

**科学研究費助成事業 研究成果報告書**

平成 29 年 6 月 19 日現在

機関番号：16301

研究種目：挑戦的萌芽研究

研究期間：2014～2016

課題番号：26630247

研究課題名(和文) 適応進化を考慮した気候変動下の遺伝的多様性予測モデルの開発

研究課題名(英文) Development of A Prediction Model of Adaptive Evolution of Genetic Diversity under Climate Change

研究代表者

渡辺 幸三 (Watanabe, Kozo)

愛媛大学・理工学研究科(工学系)・教授

研究者番号：80634435

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,000,000円

研究成果の概要(和文)：気候変動モデルのダウンスケーリングを行い、複数のシナリオ下における降水量・気温を予測した。そして、分布型流出モデルを活用して流域内の流速・水深・水温の空間分布を予測し、MaxEntにより、各シナリオ下の水生昆虫4種の対象流域内の生息分布を推定した。さらに、ゲノムワイドの遺伝子データからBayeScanおよび自己組織化特徴マップ解析により環境選択性遺伝子座を同定した。そして、水温・流量等の変数と対立遺伝子頻度の関係を表す重回帰モデルを作成し、気候変動下の環境選択性遺伝子座と遺伝的多様性の空間分布を予測した。その結果、水温による自然選択を強く受けていた種の遺伝的多様性の著しい劣化が予想された。

研究成果の概要(英文)：We projected adaptive genetic variations of four species of stream insect under climate change scenarios, using the distributed hydrothermal model and 8 global climate models. We modeled 11-31 selective AFLP loci per species, which were statistically identified to be subject to natural selection. We acquired bias-corrected air temperature and precipitation data of 3 RCP scenarios (CP2.6, RCP4.5, RCP8.5) from the GCMs. Then, these climatic data were used to calculate annual metrics of current velocity, water depth and water temperature using the hydrothermal model. Models describing adaptive genetic variation, which is represented as linear response of allele frequency at each locus under natural selection to environmental predictors, have been constructed based on current hydrothermal variables. Using the models, we estimated future changes of the allele frequency along changing climate gradients.

研究分野：生態工学

キーワード：気候変動 適応進化 遺伝的多様性 河川生態系 選択性遺伝子座

1. 研究開始当初の背景

気候変動に伴う温暖化や異常気象は、流域内の河川底生動物等の水生生物の遺伝的多様性(同種個体間の遺伝的変異)を劣化させる可能性がある。この劣化プロセスには、突然変異等の偶然的な事象に起因する「中立進化」と自然選択で起こる「適応進化」の二つがある。従来の遺伝的多様性の予測は、適応進化は無視し、中立進化を前提とする単純なモデルで行われてきた。しかし、膨大なゲノムには様々な環境因子の自然選択を受ける遺伝子が数多く存在する。特に流域生物は、気象のみならず、水文・水理現象を介して、水温・流速・河床材料・水質等の幅広い環境因子が影響する可能性がある。環境が変われば適応できない遺伝子は排除される。この適応進化を考慮した気候変動後の遺伝的多様性を予測するモデルの開発は世界的に先例がない。

1. 研究の目的

- (1) 膨大なゲノムから環境選択を受けている遺伝子を迅速に検索し、それら遺伝子と環境因子の連関を定量化する適応進化モデルを開発する。
- (2) 全球気候モデル(GCM)と洪水・融雪・熱収支等の水文プロセスを記述する分布型流出モデルを融合して、気候変動後の流域内の水温、流速、水質等の環境変数の時空間分布を予測する。
- (3) 上記(1)の適応進化モデルを流域全体に演繹的に適用し、(2)で予測された気候変動後の環境勾配に基づいて、流域内の遺伝的多様性の空間分布を予測する。

3. 研究の方法

本研究は4つの研究課題から構成される(図1)。課題1は全球気候モデルと分布型流出モデルを融合し、気候変動後の流域内の水温・流速等の環境変数を予測する。課題2では、種ごとに生息適正度指数モデルを作成し、流域内の生息分布を予測する。課題3では、ゲノムから環境選択を受ける遺伝子を検索し、環境変数と遺伝的多様性の適応進化関係を定量化する連関モデルを開発する。課題4では、上記課題1~3の成果を集約して、複数の気候変動シナリオ下の流域内の遺伝的多様性の将来予測を行う。

