

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 26 年 5 月 29 日現在

機関番号：10101

研究種目：若手研究(B)

研究期間：2011～2013

課題番号：23770013

研究課題名(和文) 個体群動態、遺伝的構造、生活史変異を考慮した個体群ユニットの検討

研究課題名(英文) Evaluation of population units considering population dynamics, genetic structure, and life history variation

研究代表者

小泉 逸郎 (KOIZUMI, Itsuro)

北海道大学・創成研究機構・特任助教

研究者番号：50572799

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,600,000円、(間接経費) 1,080,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、サケ科魚類の大規模長期データを用いて、個体群動態、遺伝的構造、生活史変異を考慮した個体群ユニットの検討を行った。5-10km以内の近接河川では遺伝的分化が認められず均一の集団であることが示唆された。しかし、個体数変動の同調性を調べたところ遺伝的に均一な集団においても独自のデモグラフィーを示した。また、繁殖時期、卵サイズなどの生活史形質も河川間で違いが認められたが、明瞭な地理的クラスターは形成されなかった。本研究から、異なる視点により異なる個体群構造が見えることが明らかになった。“個体群”を調べる際には、着目する対象を明確にして、その適用範囲を認識することが重要である。

研究成果の概要(英文)：This study examined "population units" with long-term data on salmonid fish, considering population dynamics, genetic structure, and life history variation. Microsatellite DNA analysis indicated genetic homogeneity for stream groups within 5-10km. However, demographic independency was suggested even among genetically non-divergent groups. In addition, despite significant variations in life history traits among streams, no geographic cluster was observed. This study suggested that population units can vary depending on the entities we focus.

研究分野：生物学

科研費の分科・細目：生態・環境

キーワード：個体群動態 個体群ユニット 進化的に重要な単位(ESU) 同調性 遺伝的構造 生活史形質 地理的変異 サケ科魚類

1. 研究開始当初の背景

“ 個体群 ” とは “ ある地域における生物個体の集まり ” と定義されており、生態学上最も重要な基礎単位である。例えば、生存率、成長率、絶滅率などの主要パラメーターは個体群をベースとしており、また集団遺伝学的には個体群 (任意交配集団) とは進化の最小単位と考えられている。しかしながら、実際の生物は複数の生息地間 (あるいは個体群間) を移動しているため、個体群の境界が明瞭でなく個体群動態や局所適応をどのスケールで扱えばよいのか確立した指針がない。間違ったスケールで研究を行うと、誤った結論を導き出すばかりか、保全生態学的な研究の場合には望まない結末に繋がる危険性がある。

個体群の実体を解明するためには、多数の地域で個体数変動や生活史変異を調べ、さらにそれらが個体の移住によってどのように影響されているかを調べる必要がある。しかしながら、複数地点での長期データ収集や広域にわたる個体の移動追跡は極めて困難であり、実証研究はほぼ皆無である。コンピューターシミュレーションや DNA 分析を用いた解析は急速に発展しているが (Waples & Gaggiotti 2006)、実証研究を欠いたままでは現実の理解には程遠い。

2. 研究の目的

研究代表者は、北海道空知川の河川性サケ科魚類 (イワナ属オシロコマ) を対象に大学院時代から一貫して地域個体群間の移住が個体群動態や生活史変異に与える影響、つまり “ メタ個体群 ” の研究を行ってきた。この研究を行う中で、個体群ユニットとは、個体群生態学的視点 (デモグラフィックユニット)、集団遺伝学的視点 (任意交配ユニット) および進化生態学的視点 (進化的に重要な単位: ESU) で異なると考えるようになった。これらを統合整理し個体群の実体が明らかとなれば、生態学的研究に統一的指針を与えることができる。

そこで本研究では、オシロコマの大規模長期データを用いて、個体群動態、遺伝的構造、および生活変異を考慮した個体群ユニットの検討を行った。

3. 研究の方法

(1) 遺伝的構造解析

マイクロサテライト DNA を用いて合計 28 個体群 (支流) 2,054 個体を解析した。そのうち 10 個体群においては 4-10 年のスパンで遺伝子頻度の時間的変化を調べた。遺伝的距離と地理的距離の関係を調べ (Isolation-by-distance) どれくらいの地理的スケールで遺伝的分化が起きているか (遺伝的に均一化か) を評価した。遺伝子頻度の時間的変化は主成分分析 (PCA) を用いた。また、個体群間の遺伝的類似度 ($1-F_{ST}$) を算出しクラスター分析を行った。

(2) 個体群動態の解析

個体群間で頻繁に移住が起これば個体数変動が同調することが知られている。したがって、個体数の同調性を指標に個体群ユニットの検討を行った。同調性は 8-16 年のデータが蓄積されている 19 の支流個体群においてクロス相関を計算した。また、個体群間のクロス相関係数を用いてクラスター分析を行った。

(3) 生活史形質の変異パターン

繁殖時期、卵数・卵サイズ、発生速度が支流個体群間で異なるかどうか、異なるとしたらどのような空間パターンを持つのかを明らかにした。繁殖時期は 30 個体群における野外データ (遺伝要因と環境要因の複合)、卵数・卵サイズおよび発生速度 (卵が孵化するまでの時間) は 6 個体群における共通環境下飼育データ (遺伝要因) を解析した。

4. 研究成果

(1) 遺伝的構造

各個体群は同一河川内の支流単位であり地理的スケールが比較的小さい ($< 30 \text{ km}$)。しかしながら、遺伝的に適度に分化しており (平均 $F_{ST} = 0.05$) 5-10 km を超えるスケールでは有意な遺伝的分化が認められた。また、地理的距離と遺伝的距離に正の相関も検出された (図 1)。一方、空間的な変異に比べて、時間的な構造はある程度安定していた (平均 $F_{ST} = 0.02$) (図 2)。多くの個体群では年度間で有意な変化が認められなかったが、遺伝子頻度が大きく変化している個体群も存在した ($F_{ST} = 0.04-0.08$)。クラスター解析の結果から、中流域がある程度まとまったグループを形成していた。以上の結果は、地理的に 5-10km 以内の支流集団は遺伝的に均一の個体群ユニットに属することが示唆された。

〔学会発表〕(計 1 件)

小泉逸郎、個体群の単位を探る：遺伝的均一性と個体数同調性の関係、日本生態学会第60回大会、静岡県コンベンションアーツセンター、2013.3.5-9 (口頭発表)

〔図書〕(計 1 件)

池田啓、小泉逸郎、文一総合出版社、系統地理学：DNA で解き明かす生きものの自然史、2013、314

〔その他〕

ホームページ等

<http://www.cris.hokudai.ac.jp/koizumi/>

6 . 研究組織

(1)研究代表者

小泉 逸郎 (KOIZUMI, Itsuro)

北海道大学・創成研究機構・特任助教

研究者番号：50572799