

「別寒辺牛川流域におけるカワシンジュガイ類の遺伝学的・生態学的研究と保全対策」

北海道大学大学院水産科学研究科生命資源科学専攻

栗原善宏

1. 研究の目的

淡水二枚貝類（イシガイ目）は国際自然保護連合（IUCN）や各国のレッドリストに多くの種がリストされ、国内外を問わず危急度の高い保護策施行の対象となっている。また、本種群は特異な繁殖様式をもつことや幼生期に魚類に寄生することで知られ、陸水下の様々な生態的ニッチに適応した多様な種によって構成される興味深い生物群である。

本研究が対象とするカワシンジュガイ科 *Margaritifera* は北半球の北部に周極分布する冷水性の淡水二枚貝グループであり、サケ科魚類に寄生することで知られる。本邦には 1 種 *Margaritifera laevis* の生息が知られ、北海道から中国地方にかけて不連続的に分布しているが、本種の分布域や現存する個体群は著しい減少傾向にあり、本州の一部では既に個体群の絶滅も報告されている。現在、本種は環境省のレッドリストに絶滅危惧種 類（VU）として指定されている。

近年、生物多様性保全の重要性が指摘され、本科貝類の保全を目的とした研究が欧州・米国を中心に盛んに行われている。これまで本種群の生物学的知見は十分に集積がなされていないことから、現在行われている研究の多くは交配システムや生息環境把握といった生態学的特性の調査をはじめとする基礎的研究が中心となっている。遺伝学的手法を用いた研究も報告され始めているが、それらは極めて断片的なものであり、単系統性・種同定・亜種判定といった進化系統上の位置づけに関する課題や、遺伝的多様性・集団構造・遺伝子流動といった個体群構造に関する課題への取り組みは始まったばかりである。実際的な保護方策の策定を目的とした実践的な研究への展開が予想される一方、現在、我が国における研究例は乏しく、日本産カワシンジュガイ類の生物学的基礎資料の集積は急務といえる。

本研究では、これまでの研究で見出された日本産カワシンジュガイ 2 グループについて、日本列島全域より標本を採集し各地方集団の遺伝的多様性を調査すると共に、これら 2 グループの類縁関係ならびに海外のカワシンジュガイ科貝類との系統関係の解明を試みる。また、本研究では、2 グループの生活史特性の解明を目的とした生態学的研究の予備調査として、河川内分布・繁殖期・宿主選択性の調査および標識法の検討を実施した。

2. 調査・研究の方法

2.1. 分布調査ならびにサンプリング

2003年5月から7月にかけて別寒辺牛川流域で河川内分布調査を行い、同時に各解析に使用する標本を採集した。アイソザイム解析に用いた標本は、採集直後にドライアイスで冷凍するか、活貝を実験室まで持ち帰り、超低温庫で冷凍して実験に供するまで保存した。また、閉殻筋・外套膜の一部はミトコンドリア DNA 解析のため 100%エタノールで固定、保存した。採集した標本の殻は外部形態を比較するため、軟体部を摘出した後に洗浄し、保存した。本研究では別寒辺牛川のほか、道内 4 河川、東北地方 3 河川、中部地方 2 河川および中国地方 1 河川より標本を採集し各解析に用いた (Fig. 1)。

2.2. アロザイム解析

アロザイム調査は常法の水平式デンブングル電気泳動法とザイモグラム法で行い (Harris et al., 1976; Murphy et al., 1990) 遺伝子座および対立遺伝子の命名は Shaklee et al. (1990) に従った。同じ酵素の同位遺伝子座については、より陽極側に泳動されるものから順にアラビア数字を付加した。またカワシンジュガイ属の各集団間に全く変異の認められなかった Sod 酵素遺伝子座の対立遺伝子を *100 とし、その相対移動度で示した。本研究では 14 酵素 16 遺伝子座に支配されるアロザイムを調査し、検出されたバンドパターン (ザイモグラム) からそれぞれの集団の対立遺伝子頻度を算出し、それらから多型率 (P_{95}) および平均ヘテロ接合体率 (H_o , H_e) を遺伝的多様性指標として求めた。また、各集団間の遺伝的距離 (D; Nei, 1972) から群平均法 (UPGMA 法) による樹形図を作製し、各集団間の遺伝的分化および 2 グループの類縁関係を推定した。

2.3. ミトコンドリア DNA 解析

閉殻筋から抽出した DNA をテンプレートとして、PCR 法 (Saiki et al., 1988) によりミトコンドリア DNA 16SrRNA 遺伝子領域を増幅した。PCR 増幅産物は精製した後、ターミネーター反応を行い自動シーケンサー 310 Genetic Analyzer (ABI) により、L 鎖と H 鎖双方の塩基配列を解読した。解析には、日本産カワシンジュガイの塩基配列のほか、DDBJ に登録されているアメリカ産 *M. falcata* 1 個体、ヨーロッパ産 *M. margaritifera*, *M. auricularia* 各 1 個体、アメリカ産 *Cumberlandia monodonta* 1 個体の塩基配列を加え、木村 (1980) の 2 変数進化距離 (K2P) に基づく近隣結合樹 (Neighbor-joining tree) を作成し、2 グループならびに本科貝類の分子系統関係を推定した。

2.4. 外部形態比較

本研究に用いた全標本の殻長、殻高および殻幅を計測し、殻長と殻高の比（殻高 / 殻長）、殻長と殻幅の比（殻幅 / 殻長）および殻高と殻幅の比（殻幅 / 殻高）を算出した。これらの計測結果をもとに、アロザイム調査によって識別された 2 グループについて殻の外部形態を比較した。