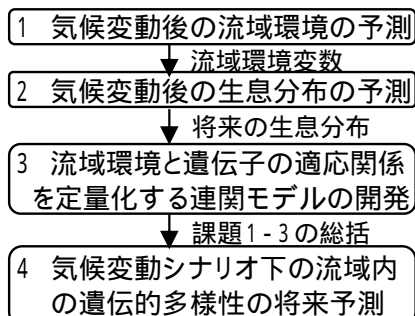


図1 研究を構成する4つの課題

4. 研究成果

課題1「気候変動後の流域環境の予測」

名取川(宮城県)流域のウルマーシマトビケラ、ヒゲナガカワトビケラ、シロズシマトビケラ、フタスジモンカゲロウの4種を対象に、遺伝的多様性を AFLP 法で調査した。さらに、カワゲラ6種を日本広域から採取し、ゲノムワイドの DNA データを解読する次世代 DNA シークエンシング(RAD シークエンシング)解析を行った。

全球気候モデル(GCM)で流域内の気象条件を予測するために、宮城県名取川流域を対象とした統計学的ダウンスケーリングを行った。3つの代表的濃度経路(RCP)シナリオ: RCP2.6 (conservative), RCP4.5, RCP8.5 (extreme)について、それぞれ降水量と気温のダウンスケーリングを行った。GCMには、CMIP5 database に格納されている8つのモデル: CanESM2, CCSM4, CNRM-CM5, CSIRO-Mk3-6-0, GFDL-ESM2G, MIROC5, MRI-CGCM3, NorESM1-M をそれぞれ用いて、各アウトプット値の平均値を用いた。予測は近未来(2031~2050年)と遠未来(2081~2100年)についてそれぞれ行った。そして、分布型流出モデルを用いて、対象流域内の流速、水深、水温の時空間分布を1時間ごとに、250mメッシュスケールで予測した。

課題2「気候変動後の種の生息分布予測」

気候変動後の対象種の生息分布を予測する生息度適正度指数モデルを作成した。まず、課題1で予測された流域内の水温、流速、水深の年最大値、年平均値、年最小値と共に、GISベースの土地利用区分データ(割合)を加えて、各解析グリッド(250m×250m)の環境特性を定量化した。これら環境特性を説明変数、課題2で現地調査した対象種の個体群密度を目的変数とする maximum-entropy approach (MaxEnt)モデルを作成した。そして、このモデルを流域全体に演繹的に適用することで、気候変動シナリオにおける各種の生息可能(生息度適度>0.5)な範囲を将来の種の生息分布として推定した(図2)。

課題3「流域環境と遺伝子の適応関係を定量化する連関モデルの開発」

課題1で得たゲノムワイドデータからベイズ推定に基づく BayeScan 解析とニューラルネットワークモデルに基づく自己組織化特徴マップ(SOM)解析を活用して環境選択性遺伝子座を同定した。そして、課題1で予測された水温・流量等の生息環境変数の中から、検索された各環境選択性遺伝子の遺伝子頻度と最も強い連関(相関)を示す環境変数を検索した。そして、対立遺伝子頻度と連関



図2 対象4種の生息分布(生息適正度 > 0.5)の予測値。左が現状値, 右が遠未来(2081~2100年)の, RCP8.5 (extreme)シナリオ化の予測値。

