方で、双方向的な遺伝子流動の推定により、夏季水温の低い地点から高い地点への「ソース・シンク構造」が検出され、夏季水温の低い支流が流域内において個体供給源として機能し、流域全体の遺伝的多様性が維持されている可能性が示された。

次に、このような遺伝子流動評価に必要な現地調査の簡便化を図るため、近年生物相調査での活用が進んでいる環境DNAメタバーコーディング解析（環境DNA調査）の景観遺伝学への適用可能性を検証した。組織DNAからミトコンドリアDNA D-loop領域を分析し、環境DNA調査で使用可能なプライマーを作成した後、組織片を採取した早瀬の下流側において環境DNAサンプル（河川水）を採水した。環境DNAサンプルからD-loop領域のメタバーコーディング解析を行

い、サンプル内におけるハプロタイプの相対リード数を遺伝子頻度とみなした集団遺伝解析を行った。その結果、ハプロタイプの分布には河川ネットワークに対応した空間構造がみられ、そのパターンは前述した組織 DNA の解析から得られたものと概ね一致していた。また、環境 DNA で得られたデータから集団間の遺伝的分化を計算したところ、組織 DNA から計算した結果と高い相関を示した。さらに、組織 DNA の解析で示されていた距離による隔離がみられ、環境による隔離がみられないパターンが環境 DNA の解析によっても得られることを確認した。これら環境 DNA で得られたデータからは双方向的な遺伝子流動の推定など個体情報を用いる一部の解析は困難であるものの、基礎的な景観遺伝学的解析を一定程度行えることが示された。

最後に、これまで河川生物での解析が難しかった河川ネットワーク全体の様々な景観要素が遺伝子流動に与える影響（「抵抗による隔離」）、および気候変動による遺伝子流動の将来変化について検証・推定した。これらは、流量・水温を空間異質性を加味して予測する水文モデルおよび近年開発された河川景観遺伝モデリングの手法を取り入れることで実現した。河川区間ごとの遺伝子流動の強度を景観変数で説明するモデルを作成した結果、夏季水温が低い区間ほど、また、河川次数の大きい区間ほど遺伝子流動が豊富であることが示された。さらに、水文モデルから予測した気候変動シナリオ下での将来水温を用いて遺伝子流動の将来変化を推定した結果、遺伝子流動の強度は 21 世紀末までに流域全体で低下することが示された。火山岩流域の支流など遺伝子流動がある程度維持される支流もあると予測された一方で、現在遺伝子流動の豊富な河川次数の大きい本流では水温の上昇幅が大きく、遺伝子流動の減少も顕著なことが予測された。これは、水温上昇を抑える気候変動緩和策および低水温・本流区間を保全する適応策の推進を強調するものである。

以上の結果は、ハナカジカの保全において夏季水温の低い支流そのものや、これら支流と他の支流を結びつける本流が遺伝子流動の維持において特に重要であることを示しており、この方針は他の冷水性魚類とも共通する点が多い。本種は水流などで受動的に流されることが移動分散の主要な原動力と考えられることから、本流における流下や、流された個体の生息適地である支流への移動を阻害しないような砂防ダムの設計・改良や、低水温区間および本流区間における生息場の保全・創出が有効な保全方策だと考えられる。

本種の有効な保全方策については生息地の質・量の観点からは既に提案されていたが、本流の重要性などは遺伝子流動を評価することではじめて明示できたものである。より多くの河川生物で遺伝子流動の評価を実践することで、「質の高い生息地を増やす」アプローチと「生息地の連結性を向上させる」アプローチの両面から河川・流域管理指針を立てることが可能になるだろう。その際、調査目的に応じて適切に調査地点を選定するとともに、生息地そのものと生息地を結ぶ区間の双方に着目し、「距離による隔離」「環境による隔離」「抵抗による隔離」「ソース・シンク構造」といった複数の仮説を検証することが重要と考えられる。このためには、環境 DNA 調査を行い、一部を組織 DNA や生態学的な調査と併用することも有効である。