2.5. 野外繁殖生態（予備調査）

本年度は、野外生態調査を実施するための予備調査として、2 グループの河川内分布、繁殖期、宿主魚類および標識法の検討の 4 項目を実施した。まず、2003 年 5 月から 7 月にかけて別寒辺牛川流域におけるカワシンジュガイの生息調査を実施し、生息の確認できた地点から 2 グループの存否を確認するための DNA サンプルを採集した。繁殖期調査では、成貝中のグロキジウム幼生の有無を確認すると共に、宿主魚類であるサケ科魚類（ヤマメ・アメマス等）へのグロキジウム幼生の寄生状況を確認し別寒辺牛川水系での繁殖時期を推定した。幼生が寄生していたサケ科魚類の一部は実験室へ持ち帰り、2 グループの宿主選択性調査のための標本とした。現在のところ、殻の外部形態に基づいて 2 グループを判別することが困難であることから、成貝および魚類に寄生する幼生の種判別には遺伝子マーカーを用いた。淡水二枚貝類の標識法には、貝殻を削り刻印する方法が一般的であるが視覚的には極めて不明瞭である。さらに、貝の大部分は砂礫中に埋没していることなどから確認のために河床から貝を取り出さなくてはならず移動行動などの調査には適していない。今回は、原色のカラーペイント等を使用した標識法を検討した。

3. 結果と考察

3.1. 日本産カワシンジュガイ 2 異種の存在

調査した 16 遺伝子座のうち 8 遺伝子座で多型性が認められた。そのうち 4 遺伝子座 (*Ak**、*Est**、*Gpi** および *Ldh**) では、その間に対立遺伝子の完全な置換が認められる 2 グループ (グループ A、グループ B の略称) の存在が見出された (Table 1)。これら 2 グループ各集団間の遺伝的距離 (Nei, 1972) を求め (Table 2)、群平均法によるデンドログラムを作成した結果、両グループの各河川集団はそれぞれ同一のクラスターを形成し、2 グループが遺伝的に大きく分化していることが判明した (Fig. 2)。調査した 9 河川中、グループ A は 8 河川 (別寒辺牛川、標津川、当幌川、別当賀川、雄物川、安家川、小本川、農具川、逆さ川) より見出され、グループ B は 6 河川 (別寒辺牛川、標津川、当幌川、別当賀川、琵琶瀬川、逆さ川) より見出された。いずれの同所的生息においても両者の交雑個体は見出されないことから、2 グループ間に生殖的隔離が存在することが強く示唆される。Mayr (1963) の生物学的種概念に従えば、これら 2 グループはそれぞれ独立種として扱うのが妥当であろう。

3.2. 2 グループの遺伝的多様性

各遺伝的多様性指標はこれら 2 グループに分け算出した (Table 1)。グループ A の各河川集団を比較した結果、いずれの河川集団もほぼ同等の値を示した (注: Table 1 では別寒辺牛川・標津川・当幌川・別当賀川以外の河川は省略している)。これに対しグループ B では調査した 16 遺伝子座すべてが単型的であり、いずれの河川集団でも全く変異性は認められなかった。グループ A 全 11 集団を平均すると多型率=23.3%、 $H_o=0.078$ 、 $H_e=0.081$ であり、これらの値は、Machordom et al. (2003) による欧州産カワシンジュガイ科 2 種から求めた値 ($H_o=0.014$ 、 $H_e=0.015$) よりも高い値であり、Davis et al. (1981) による北米産イシガイ科貝類 11 種より求めた値 (多型率=0.292、 $H_o=0.078$) とほぼ同等の値である。これは、調査したグループ A の集団は危惧される程は個体群サイズが小さくないことを示していると考えられる。一方、グループ B に全く変異性が認められなかったことについては、過去に相当のボトルネック効果や遺伝的浮動の影響を受けている可能性が示唆されるが、3 倍体雌雄同体で自家受精を行うマシジミがやはりアロザイムについて単型的であること (酒井ほか、1994) を考えあわせると雌雄同体である可能性もある。このため、今後、詳細な遺伝的変異性調査および倍数性・雌雄性の調査が必要である。

3.3. カワシンジュガイ科貝類の分子系統関係

アロザイム遺伝子調査の結果を受け、それぞれの河川集団より 2 グループ 1 個体ずつをミトコンドリア遺伝子解析に用いた。両グループ共に個体間に変異は認められなかった

が、2グループ間では393bp中9塩基の置換が認められた（Table 3）。決定した2グループの塩基配列に海外のカワシンジュガイ科貝類の塩基配列を加え、木村の2変数進化距離に基づく近隣結合樹を作成した結果、各河川のグループAとBはそれぞれ同一のクラスターを形成し、2グループ間には遺伝的分化が認められた（Table 3、Fig. 3）。また、クラスター解析により海外のカワシンジュガイ科貝類と比較した結果、これら2グループが互いに系統的に近縁な同胞種であることが判明した。さらに、これら2グループは北米太平洋岸沿いに分布する *M. falcata* に最も近縁であることが示唆され、次いで、ヨーロッパ産 *M. margaritifera* に近縁であることが示唆された（Fig. 3）。