が認められた環境変数の関係を表す重回帰モデルを作成した。

課題4「気候変動シナリオ下の流域内の遺伝的多様性の将来予測」

まず、各流域の解析グリッドにおいて、課題1で予測された複数の代表的濃度経路(RCP)シナリオ下の環境変数値を入力し、課題2で導かれた生息度適正度指数モデル

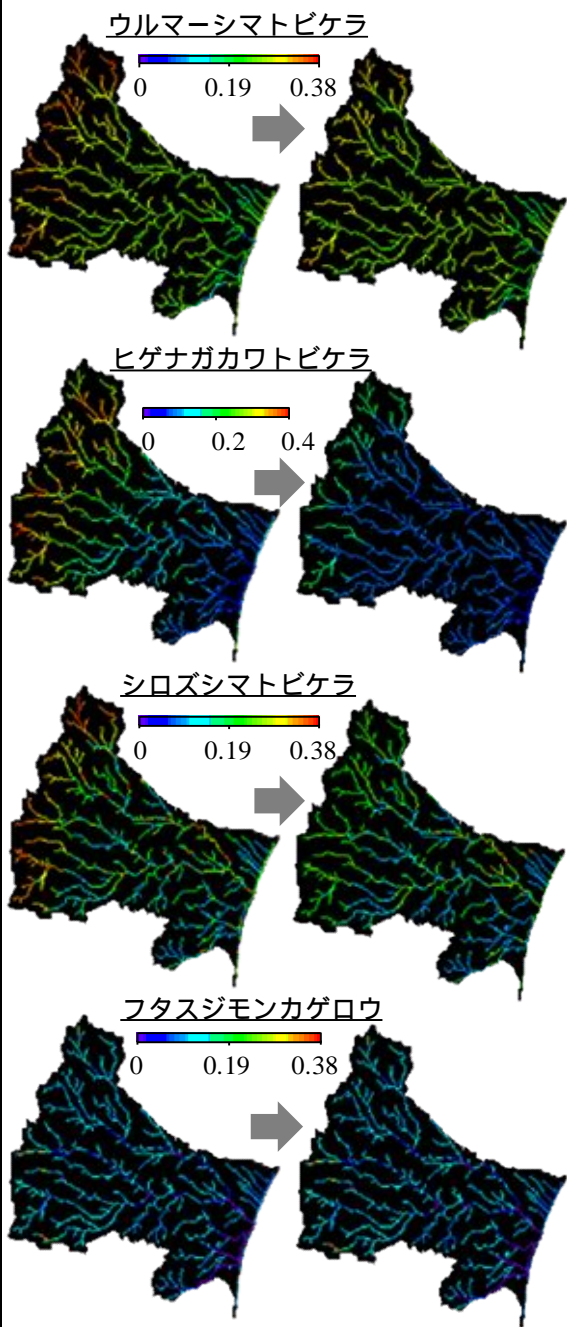


図3 対象4種の遺伝的多様性の流域内分布の予測値。左が現状値, 右が遠未来(2081~2100年)の, RCP8.5 (extreme)シナリオ化の予測値。

に基づいて、将来の種の生息分布域を予測した。また、同様に、入力した環境変数値に基づいて、課題3で導かれた環境と対立遺伝子頻度の連関モデルから、気候変動下の生息分布内の遺伝的多様性の空間分布と流域全体の遺伝的多様性を予測した(図3)。

上記の予測は、環境選択性遺伝子座と共に、中立遺伝子座(環境選択を受けていない遺伝子座)においても同様に行った。その結果、環境選択性遺伝子座の方が中立遺伝子座に比べて遺伝的多様性の劣化がより著しいことが予想された。

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 15 件)

