

環境 DNA を用いた石垣島宮良川の淡水魚類群集構造の評価

Environmental DNA-based assessment of freshwater fish community structures in the Miyara River, Ishigaki Island

○笠原 太一¹・福田 信二²・中山朝葉²・水口芽和²・浅田洋平²

○OKASAHARA Taichi, FUKUDA Shinji, NAKAYAMA Tomoyo, MIZUGUCHI Meiwa, ASADA Yohei

1. はじめに

琉球列島の河川には豊かな魚類相が形成されており（吉郷, 2014），これらの魚類を保全するうえで，継続的な魚類相のモニタリングが重要である。一方，離島の河川では移動時間や費用面などの課題から，従来の採捕手法による十分な調査が困難である。近年，環境DNA 定量メタバーコーディング手法の開発により，従来の採捕手法よりも簡便かつ効率的に水域に生息する生物相や DNA 濃度を網羅的に把握することが可能となった。石垣島宮良川には絶滅危惧種を含む多様な魚種が生息しているが（笠原ら, 2023），土地利用や流況の変化が見込まれるため，長期的かつ継続的な魚類相の調査が求められる。そこで本研究では，石垣島宮良川流域において環境DNA 定量メタバーコーディング法を用いて魚類群集の空間分布および多様性の評価結果について報告する。

2. 現地調査

宮良川は2つのダムと2つの頭首工を有する河川長約12 km の島内最大の河川である。本研究では，宮良川に河川人工構造物や物理環境特性を考慮した水域区分を設定し，各区間で環境DNA のための河川水を2024年5月，8月に採水した（図1）。その際，調査区間内の代表的な断面において，水温や塩分，流速，水深，植生の割合および河床材料（巨礫，大礫，中礫，小礫，砂泥およびコンクリート）の割合を測定した。

3. 解析方法

各採水地点における魚類の種組成とDNA濃度を推定するために環境DNA定量メタバーコーディング法を用いた。環境DNAにより検出された魚類を，生活史（純淡水魚，通し回遊魚，周縁性淡水魚）および遊泳形態（遊泳性，底生性）に基づいて6つのカテゴリーに分類し，分類群ごとの空間分布を推定した。また，非計量多次元尺度構成法（Nonmetric multidimensional scaling : NMDS）を用いて各調査地点における魚類群集構造の類似性を評価した。NMDSの距離尺度には環境DNAで検出された魚種の在不在データより算出したJaccard指標を用いた。なお，解析には統計ソフトR（R core team, 2024）のveganパッケージ（Oksanen, J. et al., 2025）を使用した。

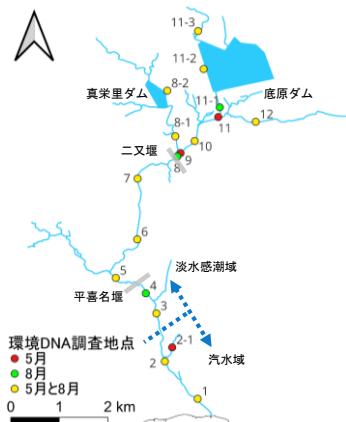


図1 調査地概要

Fig.1 Studying site in the Miyara

¹ 東京農工大学大学院連合農学研究科 United Graduate School of Agricultural Science, Tokyo University of Agriculture and Technology

² 東京農工大学大学院先進学際科学府 Graduate School of Advanced Interdisciplinary Science, Tokyo University of Agriculture and Technology