3.4. 2グループの形態的差異

2グループの殻の外部形態には地理的な変異が認められたことから（Fig. 4）同所的に生息する2グループについて殻の外部形態を比較した。同所的生息地5河川のうち、別当賀川と逆さ川では2グループの標本数の偏りが大きいため（アロザイム結果 Table 1 参照）十分な標本数が得られた別寒辺牛川、標津川、当幌川の2グループについて、殻の外部形態を比較した。2グループの3形質はいずれも正規分布に従い、母分散の等分散性の検定においても有意に異なることから平均値の差の検定（two sample T test）を行った。今回比較に用いた3形質の値は、別当賀川を除きすべての同所的生息地でレンジが重複するものの、いずれの形質においても有意差が認められた（ $p < 0.05-0.001$, Table 4）。いずれの同所的生息地においても2グループはそれぞれ同一傾向の形態的特徴を示し（Fig. 4）両者が互いに固有の形態的特徴を有していることが明らかとなった。これらの結果はまた、両者が独立種であることを強く示唆する。

3.5. 野外生態調査（予備調査）

河川内分布調査：河川内分布調査の結果、別寒辺牛川水系の計16地点においてカワシンジュガイの生息を確認した（Fig. 5、Table 5）。支流間で生息密度の差はあるものの、今年度に調査を実施した道内の他の河川よりも広範囲かつ高密度に生息していた。別寒辺牛川流域は2種の同所的生息地であることに加え、各支流において多数の成員の生息が確認されることから、国内はもちろん、道内でも極めて高い生息数と良好な生息環境を維持する河川といえよう。各調査地点における2グループの存否確認（遺伝子マーカー使用）については現在遂行中であるために本報告書では記載していないが、アロザイム遺伝子・ミトコンドリアDNA遺伝子調査に用いた標本はSt. 10（Fig. 5、Table 5）より採集していることから、少なくとも別寒辺牛川水系尾幌川支流のホマイカイ川には2種が同所的に生息することは明らかである。

繁殖期推定：日本産カワシンジュガイの幼生放出期は広島県高梁川で5月中旬～下

旬（内藤、1988）、北海道千歳川で7月下旬～8月下旬（粟倉、1964）と報告されている。調査を実施した別寒辺牛川では6月後半には既に放出前の幼生が成貝中に多数認められ、捕獲したサケ科魚類の鰓には幼生の寄生が認められた。さらに、寄生していた幼生を顕微鏡下で観察した結果、寄生後の成長が認められたことから、別寒辺牛川流域では遅くとも5月下旬～6月中旬には繁殖期が始まっていると判断される。

宿主選択性：別寒辺牛川で捕獲されたサケ科魚類はヤマメ、アメマスであったが、幼生の寄生が認められたのはアメマスのみであった。アメマスに寄生していた幼生がどちらの種か、あるいは両方かを調査するため、現在、遺伝子マーカーを用いた幼生の種判別を実施している。今回の調査ではヤマメで寄生は認められなかったが、捕獲できたヤマメの数が少なかったことや捕獲したアメマスのなかにも幼生の寄生していない個体は多いことから、今後の調査で見出される可能性がある。厳密な宿主選択性の解明には定量的な調査を計画する必要がある。

標識法の検討：貝の外部表面に原色ペイントマーカーで色付けし、さらに個体識別番号を記入した。ペイントには一般に市販されているペイントマーカーを用いたが、貝が砂礫中を移動するためか一週間程度で脱落してしまった。この対処法としてペイントマーカーの上から無色のゼリー状瞬間接着剤でコートすることで脱落を防ぐことができた。現在のところ数ヶ月間ではあるがペイントの剥離防止を確認している。

3.6. 総合考察

本研究では集団遺伝学的手法に基づいて日本列島11河川17集団を調査し、2グループ間に生殖的隔離が存在することを見出し、さらに、両者が互いに固有の形態的特徴を有することを見出した。これらの結果は2グループがそれぞれ独立種であることを示唆し、今後、分類学的に細分される可能性を強く示唆する。また、これら日本産2種をはじめロシア、ヨーロッパ、北アメリカ産のカワシンジュガイ科貝類をもちいた分子系統解析では、これら2種が互いに系統的に近縁な同胞種であることが判明すると共に、これまで未解明であった進化系統上の位置づけが明らかとなった。淡水二枚貝類の中でも特に減少傾向が著しいとされる本科貝類に独立2種が存在していた事実に加え、遺伝的多様性調査では、一方の種が比較的高い遺伝的変異性を有しているにもかかわらず、もう片方の種ではいずれの集団でも全く変異性が認められないことなど、保全上考慮すべき重要な事実も明らかとなっている。

今後、これら2種の生活史特性の差異・遺伝的多様性の創出・維持機構を明らかに、それぞれに適切な保全施策を施す必要がある。また、今回の研究成果を基盤として、本種群の種分化・地域集団成立の進化的プロセス、宿主魚類との生物間相互作用を解明することは、本種群の進化史や保全すべき生物学的事態への深い理解をもたらすと予測される。

別寒辺牛川流域は、これら 2 種の同所的生息地であることに加え、各支流において多数の成貝の生息が確認されることから、国内はもちろん、道内でも極めて高い生息数と良好な生息環境を誇る学術上貴重な河川と考えられる。国内外を問わず、各地で希少化が進行し、絶滅の報告が絶えない本種群が別寒辺牛川水系の多くの地点で高密度に生息していることは、本水系をとりまく環境の多様性が適切に保全されていることと無関係ではないであろう。

