

## PRESS RELEASE (2024/03/05)



報道関係者各位

# 里山の赤トンボが生息地ネットワークを 形成するための地理的条件を解明 －保全に必要な生息地同士のつながりを再生するために－

## ポイント

- ・里山に生息する赤トンボの一種ミヤマアカネは近年全国的に激減しており、各生息地における集団の孤立が懸念されています。
- ・保全に必要な生息地同士のつながり（生息地ネットワーク）が各地でどれだけ劣化・消失しているかを、ゲノムワイドな DNA 解析により確かめました。
- ・成虫が移住できる距離は約 5km 以内であり、生息地の周囲 1km 以内に草地が多いほど、移入してきた個体が定着しやすいことが示されました。
- ・本成果は、ミヤマアカネの保全に必要な生息地ネットワークを再生する際の指標となります。

## 概要

国立研究開発法人森林研究・整備機構森林総合研究所らの研究グループは、近年全国的に激減している里山の希少種ミヤマアカネ（トンボ目：トンボ科）のDNAをゲノムワイドに解析することで、保全に必要な生息地同士のつながり（生息地ネットワーク）が全国各地でどれだけ劣化・消失しているのかを確かめ、つながりの再生に必要な地理的条件を解明しました。具体的には、①過去には全国の生息地が広くつながっていたが、現在ではほとんどの生息地において集団が孤立していること、②成虫は約5km以内の距離を移住でき、生息地の周囲1km以内に草地が多いほど、移入してきた個体が定着しやすいこと（図1）を遺伝的な証拠に基づいて示しました。本成果は、本種の保全に必要な生息地ネットワークを里山空間で再生する際の指標となります。ただし、生息地ネットワークの再生においては、地域固有の集団を他の集団と混在させないように、遺伝的多様性の保全に配慮することも必要です。本研究結果は、2023年12月8日に保全生物学分野の国際科学誌 Conservation Geneticsのオンライン版に掲載されました。

## 背景

里山に生息する赤トンボの一種ミヤマアカネは、草地に囲まれた小川や水田水路の緩やかな流れに生活する水辺の昆虫です（図2）。かつては全国の水田地帯にごく普通に見られましたが、水田の圃場整備や河川改修によって幼虫（ヤゴ）の生息に必要な緩やかな流れが失われ、本種は1970年代以降、全国各地で激減しています。本種は赤トンボの中でも移動性が低いとされており、各地域の生息地において集団の縮小・孤立が懸念されます。

集団が縮小・孤立した場合、遺伝的多様性の低下が急速に進むことで、集団を存続できずに絶滅してしまうリスクが高まります。そのリスクを軽減するためには、生息地同士のつながり（生息地ネットワーク）を再生し、生息地の間を個体が行き来できるようにすることが重要と考えられます。しかし、本種の生息地ネットワークが過去からどれだけ劣化・消失したのか、またどのような条件でつながりが形成されるのかは解明されていませんでした。