キーワード：環境DNA、生物多様性、環境保全

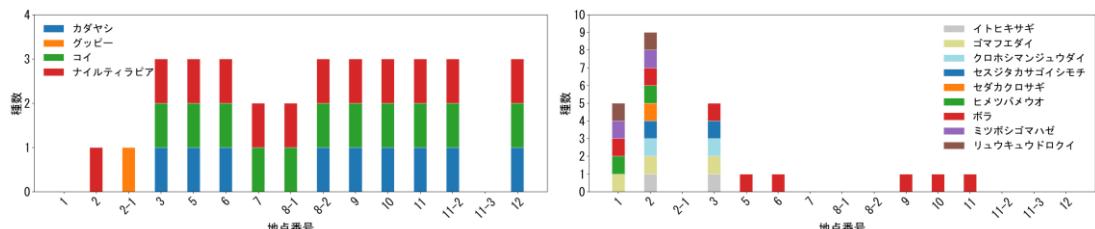


図2 5月調査における地点ごとの魚類群集構造（左：遊泳性の純淡水魚；右：遊泳性の周縁性淡水魚）
Fig.2 Site-specific fish community structure in the May survey (Left: Swimming genuine freshwater fishes; Right: Swimming peripheral freshwater fishes)

4. 結果と考察

環境DNAメタバーコーディングにより、5月と8月の調査全体で40種、純淡水魚5種、通し回遊魚15種、周縁性淡水魚20種確認された。両調査において確認された純淡水魚は、全て外来魚類であった。5月調査における各定点に出現した遊泳性の純淡水魚および遊泳性の周縁性淡水魚を図2に示す。純淡水魚のうちナイルティラピア、コイおよびカダヤシは淡水感潮域からダム湖にかけて広く分布していることが明らかとなった。また、周縁性淡水魚の5種は淡水域(st.3)と汽水域(st.2)の両地点で確認されているが、潮汐による流向や水位の変化によって環境DNAは拡散するため、これらの魚種の正確な分布域を推定するには、採捕調査との併用が必要である。一方、ボラは汽水域からダム下流域まで確認されており、宮良川流域に広く分布している可能性が示唆された。NMDSにより、5月調査における地点ごとの種組成の類似性を可視化した(図3)。汽水域、淡水感潮域の支流、ダム、ダム上流域は座標空間上で分離されており、水域ごとに異なる魚類群集構造が示された。一方、二又堰下流(st.5-7)とダム下流(st.9-12)は近接した位置にあり、両区間でオオウナギやオオクチユゴイなど5種が共通して確認されたことが、類似性の要因と考えられる。真栄里ダムと底原ダムの種組成は完全に一致しており、カダヤシ、ナイルティラピア、コイの外来魚類のみが確認された。

5. おわりに

本研究では、環境DNA定量メタバーコーディングにより石垣島宮良川に生息する魚類群集の空間分布を推定し、調査地点ごとの種組成の類似性について報告した。各魚類群集の空間分布より同一の生活史や遊泳形態に属する種であっても生息分布域が異なることが示され、NMDSからは水域間の種組成の類似性および相違性が明らかとなった。今後の課題として、環境DNAと従来の魚類採捕調査を併用することで、島嶼の河川における環境DNAの検出精度や適用可能性を検証していくことが挙げられる。

引用文献

- 吉郷ら (2014) 琉球列島陸水性魚類相および文献目録, *Fauna Ryukyuana*, 9, 1-153
- 笠原ら (2023) 石垣島宮良川流域の物理環境および魚類相の流程分布と河川横断構造物の影響, 土木学会論文集, 79(1), 1-7
- R Core Team (2024) R: A Language and Environment for Statistical Computing, R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria
- Oksanen, J. et al. (2025) vegan: Community Ecology Package, R package version 2.6-8, <https://doi.org/10.32614/CRAN.package.vegan>

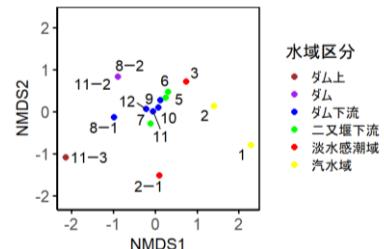


図3 NMDSによる空間構造の可視化
(数字は地点番号を示す)
Fig.3 Visualization of spatial structure using NMDS (Numerical labels represent survey site numbers)