謝辞

本研究を遂行するにあたり、渋谷辰生氏をはじめとする厚岸水鳥観察館のスタッフの皆様ならびに厚岸町カキ種苗センターの武山悟氏には多大なる援助を頂き、様々な便宜を図っていただきました。改めて厚くお礼申し上げます。また、独立行政法人水産大学校の高橋洋氏、北海道大学大学院水産科学研究科の野田隆之氏、久米学氏、北村武文氏、町田善康氏、有岡英明氏にはフィールドでのサンプリングにご協力をいただきました。ここに記して感謝の意を表します。最後になりましたが、別寒辺牛川流域で調査する機会を与えていただいた厚岸町町長 若狭靖氏はじめ関係者の皆様に厚くお礼申し上げます。

参考文献

- 栗倉輝彦 (1964) サケ科魚類に寄生したカワシンジュガイ幼生について. 北海道水産孵化場研究報告 19:1-16
- Davis, G. M. & Fuller, S. L. H. (1981) Genetic relationship among recent Unionacea (Bivalvia) of North America. *Malacologia* 20: 217-253.
- Harris, H. and Hopkinson D.A. (1976) *Handbook of Enzyme Electrophoresis in Human Genetics*. American Elsevier, New York.
- Kimura, M. (1980) A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution* 16:111-120.
- Machordom, A., Araujo, R., Erpenbeck, D. & Ramos, M. A. (2003) Phylogeography and conservation genetics of endangered European Margaritiferidae (Bivalvia: Unionoidea). *Biological Journal of the Linnean Society* 78: 235-252.
- Mayr, E. (1963) *Animal Species and Evolution*. Harvard University Press. Cambridge.
- Murphy, R. W., Sites Jr., J. W., Buth, D. G. and Haufler C. H. (1990) Chapter 4. Proteins I: Isozyme electrophoresis. *Molecular Systematics* 45-126. D. Hillis and C. Moritz (eds.). Sinauer Associates. Sunderland, Massachusetts.
- 内藤順一 (1994) 広島県におけるカワシンジュガイの繁殖生態 1. *比婆科学博物館研究報告* 27:7-15
- Nei, M. (1972) Genetic distance between populations. *American Naturalist* 106: 283-292.
- Saiki, R. K., Gelfand D. H., Stoffel, S., Scharf, S. J., Higuchi, R. G., Horn, G. T., Mullis, K. B. and Erlich H. A. (1988) Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. *Science* 239:487-491.
- 酒井治己・神山享一・田祥麟・網尾勝 (1994) 日本産シジミ属 3 種の遺伝的類縁関係. *日本水産学会誌* 60:605-610
- Shaklee, J. B., Allendorf, F. W., Morizot, D. & Whitt, G. S. (1990) Gene nomenclature for protein coding loci in fish. *Transactions of the American Fisheries Society* 119: 2-15.