そこで本研究では、次世代シーケンサーを使ったゲノムワイドな遺伝解析手法を利用して、ミヤ

マアカネの遺伝的多様性を評価し、国内における生息地ネットワークの歴史的な変遷や、生息地ネットワークを形成するための地理的条件を調べました。

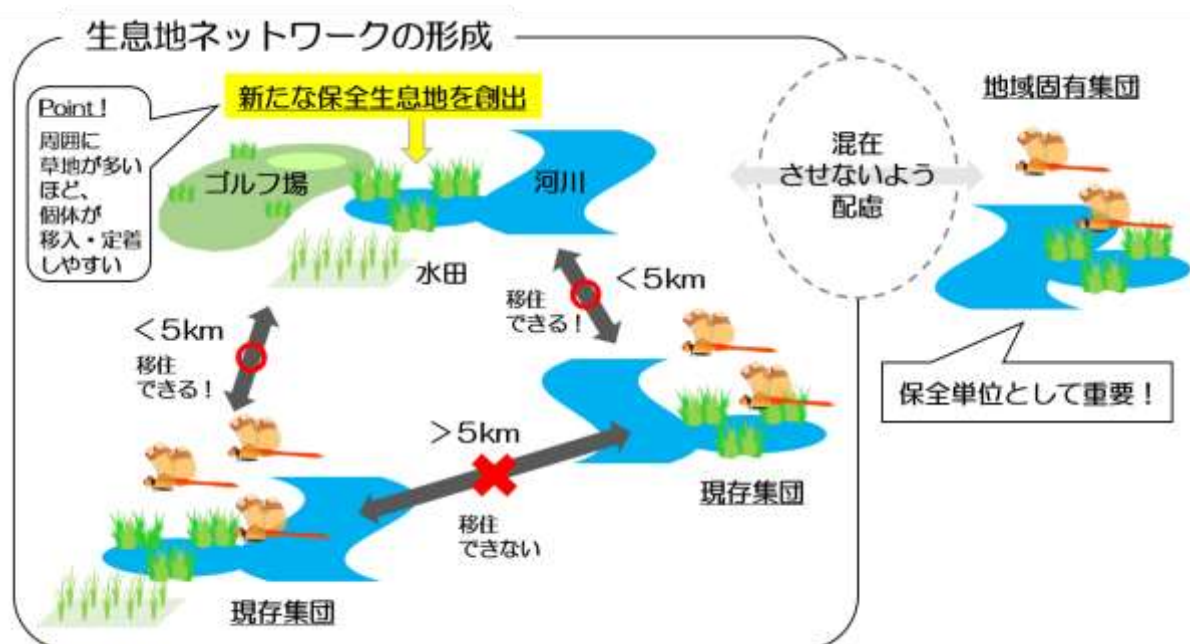


図 1.本研究で明らかとなったミヤマアカネの生息地ネットワーク形成のための地理的条件。成虫が移住できる約 5km 以内の距離に他の集団があり、かつ多くの草地（水田やゴルフ場を含む）に囲まれた生息水域を保全・創出することで、生息地ネットワークの再生が期待できる。



図 2. ミヤマアカネの雄成虫(a)とミヤマアカネの生息環境(b)。

## 内容

本州～九州で発見したミヤマアカネの 23 集団（図 3a）について、RADSeq<sup>1)</sup>という手法で集団遺伝解析を実施して遺伝的多様性を評価し、国内における生息地ネットワークの歴史的な変遷や、生息地ネットワークを形成するための地理的条件について解析しました。

### 【過去の生息地ネットワークは全国規模だった！一部地域の遺伝的固有性も明らかに】

図 3b には、集団間の遺伝的な違いを平面上の距離として表現したグラフを示しています。図の右下部分には、遠く離れた東北、北陸、中部、九州の集団が集合していることから、これらの集団は遺伝的に近いことが分かりました。かつて全国に多数の生息地が存在していた時代には、遠く離れた集団同士であっても、何世代にもわたる移住の連鎖によって遺伝的につながっていたのだら

うと考えられます。一方、意外なことに、兵庫県の一部の集団（図 3b 左中央）と滋賀県の集団（図 3b 右上）は、地理的には近いのに遺伝的には最も離れているという興味深い結果も得られました。これらの集団は、近畿地域で 50 万年ほど前に起こった地殻変動（六甲変動および琵琶湖形成）の中で、隆起した山地等に囲まれて長く隔離されたことにより、固有性が高まった集団（地域固有の遺伝集団）と考えられます。

