

## 環境DNAでひも解く由良川・加古川上流の魚類群集構造

足立翼・戸田颯太・藤田純太（京都府立福知山高校 自然科学部）

### はじめに

京都府北部を日本海に向けて流れる由良川は、約20万年前まで兵庫県の加古川と合流して瀬戸内海に流れていた。そのため、由良川は、瀬戸内海系と日本海系の淡水魚が上流と下流で棲み分けるユニークな河川として知られている。由良川水系全域の魚類相調査は、1970年代以降網羅的に行われていないため、魚類相の全貌についてはほとんど明らかになっていないのが現状である。そこで本研究では、由良川水系全域と隣接する河川を対象として、環境DNA解析により魚類多様性を解明することを目的とした。環境DNAは、水中などの環境中に残存する生物由来のDNAから生物相を推定する方法であり、従来のフィールド採集と比べて、広範囲かつ複数地点を短時間で調査が可能であるため、解像度の高い分析結果が期待される。

### 方法

本研究では、2023年～2025年の7月下旬の平水時に、由良川水系を網羅する22地点と、隣接する加古川上流3地点、桂川上流2地点で採水・ろ過を行い、魚類汎用PCRプライマー MiFish-U (Miya et al. 2015)を用いた環境DNAメタバーコーディング解析を行った。環境DNAの解析データをもとに、魚類ごとに分布特性を確認したのち、非計量多次元尺度構成法 (nMDS) により群集構造を調べた。また、全調査地点において、CTDを用いた水質測定、オートアナライザーによる栄養塩濃度の測定を別日で3回測定し、平均値を間接傾度分析に供した。

### 結果と考察

本研究の結果、調査地点全域で56 OTU (Operational taxonomic units)の魚類を検出することができた。nMDSにより魚類群集構造を調べたところ、概ね地理的にまとまった5つのグループを検出することができた。由良川の本流では、下流域と上流域に大きくグループが分かれ、そのうち下流域ではボラやスズキなどの河口域や下流を好む魚種が検出された。また、由良川本流の最上流の調査地点からは、オヤニラミやアジメドジョウといった瀬戸内海系の淡水魚が検出され、由良川と加古川の河川争奪の影響を反映する結果となった。オヤニラミは、かつて由良川中流～上流に広く分布していたが、本研究では上流の1地点のみで検出されたため、現在では由良川上流において小さな個体群として残存している可能性が示唆された。

本研究では、由良川本流を中心に、オオクチバスやブルーギル、カラドジョウといった外来生物が検出された。由良川の支流では、ほとんど外来生物が検出されなかったことから、支流には、外来生物の侵入を阻み、本来の生物多様性を維持する役割があると考えられる。

調査地点情報（標高・川幅・水深）、水質測定値（水温・濁度・密度・電気伝導度・クロロフィル蛍光度・溶存酸素量）、栄養塩濃度（ $\text{NO}_2\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3\text{-N}$ 、 $\text{PO}_4\text{-P}$ 、 $\text{SiO}_2\text{-Si}$ ）をもとにした間接傾度分析の結果、川幅（ $P < 0.01$ ）・水深（ $P < 0.001$ ）・ $\text{NO}_3\text{-N}$ （ $P < 0.05$ ）で統計的有意性が示され、由良川水系の魚類群集構造は川幅・水深・ $\text{NO}_3\text{-N}$ で説明できることが明らかとなった。