1. Kozo Watanabe and Michael T Monaghan, Comparative Tests of Species-Genetic Diversity Correlations in Neutral and Nonneutral Loci in Four Species of Stream Insect, Evolution, in press, 2017, DOI: 10.1111/evo.13261, 査読有
2. Kei Nukazawa, So Kazama, and Kozo Watanabe, Catchment Scale Modeling of Riverine Species Diversity Using Hydrological Simulation: Application to Tests of Species-Genetic Diversity Correlation, Ecohydrology, 10, e1778, DOI: 10.1002/eco.1778, 2017, 査読有
3. Weihai Li, Dávid Murányi, Maribet Gamboa, Ding Yang, and Kozo Watanabe, New species and records of Leuctridae (Plecoptera) from Guangxi, China, on the basis of morphological and molecular data, with emphasis on Rhopalopsole, Zootaxa, 4243 (1), 165-176, DOI: <https://dx.doi.org/10.11646/zootaxa.4243.1.8>, 2017, 査読有
4. Kei Nukazawa, So Kazama, and Kozo Watanabe, Catchment Scale Modeling of Riverine Species Diversity Using Hydrological Simulation: Application to Tests of Species-Genetic Diversity Correlation, Ecohydrology, 10, e1778, DOI: 10.1002/eco.1778, 2017, 査読有
5. Bin Li, Kozo Watanabe, Dong-Hwan Kim, Sang-Bin Lee, Muyoung Heo, Heui-Soo Kim and Tae-Soo Chon, Identification of Outlier Loci Responding to Anthropogenic and Natural Selection Pressure in Stream Insects Based on Self-Organizing Map, Water, 8(5), 188, 2016, DOI: 10.3390/w8050188, 査読有
6. Kei Wakimura, Yasuhiro Takemon, Atsushi Takayanagi, Shin-ichi Ishiwata, Kozo Watanabe, Kazumi Tanida, Nobuyoshi Shimizu, Mikio Kato, Characterization of genes for histone H3, 18S rRNA, and cytochrome oxidase subunit I of East Asian mayflies (Ephemeroptera). DNA Barcodes, 4, 1-25, 2016, DOI: 10.1515/dna-2016-0001, 査読有
7. 八重樫咲子, 泉昂佑, 三宅洋, 渡辺幸三, 次世代シーケンス解析による瀬切れ河川の水生昆虫複数種を対象とした流域内交流パターンの網羅的評価, 土木学会論文集 G(環境), 72(7), III\_489-III\_496, 2016, 査読有
8. 渡辺幸三, 近藤俊介, 泉昂佑, 八重樫咲子, メタバーコーディングを活用した排砂バイパスダム上下流間の河川底生動物の群集構造の評価, 土木学会論文集 G(環境), 72(7), III\_559-III\_566, 2016, 査読有
9. 糠澤桂, 風間聡, 渡辺幸三, 水文モデルと底生動物の生息場モデルを用いた河川健全度パターンの評価, 土木学会論文集 B1(水工学), Vol.72, No.4, I\_433-I\_438, 2016, 査読有
10. Kei Nukazawa, So Kazama, and Kozo Watanabe, A Hydrothermal Simulation Approach to Modelling Spatial Patterns of Adaptive Genetic Variation in Four Stream Insects, Journal of Biogeography, 42, 103-113, 2015, DOI: 10.1111/jbi.12392, 査読有
11. 八重樫咲子, 不破直人, 山崎久美子, 三宅洋, 渡辺幸三, ダムおよび瀬切れによる河川分断化がエルモンヒラタカゲロウの地域間交流に及ぼす影響の遺伝的評価, 土木学会論文集 G(環境), Vol.71, No.7, III\_115-III\_122, 2015, 査読有
12. Kozo Watanabe, Sakiko Yaegashi, Hiro Tomozawa, Shunichi Koshimura, and Tatsuo Omura, Effects on River Macroinvertebrate Communities of Tsunami Propagation after the 2011 Great East Japan Earthquake, Freshwater Biology, Vol. 59, No. 7, 1474-1483, 2014, DOI: 10.1111/fwb.12359, 査読有
13. Kozo Watanabe, So Kazama, Tatsuo Omura, and Michael T Monaghan, Adaptive Genetic Divergence along Narrow Environmental Gradients in Four Stream Insects, PLoS ONE, 9(3), e93055, 2014, 査読有
14. Sakiko Yaegashi, Kozo Watanabe, Michael T Monaghan, and Tatsuo Omura, Inferring Fine-scale Dispersal in the Caddisfly *Stenopsyche marmorata* (Trichoptera: Stenopsychidae) Using Spatial Autocorrelation of Microsatellite Markers, Freshwater Science, Vol. 33, No. 1, 172-180, 2014, 査読有
15. Kei Nukazawa, So Kazama, Akihiko Takase, Kozo Watanabe, A hydrological approach to revealing relationship between physical habitat and genetic diversity of stream invertebrates, Proceedings of the 19th Congress of the Asia and Pacific Division of the International Association for Hydro-Environment Engineering and Research (IAHR-APD), 9, CDROM, 2014, 査読有

〔学会発表〕(計 70 件)

