

# 環境 DNA による全国湖沼の魚類モニタリング：

## 1L の採水によって 40 種を超える魚種を検出

### 概要

近年、国や地方自治体による広域的な湖沼魚類調査は、近年日本を含め、世界各国で減少しています。日本においても、従来の調査手法に変わる広域的な魚類モニタリングのための調査手法の開発が急務となっています。そこで、近年では水などの環境中から DNA を取り出して、生物の分布を把握する環境 DNA 手法が応用されつつあります。京都大学大学院情報学研究科 土居秀幸教授、京都大学フィールド科学教育研究センター 松岡俊将講師、国立環境研究所 松崎慎一郎室長、パシフィックコンサルタンツ（株）池田幸資、真木伸隆、渡部健、（株）PCER 山添寛治をはじめとする研究グループでは、環境 DNA 調査手法を用いて、全国の 18 湖沼における魚類多様性をどの程度把握できるかを検討しました。その結果、1 湖沼当たり 6 箇所の採水（合計 1L）によって、最大 40 種を超える魚種を捉えることができました。さらに魚の生息場所や隠れやすい体型などがそれぞれの種の環境 DNA の検出に影響を与えることがわかりました。このことから、環境 DNA 調査により湖沼における魚類生息調査を全国広範囲において簡便に行える可能性があり、またそれらの検出結果については、従来との調査結果との違いの検証が必要であることが明らかとなりました。

本成果は、2023 年 6 月 1 日に国際学術誌「*Freshwater Biology*」にオンライン掲載されました。



環境 DNA 調査を行なった湖と採水風景

### 1. 背景

現在、生物多様性の世界的な減少が叫ばれています。生物多様性の現状を理解することは、生態学的研究や保全生物学の基盤であり、喫緊の課題です。近年、淡水生態系(河川や湖沼)においても、淡水魚類をはじめとする多くの種類において、深刻な生物多様性の減少が確認されており、生態系機能や、淡水域での漁業などへの深刻な影響が懸念されています。

生物多様性の現状を理解するには、広域での生物調査が不可欠です。しかし、国や地方自治体による広域的な湖沼魚類調査は、近年各国で減少しています。日本においても、環境省の自然環境保全基礎調査が、全国各地の 480 以上の湖沼を対象に実施されていましたが、1993 年を最後に実施されていません。広域的な魚類モニタリングのための調査手法の開発は、国レベルでの生物多様性調査実施を通じて、その結果から保全政策の

立案に貢献することが期待されています。全国の湖沼調査において、環境 DNA メタバーコーディング (\*1) の広域モニタリングへの応用への期待は非常に大きいと考えられます。

