

テーマ「環境DNAをもちいた魚類相解析による 河川横断工作物の生態学的影響評価法の確立」

所 属：龍谷大学理工学部

氏 名：山中裕樹

1. 目的

本研究では海と川とを行き来する、もしくは河川内を時期的に移動する魚類を主な対象として、大阪湾から琵琶湖に至る淀川水系で環境DNAによる移動分散の把握手法の開発を試みた。これにより複数の河川横断構造物（魚道有り無し）の上下流を含めて在不在判定を行うことにより構造物の魚類の移動への影響を簡便・迅速に把握する調査手法を提案することを目的とした。

2. 方法

(1) 水産上の有用魚種で両側回遊魚であるアユに加え、偶来性淡水魚とされるスズキ、ボラを含めた種特異的なプライマー・プローブのセットを開発した。また、淀川下流域から徐々に分布を拡大しているヌートリアについても同様の開発を行った。(2) 開発したプライマー・プローブセットの種特異性についてPCR産物の塩基配列を調べることによって検証を行った。(3) 月毎に淀川水系15地点で採水調査を行い(1地点2L)、濃縮・抽出によって得られた環境DNA試料をリアルタイムPCRによって分析し、各対象種について在不在の判定を行った。(4) 同時に複数種の在不在を確認することを目的として、マルチプレックスPCRによる検出が可能かどうか試行した。

3. 成果

既にこれまでの研究で作成していたコイ、オオクチバスを加えた計6種のプライマー・プローブセットを用いてDNA試料からのDNA増幅を行って塩基配列を調べたところ、どのセットも種特異的な増幅を行う能力があることが確認された。これらを用いたリアルタイムPCRによって、河口から36kmの地点にまでスズキとボラが遡上していることを明らかにした。この結果は最下流の淀川大堰に設けられた魚道が機能していることを示している。また、ヌートリアは容易に通過できるルートが無く堤体が高い天ヶ瀬ダムより上流側では確認されなかった。アユ、コイ、オオクチバスについてはいずれの季節も水系全体に広く分布しているとの結果になった。マルチプレックスPCRについては本研究内で成功させられなかったが、今後もPCRの条件検討を続けていく。

4. 今後の展望

「いない」を確かめるのは既存の手法と同様困難だが、その検出限界や拡散、消耗の詳細を検討すると同時に、「いないと言ってよい」という基準とコンセンサスを形成する必要がある。一方、環境DNA手法は「いる」ことを確認するという面では圧倒的に労力が少ない手法であり、広域的・長期的なモニタリングを必要とする各種事業の環境影響評価において今後有効に利用されることを期待している。