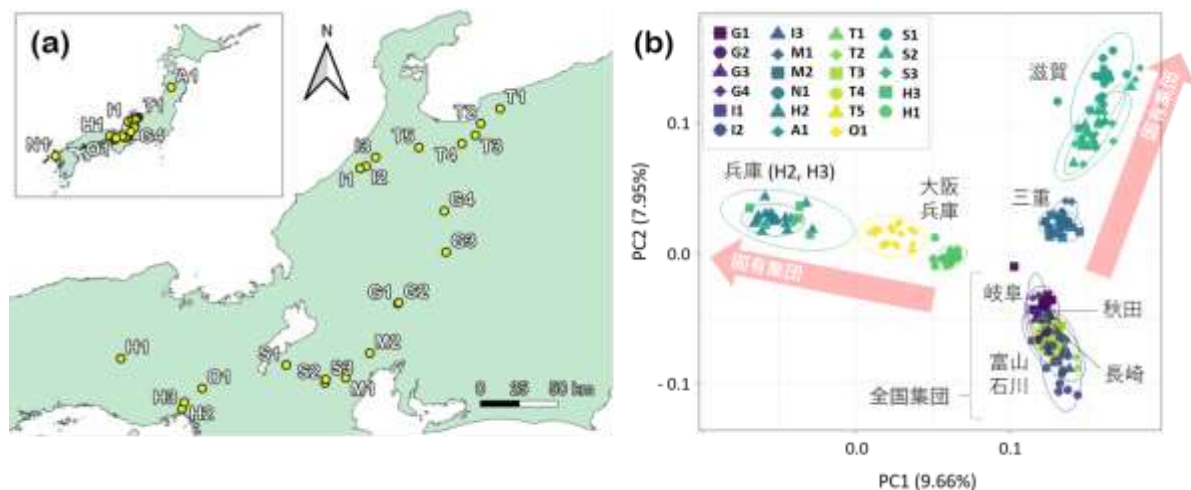


図 3. (a) ミヤマアカネの集団が発見された東北から九州の 23 地点の地図。  
(b) 集団間の遺伝的な違い（距離）を 2 次元平面上に表す主成分分析<sup>2)</sup>のプロット。  
第 1 主成分 (PC1) と第 2 主成分 (PC2) にはそれぞれ全体の遺伝的なばらつきの  
9.66%、7.95%が要約されている。記号のアルファベットは県名の頭文字を表してい  
る。

### 【現在の生息地ネットワークは分断されている！生息地のつながりを再生する条件の提案】

調査した 23 集団の間では、移住の遺伝的な証拠となる「遺伝子流動<sup>3)</sup>」が距離約 5km 以内の生息地間でわずかに認められましたが、全体としてはほとんど移住が起こっておらず、多くの生息地において集団が孤立していることが明らかになりました。一方で、個体の移住の程度や集団の安定性などを指標する「塩基多様度<sup>4)</sup>」の値は、生息地の周囲 1km 以内の草地（水田やゴルフ場を含む）の面積と正に相関しました（図 4）。このことは、生息地の周囲に草地が多いほど、移入してきた個体が定着しやすいことを示唆しています。その他、森林面積や標高、河川密度などは移住・定着のしやすさに影響しないことも分かりました。

以上の結果から、生息地が激減している現在、各地で消失したミヤマアカネの生息地ネットワークを再生し、かつての移住の連鎖が再現されるようにするためには、①5km 以内に他の集団が存在し、②周囲 1km 以内に草地が多い場所で生息水域を保全・創出するのが効果的であると言えます（図 1）。ただし、近畿地域に見られるような地域固有の集団は保全単位として重要であるため、ネットワークの再生を地域内にとどめておくなど、遺伝的多様性の保全に配慮することが必要です。

### 今後の展開

今回、赤トンボの一種ミヤマアカネが生息地ネットワークを形成するための地理的条件を具体的に示すことができました。赤トンボは身近で親しみやすい昆虫であるため、本成果による生息地ネットワークの再生は、行政や企業、市民による生物多様性の回復や環境保全の取り組みなどにも取り入れやすいものと考えられます。また、本研究の成果は、個体数を増やすために他地域の赤トンボを人が持ち込んで放すような取り組みが、長い時間をかけて蓄積された地域の遺伝的固有性や生息地ネットワークそのものを破壊しかねない行為であることも示しています。