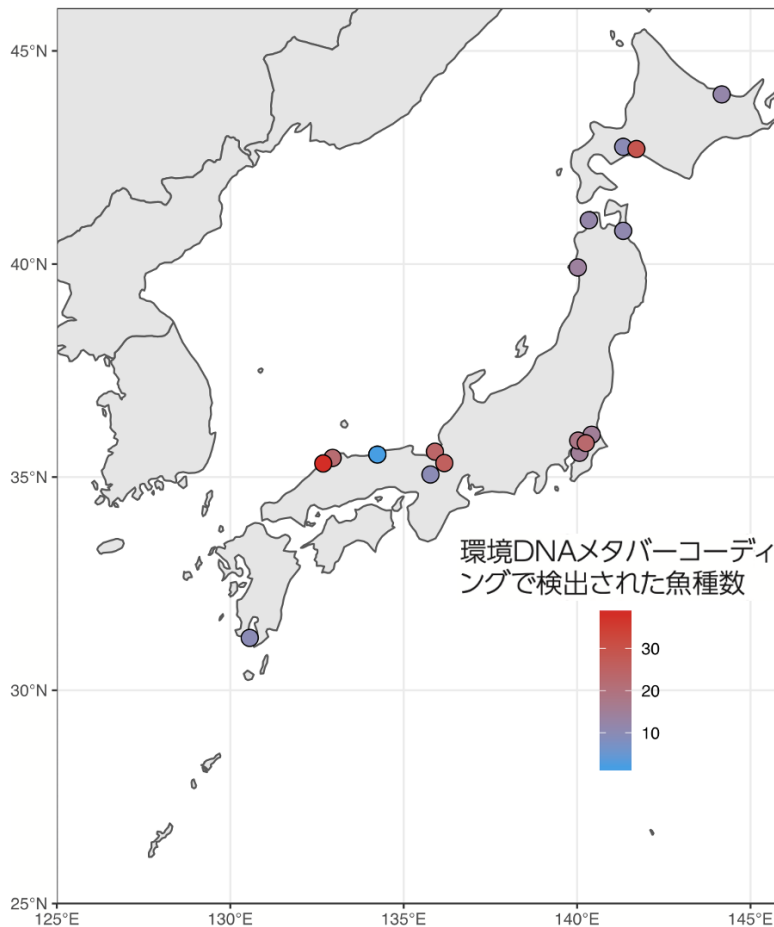
## 2. 研究手法・成果

本研究では、琵琶湖、霞ヶ浦、宍道湖をはじめとして、日本の 18 湖沼（下図）を調査対象としました。湖の大きさが環境 DNA メタバーコーディングの結果に与える影響を評価するために、湖の大きさにかかわらず、サンプリング地点数は 6 箇所として、各湖の岸辺にサンプリング地点間の間隔がほぼ等しくなるように設定しました。

採水した 1 L の水サンプルについて、魚類の環境 DNA を網羅的に増幅する MiFish プライマーを用いて環境 DNA メタバーコーディングを行い、魚類群集を明らかにしました。その結果について、これまでの湖沼での採捕記録と比較しました。

その結果、魚類の種数について、最大で 40 種が確認され、特に汽水湖である宍道湖や古代湖である琵琶湖などの湖沼での多様性が高く、また、北海道など緯度が高いところでは多様性が低い傾向が見られました。

さらに、魚の形質（体型、耐性、生息場所）のデータを FishBase (<https://www.fishbase.se/>) という全世界魚類の形質・生態情報を収集したデータベースから得て、それを環境 DNA での検出結果と比較しました。魚の生息場所や隠れやすい体型などによって、それぞれの種の環境 DNA の検出率が異なることがわかり、これらの形質が環境 DNA 調査に影響を与えることがわかりました。



## 3. 波及効果、今後の予定

すでに環境 DNA 調査は多く利用されてきていますが、湖沼などの淡水生態系での大規模な全国での調査は行われていませんでした。今後、生物多様性把握のための調査として、環境 DNA 手法を全国の湖沼調査に応

用することが可能です。今後はさらに、魚類以外の分類群（水生昆虫や水草など）にも着目した解析を行うことで、湖沼のすべての生物相を把握できるような手法を検討したいと考えています。

#### 4. 研究プロジェクトについて

独法) 環境再生保全機構 環境総合研究推進費 (4-1602)による委託研究で行われました。

##### <用語解説>

※1 環境 DNA メタバーコーディング : 環境 DNA を網羅的に増幅させるプライマーを用いた PCR 法により、対象とする生物群 (ここでは魚類) の DNA を増幅させる。その後、超並列シーケンサーを利用して、それらの DNA の塩基配列を解読し、データベースと照合することで、環境 DNA 中にどの魚の DNA が含まれているかを網羅的に明らかにすることができる。

##### <研究者のコメント>

全国的な湖沼の調査は、調査の停止などでその頻度が減少しているが、環境 DNA 手法を利用することで簡便にデータを取得できるようになり、継続調査も可能になると考えられます。その環境 DNA からのデータを活かして、今後のネイチャーポジティブなど生物多様性を保全する社会実現のためのモニタリングが継続されればと考えています。

##### <論文タイトルと著者>

タイトル Species traits and ecosystem characteristics affect species detection by eDNA metabarcoding in lake fish communities.

著者 Hideyuki Doi, Shunsuke Matsuoka, Shin-ichiro S. Matsuzaki, Mariko Nagano, Hirotooshi Sato, Hiroki Yamanaka, Saeko Matsushashi, Satoshi Yamamoto, Toshifumi Minamoto, Hitoshi Araki, Kousuke Ikeda, Atsuko Kato, Kouichi Kumei, Nobutaka Maki, Takashi Mitsuzuka, Teruhiko Takahara, Kimihito Toki, Natsuki Ueda, Takeshi Watanabe, Kanji Yamazoe, and Masaki Miya

掲載誌 *Freshwater Biology*

DOI <http://doi.org/10.1111/fwb.14107>