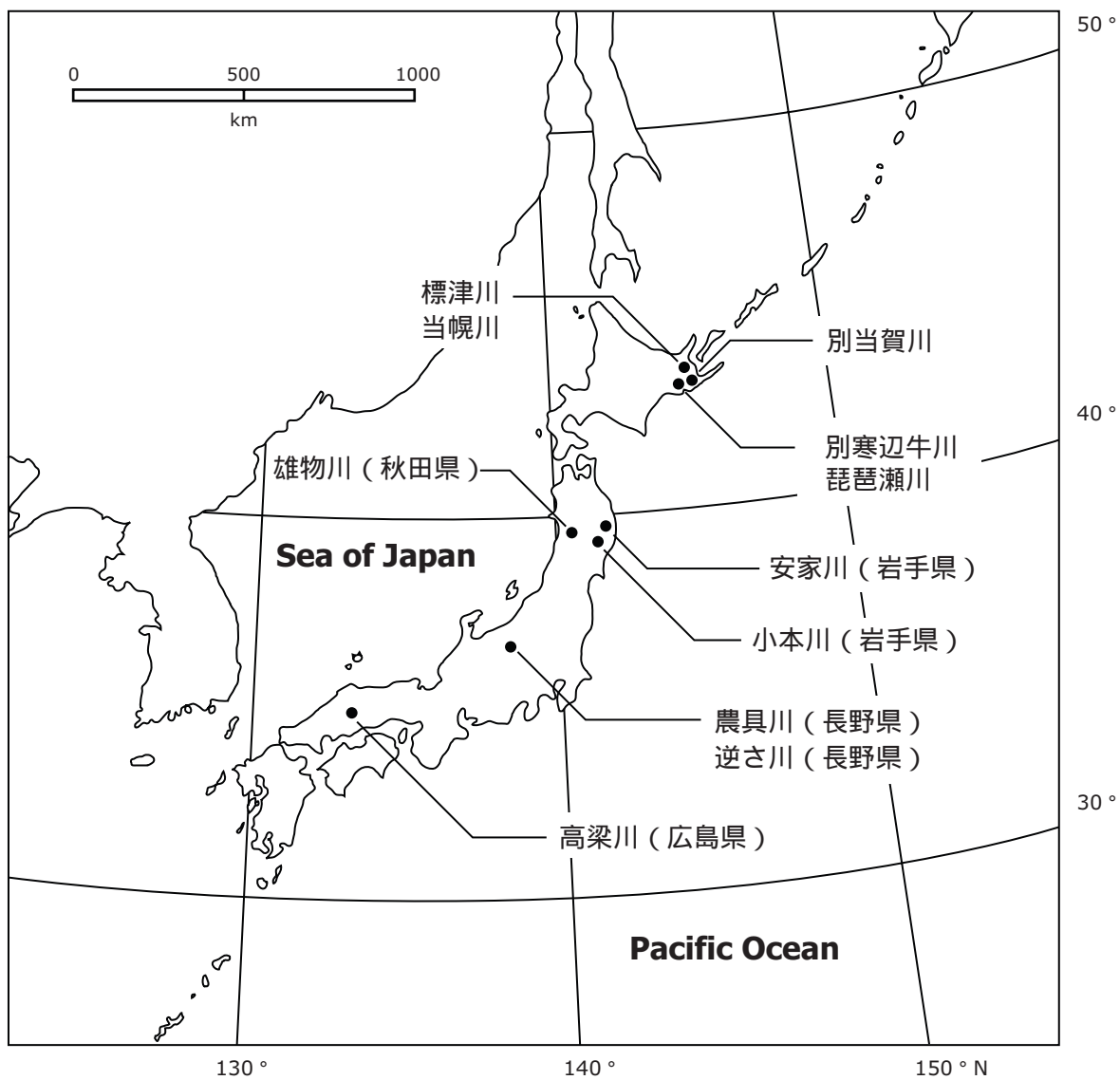


Fig.1 本研究に用いた標本の採集地点 (詳細はTable 1.)

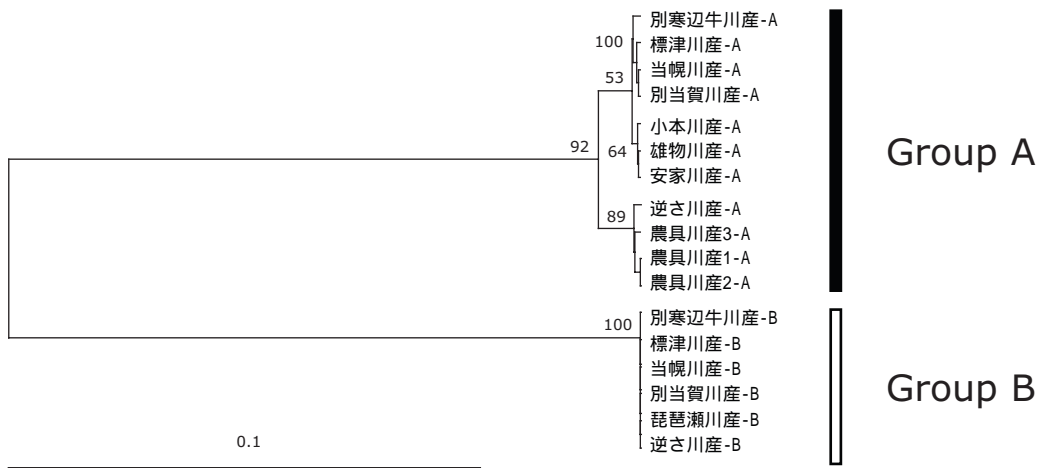


Fig. 2 2グループ各集団間の遺伝的距離(Nei, 1972)から群平均法(UPGMA法)により構築した樹形図

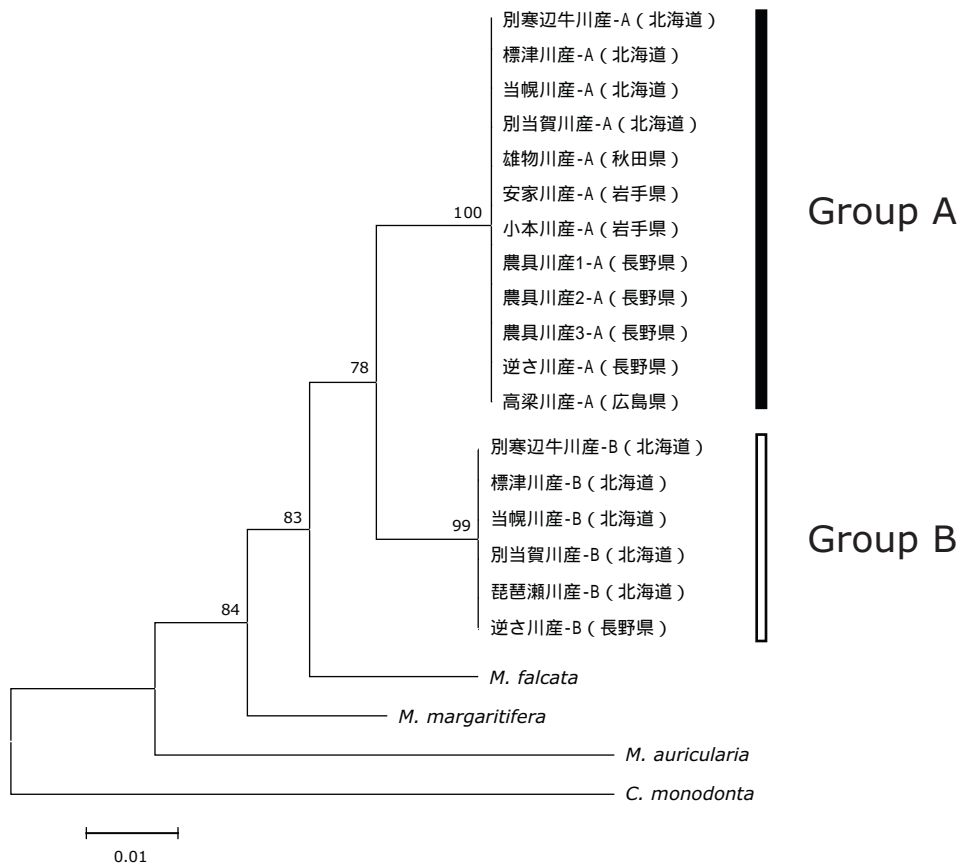


Fig. 3 ミトコンドリアDNAの塩基配列に基づくカワシングガイ類6種の分子系統関係 (Kimura(1980)の2変数進化距離に基づく近隣結合樹)

