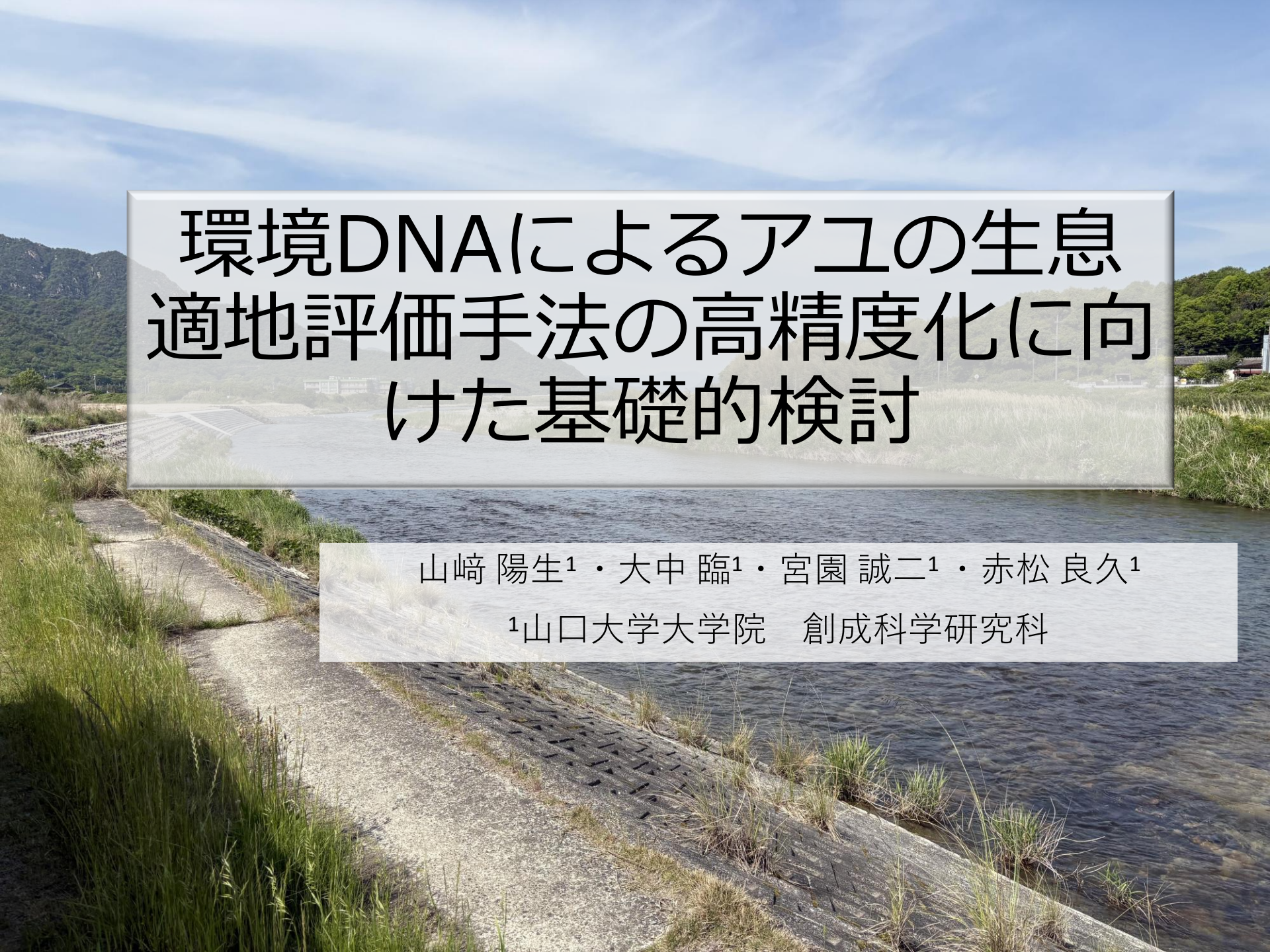




環境DNAによるアユの生息 適地評価手法の高精度化に向 けた基礎的検討

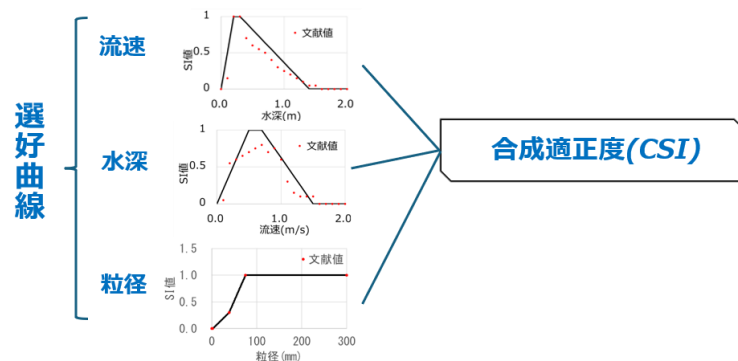
山崎 陽生¹・大中 臨¹・宮園 誠二¹・赤松 良久¹

¹山口大学大学院 創成科学研究科

気候変動による水災害の激甚化・頻発化を背景に、生物種の生息環境の保全がこれまで以上に重要視

従来の魚類生息場評価手法 (PHABSIM)

- 物理環境（水深・流速・河床材料の粒径など）に対する魚類の**選好性** (SI) に基づき評価
- 重要種である**アユ**を対象に多く適用され、**一定の有効性**が示されている



アユを対象とした従来手法の課題

- アユの分布と水深・流速との間に**有意な関係が確認されない**事例が報告¹⁾²⁾
- 局所的な地形変動に対する評価であり、その他の**環境要因**や河川の縦断方向におけるアユの**分布傾向**を十分に反映できない



1) 鬼束ら, アユの産卵および生息に適した水理環境に関する検討, 2005年.