近畿地域では地史との関連が示唆される地域固有の集団が見つかりました。今後は、当該地域における移動性の低い水辺生物の遺伝的固有性に関するさらなる研究が必要です。

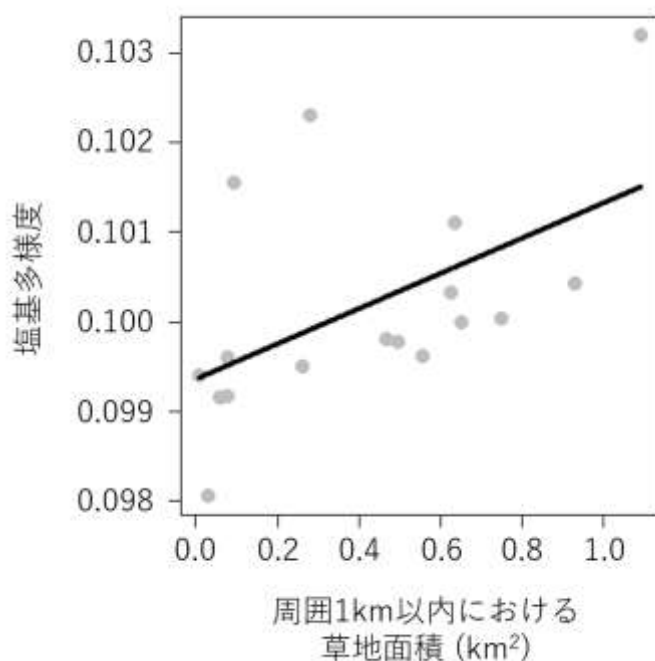


図 4. 塩基多様度<sup>4)</sup>と周囲 1km 以内における草地面積の関係。  
灰色の点は実際のデータ（個体数が 4 以上の 17 集団）を、黒色の線は統計モデルによる推定を示している。

## 論文

|     |                                                                                                                                              |
|-----|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 論文名 | Conservation genomics of an endangered floodplain dragonfly, <i>Sympetrum pedemontanum elatum</i> (Selys), in Japan（氾濫原性の希少種ミヤマアカネの保全遺伝学的研究） |
| 著者名 | Wataru Higashikawa, Mayumi Yoshimura, Atsushi J. Nagano（龍谷大学・慶応義塾大学）, Kaoru Maeto（神戸大学）                                                      |
| 掲載誌 | Conservation Genetics                                                                                                                        |
| DOI | 10.1007/s10592-023-01595-2                                                                                                                   |
| 研究費 | 科学研究費補助金（17J00154, 23K17071）、河川基金（2021-5211-009）                                                                                             |

## 用語解説

### <sup>1)</sup>RADSeq（Restriction-site Associated DNA Sequencing）

ゲノム DNA の特定の塩基配列を制限酵素によって切断し、切断部位の近傍に見られる一塩基多型（Single nucleotide polymorphism, SNP）と呼ばれる変異を多数抽出する手法です。集団間における SNP の類似性をもとにして、集団同士の遺伝的な違いを分析することができます。本研究では、約 20,000 個の SNPs を参照しました。

### <sup>2)</sup>主成分分析

データのばらつきに多くの要因（変数）が関与するとき、それらの要因を要約した主成分（Principal Component, PC）を用いて、主成分を軸とする空間上にデータを並べる分析手法です。図 3b では 2 つの主成分（PC1, PC2）による 2 次元平面上に調査した集団を並べています。

### <sup>3)</sup>遺伝子流動

ある集団から別の集団へ遺伝子が移動すること。遺伝子の移動は個体の移動を示すことから、遺伝子流動は集団間における個体の移住を示す指標として用いられます。

#### <sup>4)</sup>塩基多様度

ランダムに抽出した2つの塩基配列の間で異なっている塩基の割合のこと。2つの塩基配列の間で異なる塩基の割合を、すべての組み合わせに対して計算した際の平均値として表され、個体の移住の程度や集団の安定性などを示す指標として用いられます。

#### 共同研究機関

神戸大学、龍谷大学、慶應義塾大学

#### お問い合わせ先

【研究に関するお問い合わせ】

森林総合研究所 九州支所 森林動物研究グループ

研究員 東川航

Tel : 096-343-3849 E-mail : higashi30@ffpri.affrc.go.jp

【報道に関するお問い合わせ】

森林総合研究所 企画部広報普及科広報係

Tel : 029-829-8372 E-mail : kouho@ffpri.affrc.go.jp