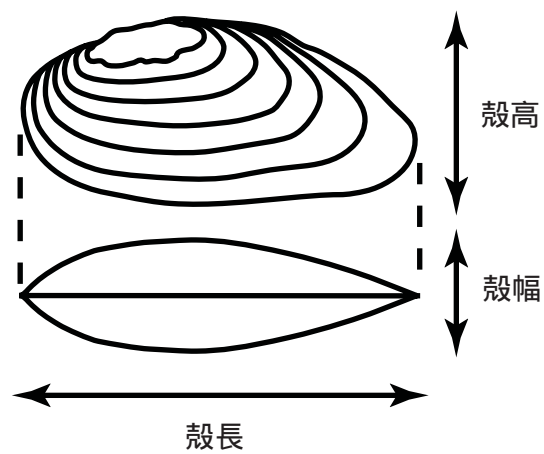
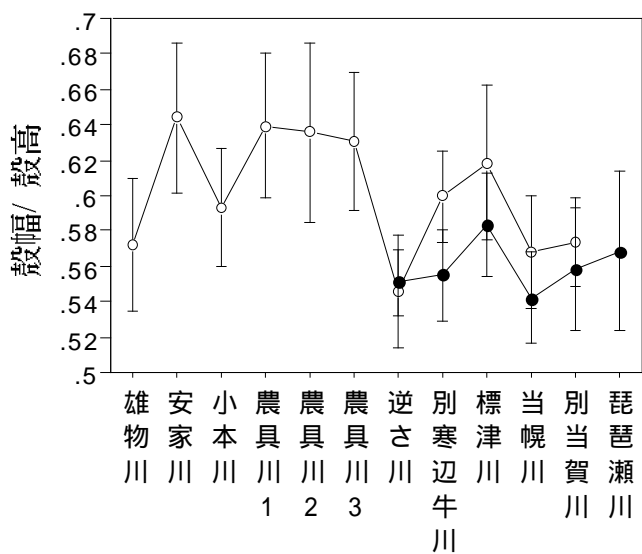
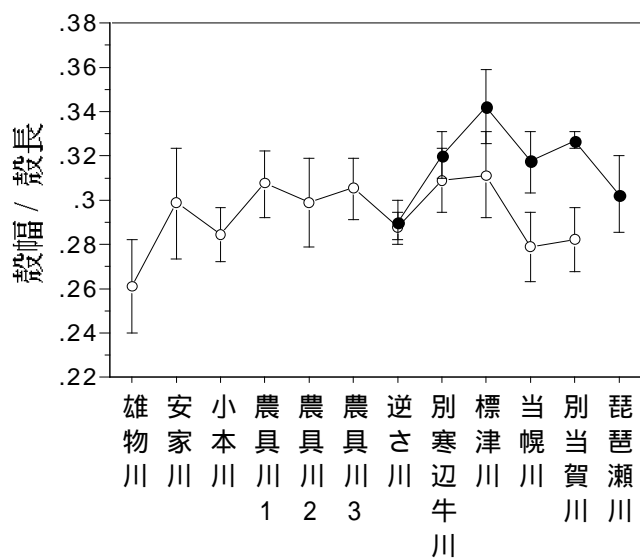
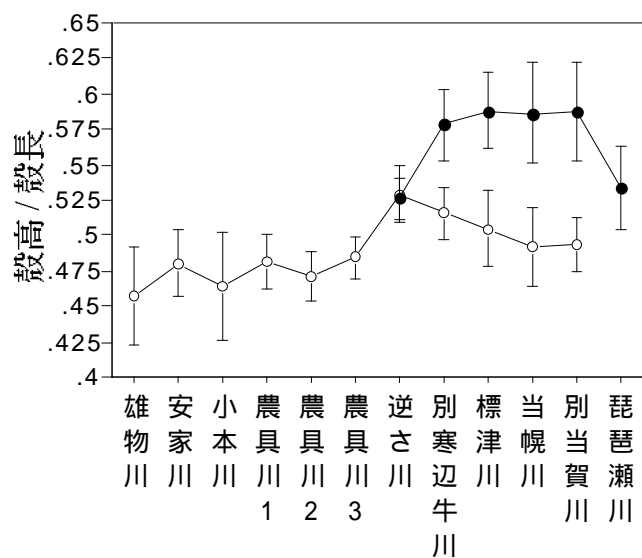


Fig.4 形態計測部位と3形質の比較結果 (図中のプロットは平均値、バーは標準偏差)
 (○ : グループA、● : グループB)

