

溪流における魚類調査への環境 DNA 分析の適用性

(一財) 砂防・地すべり技術センター ○國田 佳穂、五十嵐 勇気
 岩手大学大学院連合農学研究科 高橋 拓実
 弘前大学農学生命科学部 藤山 若葉、工藤 誠也、東 信行

1. はじめに

環境 DNA 分析は、水中等の環境中に存在している生物由来の DNA を分析することで、生物の存在や生物量等を推定することが可能な技術である。直接採捕調査や目視調査等の労力が軽減されることや、採捕によって生物を殺したり傷つけたりすることがないといった利点から、直接採捕や目視調査を補完する技術として、近年、様々な分野の生物モニタリングで活用されている。

しかしながら、溪流の魚類調査で環境 DNA 分析を実施した調査は報告事例が少なく、その適用性を確認するためには、検証データの蓄積が必要である。

そこで本研究では、溪流環境において同地点かつ同時期に、直接採捕および環境 DNA 分析を用いて魚類の生息状況を調査し、その結果を比較することで、溪流環境における魚類調査への環境 DNA 分析の適用性について検討した。

2. 調査概要

2.1 調査箇所

調査は青森県西津軽郡深浦町に位置する広戸川および津梅川、同県五所川原市に位置する桂川の計 3 溪流で実施した。いずれも透過あるいは不透過型の砂防堰堤が設置されている溪流である。調査箇所は広戸川 6 地点、津梅川 2 地点、桂川 2 地点とした。調査箇所位置図を図 1 に示す。

2.2 調査方法

2.2.1 直接採捕

直接採捕には電気ショッカーを用い、捕獲した魚類の種類および数の確認を行った。

2.2.2 環境 DNA 分析

環境 DNA 分析では、直接採捕の実施箇所と同地点において、1 箇所あたり 500mL のサンプルを採水した。分析にあたっては、サンプルに含まれる多種類の環境 DNA を網羅的に調べることができる環境 DNA メタバーコーディング法 (MiFish 法) を用いた。

2.3 調査日

直接採捕およびサンプルの採水を実施した年月日は表 1 の通りである。いずれも直接採捕とサンプルの採水を同日に実施した。

表 1 調査実施日

溪流名	調査実施日
広戸川	2020 年 10 月 15 日
津梅川	2020 年 10 月 16 日
桂川	2020 年 11 月 6 日



図 1 調査箇所位置図

表 2 環境 DNA 分析および直接採捕の結果

目	科	種	広戸川						津梅川		桂川											
			H-st1	H-st2	H-st3	H-st4	H-st5	H-st6	T-st1	T-st2	K-st1	K-st2										
サケ	アユ	アユ								2												
	サケ	イワナ	●	3	●	8	●	3	●	9	●	17	●	10	●	6	●	13	●	3	●	1
		サケ							●				●	多数			●					
		ヤマメ											●	6	●	1	●	27	●	8		
		アマゴ		1																		
		ニジマス	●		●		●															
ベニザケ											●				●		●					
スズキ	カジカ	カンキョウカジカ											1									
	ハゼ	ジュズカケハゼ	●														●					
		シマ/スミウキゴリ																			●	
		ヨシノボリ類	●	4	●	1			●		●		1		1		●	1	●	1	●	1
コイ	コイ	ウグイ	●										●		●	1	●	2				
	ドジョウ	ドジョウ	●	1									●									
カサゴ	カジカ	カジカ大卵型															●	6	●	2		
トゲウオ	トゲウオ	トミヨ属淡水型								●	●											
ヤツメウナギ	ヤツメウナギ	ヤツメウナギ類															●		●			

●は環境DNA分析によって存在すると判定されたもの、数字は直接採捕によって捕獲された個体数

3. 結果と考察

調査結果を表 2 に示す。

3.1 広戸川

広戸川では、直接採捕で確認された 4 種類のうち 3 種類が環境 DNA 分析でも確認される結果であった。直接採捕のみで確認されたアマゴについては、本来東北地域に生息しない種であり、放流等で侵入した個体が偶然捕獲された可能性が考えられる。直接採捕で捕獲されている場合でも、状況によって環境 DNA が検出されないことが確認された。

3.2 津梅川

津梅川では、直接採捕等で確認された 6 種類のうち 3 種類が環境 DNA 分析でも確認された。一方で残りの 3 種類については、捕獲されているにも関わらず環境 DNA 分析では確認されなかった。これは調査日がサケの遡上時期と重なっており多数のサケが目視で確認されたことから、サケと比較して極端に生体量の密度が低くなり、ヨシノボリ類等の環境 DNA が高濃度のサケの環境 DNA にマスクされ、検出されなかった可能性が考えられた。

3.2 桂川

桂川においては、直接採捕で確認された 5 種の魚類すべてが環境 DNA 分析でも確認された。

4. まとめ

本結果より、溪流環境での魚類調査においても、環境 DNA 分析により魚類の生息状況のある程度把握することが可能であると示唆された。また、本検討で用いたメタバーコーディング法による環境 DNA 分析により、捕獲されなかった種も検出されており、特に希

少種の発見などに有効であることも示唆された。ただし、同時に次のような留意点も考えられた。

①コンタミネーションにより、生息しないはずの魚類の環境 DNA が検出される可能性がある。コンタミネーションに留意すると共に、調査地域の生態を把握した上で環境 DNA の分析結果を精査することが必要である。

②今回の津梅川でのサケの遡上のようなイベントが環境 DNA の検出に影響を及ぼす可能性がある。このような特異なイベントの発生が予測される場合には、調査を避けることが望ましいと考えられる。

③直接採捕で目視によって判断する場合とは異なり、環境 DNA 分析では、本調査結果のニジマスやベニザケのように他のサケ科魚類との誤判別が生じたり、シマウキゴリとスミウキゴリ、ヨシノボリ類など、遺伝的に近縁な種類の判別が困難であることがある。

- ①コンタミネーションによる誤検出
- ②調査の実施時期（特異なイベント時期の回避）
- ③誤判別，類似種の判別

今後の技術の進展により環境 DNA 分析の精度はさらに向上していくと考えられるが、環境 DNA 分析を用いるにあたっては、その特性に留意し、必要に応じて既往手法と併用すると共に、最終的な判断においては対象地域の生態に詳しい専門家（学識者等）にご意見をいただくことが望ましい。

<参考文献>

1) 高原 他(2016)環境 DNA 分析の手法開発の現状～淡水域の研究事例を中心に～，日本生態学会誌, 66:583-599