1. Sakiko Yaegashi, Kozo Watanabe, Metabarcoding analysis of water environmental DNA to reveal species diversity of aquatic insects using next generation sequencing, The Association for the Sciences of Limnology and Oceanography (ASLO) 2017 Aquatic Science Meeting, Hawaii (USA), 2017.3.1
2. Nukazawa, K. Kazama, S., Watanabe, K., Adaptive genetic consequences of climate change for stream insects: a hydrothermal simulation approach, 20th Congress of the Asia and Pacific Division of the International Association for Hydro-Environment Engineering and Research (IAHR-APD), Colombo (Sri Lanka), 2016.8.30
3. Sakiko Yaegashi, Kozo Watanabe, Multispecies assessments of effects of habitat fragmentations on population genetic structures of stream invertebrates using next-generation sequencing, 20th Congress of the Asia Pacific Division of the International Association for Hydro Environment Engineering & Research, Colombo (Sri Lanka), 2016.8.29
4. Maribet Gamboa, Kozo Watanabe, Gene-environmental association of stoneflies across environmental gradients in Japan, 3rd International symposium of Benthological Society of Asia, Vladivostok (Russia), 2016.8.4
5. D. Muranyi, W.H. Li, M. Gamboa, K. Watanabe, Different ways of sperm transfer among the Capniidae (plecoptera), and its importance in the generic system of the family, The 3rd Symposium of Benthological Society of Asia, Vladivostok (Russia), 2016.8.4
6. David Muranyi, Maribet Gamboa, Jeong Mi Hwang, Yeon Jae Bae, Kozo Watanabe, Systematic revision of the Asian Capniidae (Plecoptera), Annual Meeting of the Entomological Society of Korea, Kyungpook National University, Daegu (Korea), 2016.05.12
7. Kozo Watanabe, Advancement of genome analysis in aquatic insects, Seminar for Genetics-Ecology-Evolution-Modeling, Busan ( Korea ), 2016. 3.19
8. Kozo Watanabe, Climate change detected by molecular ecology and evolution, Seminar for Genetics-Ecology-Evolution-Modeling, Busan ( Korea ), 2016. 3.18
9. 八重樫咲子, 戸高涼太郎, 三宅洋, 渡辺幸三, 次世代シーケンシングを用いた河川水生昆虫の遺伝的多様性の評価, 第 50 回日本水環境学会年会, アスティとくしま (徳島県・徳島市), 2016. 3.16
10. 脇村圭, 竹門康弘, 吉田徹彦, 工藤純, 稲井公二, 渡辺幸三, 加藤幹男, 大規模 DNA 配列データ解析に資する水生昆虫種判別マーカーデータベースの構築と解析, 日本陸水学会近畿支部会第 27 回研究発表会, 兵庫県立大学 (兵庫県・姫路市) 2016.3.6 .
11. Sakiko Yaegashi, Shunsuke Kondoh, Kozo Watanabe, Species diversity of Trichoptera in a semi-natural Tagliament River (Italy) revealed by Poisson Tree Processes model, The 5th China-Japan-Korea Colloquium on Mathematical Biology, 同志社大学 (京都府・京都市), 2015. 8.27
12. Kozo Watanabe, Kei Nukazawa, Aita S, Kazama So, Estimating periphyton dynamics in a temperate catchment using a hydrological simulation, 26th International Union of Geodesy and Geophysics (IUGG) general assembly, Prague (Czech Republic), 2015. 6.22
13. Maribet Gamboa, Kozo Watanabe, New adaptive perspective in insects, International symposium for frontier of Bioinformatics, 東京工業大学 (大田区・東京都), 2015. 4.16
14. Sakiko Yaegashi, Kozo Watanabe, Michael T Monaghan, Tatsuo Omura, Gene flow and genetic structure in a stream caddisfly stenopsyche marmorata revealed by both nucleic and mitochondrial DNA, 2014 ASLO Aquatic Sciences Meeting, Granada (Spain), 2015. 2.25
15. Nukazawa Kei, Kazama So, Takase Akihiko, Watanabe Kozo, A hydrological approach to revealing relationship between physical habitat and genetic diversity of stream invertebrates, 19th Congress of the Asia and Pacific Division of the International Association for Hydro-Environment Engineering and Research (IAHR-APD), Hanoi (Vietnam), 2014. 9.23
16. Bin Li, Kozo Watanabe, Heui-Soo Kim, Tae-Soo Chon, Applying self-organizing map in AFLP data analysis in aquatic insects, The 2nd Symposium of Benthological Society of Asia, Busan ( Korea ), 2014. 6.6
17. Shunsuke Kondoh , Xavier-Francois

Garcia , Yasuhiro Takemon , Klement Tockner , Michael T Monaghan , Kozo Watanabe, DNA Taxonomy Reveals Species Diversity of Chironomidae (Diptera) in a Semi-natural River in the Alps, The 2nd Symposium of Benthological Society of Asia, Busan ( Korea ) , 2014. 6.6

18. Kozo Watanabe, Kohsuke Izumi , Maribet Gamboa , Yo Miyake, DNA-based assessment of species richness of stream macroinvertebrate community using next generation sequencing, The 2nd Symposium of Benthological Society of Asia, Busan ( Korea ) , 2014. 6.6

〔図書〕(計0件)

〔産業財産権〕

出願状況(計0件)

取得状況(計0件)

〔その他〕

ホームページ等

## 6. 研究組織

### (1)研究代表者

渡辺 幸三 (WATANABE, Kozo)  
愛媛大学・理工学研究科・教授  
研究者番号：80634435

### (2)研究分担者

風間 聡 (KAZAMA, So)  
東北大学・工学研究科・教授  
研究者番号：50272018

### (3)連携研究者

なし

### (4)研究協力者

なし