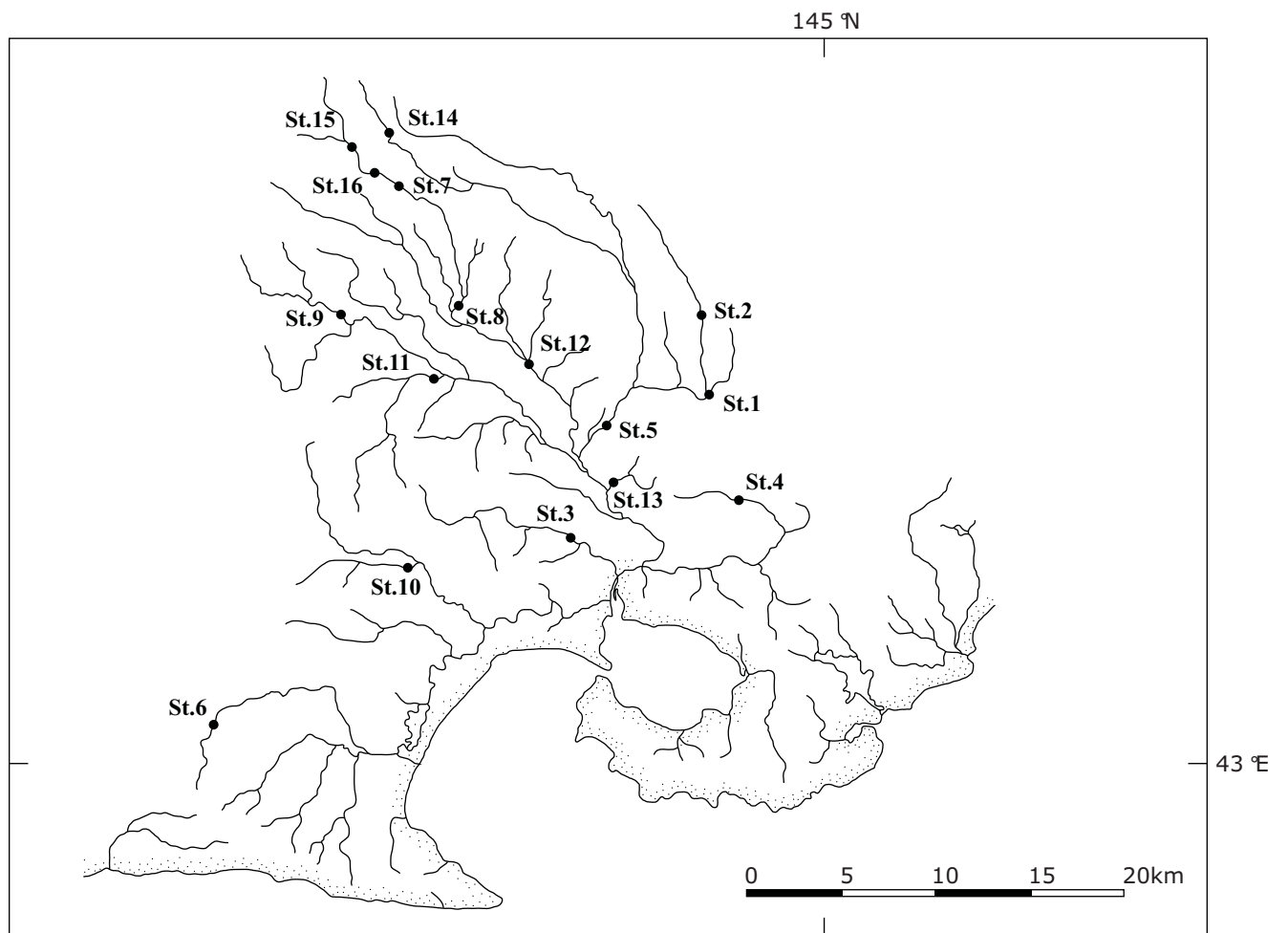


Fig. 5 別寒辺牛川水系におけるカワシンジュガイの河川内分布（生息確認地点）

Table 1. カワシンジユガイ6集団の対立遺伝子組成 (他の集団は省略) および遺伝的多様性指標 (P_{95} =多型率、 H_o =ヘテロ接合対立観察値、 H_e =ヘテロ接合対立期待値)

遺伝子座	対立遺伝子	グループ A				グループ B				
		別寒辺牛川産	武佐川産	当幌川産	別当賀川産	別寒辺牛川産	武佐川産	当幌川産	別当賀川産	
<i>Aat-1</i> *	*80	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
<i>Aat-2</i> *	*-80	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
<i>Acp</i> *	*-20	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
<i>Adh</i> *	*130	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
<i>Ak</i> *	*158	1.000	0.978	0.959	1.000	-	-	-	-	
	*149	-	0.022	0.041	-	-	-	-	-	
	*139	-	-	-	-	1.000	1.000	1.000	1.000	
<i>Cap</i> *	*177	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
<i>Est</i> *	*30	-	-	-	-	1.000	1.000	1.000	1.000	
	*15	1.000	1.000	1.000	1.000	-	-	-	-	
<i>G3pdh</i> *	*200	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
<i>Gpi</i> *	*133	0.045	0.304	0.176	0.185	-	-	-	-	
	*110	0.955	0.696	0.824	0.815	-	-	-	-	
	*73	-	-	-	-	1.000	1.000	1.000	1.000	
<i>Idhp</i> *	*169	0.000	0.022	0.095	-	-	-	-	-	
	*150	1.000	0.978	0.905	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
	*142	-	-	-	-	-	-	-	-	
	*103	-	-	-	-	-	-	-	-	
<i>Ldh</i> *	*175	0.773	0.761	0.797	0.796	-	-	-	-	
	*163	-	-	-	-	1.000	1.000	1.000	1.000	
	*152	0.227	0.239	0.203	0.204	-	-	-	-	
<i>Mdh-1</i> *	*98	1.000	0.957	0.959	0.981	1.000	1.000	1.000	1.000	
	*81	-	0.043	0.041	0.019	-	-	-	-	
<i>Mdh-2</i> *	*34	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
	<i>Pgdh</i> *	*26	0.136	0.152	0.216	0.185	-	-	-	-
	*10	0.864	0.826	0.770	0.815	1.000	1.000	1.000	1.000	
<i>Pgm</i> *	*-5	-	0.022	0.014	-	-	-	-	-	
	*191	0.864	0.891	0.865	0.944	1.000	1.000	1.000	1.000	
	*185	0.136	0.109	0.135	0.056	-	-	-	-	
<i>Sod</i> *	*100	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000		
-----		-----								
<i>N</i>		11	23	37	27	29	27	11	4	
<i>P₉₅</i>		18.8	25.0	31.3	25.0	0.000	0.000	0.000	0.000	
<i>H_o</i>		0.034	0.103	0.093	0.062	0.000	0.000	0.000	0.000	
<i>H_e</i>		0.060	0.092	0.097	0.068	0.000	0.000	0.000	0.000	
<i>H_o/H_e</i>		0.567	1.120	0.959	0.912	-	-	-	-	

Table 2. カワシンジユガイ8集団間のNei (1972) の遺伝的距離 (他の集団は省略)

集団名	1	2	3	4	5	6	7	8
1 グループA (別寒辺牛川産)	-	-	-	-	-	-	-	-
2 グループA (標津川産)	0.0047	-	-	-	-	-	-	-
3 グループA (当幌川産)	0.0023	0.0019	-	-	-	-	-	-
4 グループA (別当賀川産)	0.0019	0.0013	0.0012	-	-	-	-	-
5 グループB (別寒辺牛川産)	0.2814	0.2698	0.2798	0.2749	-	-	-	-
6 グループB (標津川産)	0.2814	0.2698	0.2798	0.2749	0.0000	-	-	-
7 グループB (当幌川産)	0.2814	0.2698	0.2798	0.2749	0.0000	0.0000	-	-
8 グループB (別当賀川産)	0.2814	0.2698	0.2798	0.2749	0.0000	0.0000	0.0000	-

Table 3. ミトコンドリアDNA塩基配列から算出したカワシンジュガイ類6種間の木村(1980)の2変数進化距離(下)と塩基置換数(転移型/転換型)(上)

		1	12	18	19	20	21
1	グループA (別寒辺牛川産)	-	9/0	11/4	11/5	24/7	32/8
12	グループB (別寒辺牛川産)	0.0236	-	11/4	10/5	25/7	36/8
18	<i>M. falcata</i>	0.0397	0.0342	-	10/5	21/9	33/10
19	<i>M. margaritifera</i>	0.0424	0.0396	0.0396	-	22/6	27/11
20	<i>M. auricularia</i>	0.0851	0.0881	0.0819	0.0764	-	37/9
21	<i>C. monodonta</i>	0.1125	0.1253	0.1215	0.1057	0.1315	-

Table 4. 同所的生息地における2グループの外部形態3形質の値(レンジ、平均値±標準偏差)および比較結果

採集河川	グループ	レンジ(最小値-最大値)			平均値±標準偏差		
		殻高/殻長	殻幅/殻長	殻幅/殻高	殻高/殻長	殻幅/殻長	殻幅/殻高
別寒辺牛川	グループA	0.477-0.544	0.286-0.328	0.562-0.642	0.516 ± 0.018	0.309 ± 0.015	0.599 ± 0.026
	グループB	0.543-0.665	0.299-0.339	0.503-0.621	0.578 ± 0.025	0.321 ± 0.011	0.555 ± 0.025
標津川	グループA	0.446-0.555	0.281-0.372	0.545-0.713	0.504 ± 0.027	0.312 ± 0.019	0.619 ± 0.044
	グループB	0.537-0.658	0.314-0.376	0.514-0.632	0.588 ± 0.027	0.343 ± 0.017	0.583 ± 0.029
当幌川	グループA	0.439-0.545	0.252-0.323	0.500-0.635	0.492 ± 0.027	0.279 ± 0.016	0.568 ± 0.032
	グループB	0.537-0.669	0.302-0.346	0.498-0.596	0.587 ± 0.035	0.317 ± 0.013	0.542 ± 0.026

2群の平均値の差の検定(two sample T test) ** $p < 0.001$, * $p < 0.05$

Table 5. 別寒辺牛川流域におけるカワシンジュガイの生息確認地点とその日付

確認地点	日付
St.1 別寒辺牛川水系トライベツ川	2003.06.28
St.2 別寒辺牛川水系トライベツ川	2003.06.28
St.3 別寒辺牛川水系大別川	2003.06.29
St.4 別寒辺牛川水系チライカリベツ川	2003.07.05
St.5 別寒辺牛川水系トライベツ川	2003.07.06
St.6 別寒辺牛川水系尾幌川	2003.07.07
St.7 別寒辺牛川(別寒橋付近)	2003.07.08
St.8 別寒辺牛川(曙橋付近)	2003.07.08
St.9 別寒辺牛川水系チャンベツ川(茶安別橋付近)	2003.07.08
St.10 別寒辺牛川水系尾幌川水系ホマカイ川(相生橋付近)	2003.07.09
St.11 別寒辺牛川水系チャンベツ川水系カタムサリ川(新開橋付近)	2003.07.09
St.12 別寒辺牛川(葵橋付近)	2003.07.09
St.13 別寒辺牛川水系ピッチイ川	2003.07.10
St.14 別寒辺牛川水系ニシフッポウシ川	2003.05.01
St.15 別寒辺牛川	2003.05.04
St.16 別寒辺牛川	2003.05.04