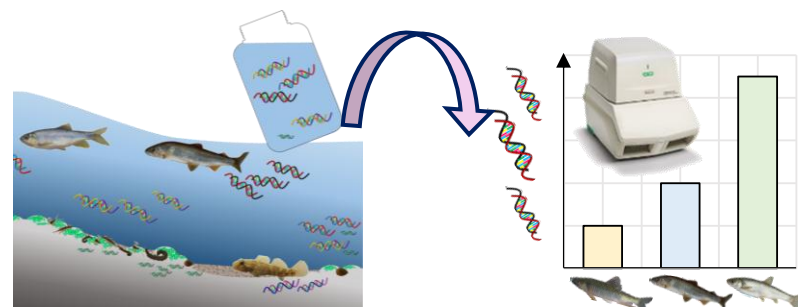
2) 乾ら, 江の川における環境DNA分析を用いたアユの定量化と生物量に影響を与える環境要因の検討, 2017年.

従来手法の検証や新たなモデルの構築には、
多くのデータが必要
しかし、従来の方法では多大な調査コストがかかる



環境DNA分析の導入

- ・ 採水によって試料中のDNAを解析し、
アユの相対的な生物量を効率的に把握する
- ・ 現地調査の負担が軽減



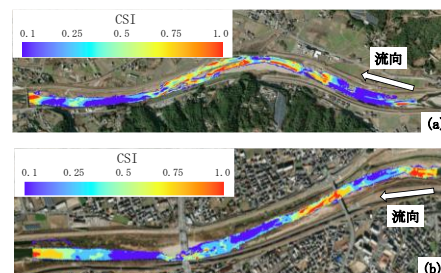
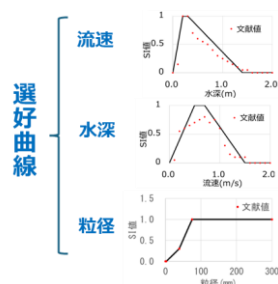
研究目標：

1. 相対的な生物量が把握可能な環境DNA分析によってPHABSIMの精度検証
2. 環境DNAと環境要因を一般化線形モデルによりモデル化し、より高精度な生息場評価手法の構築を検討

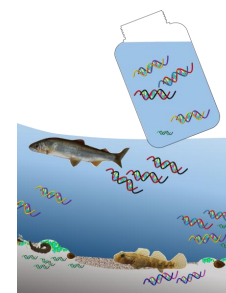
Step 1：河川における環境DNA採水調査



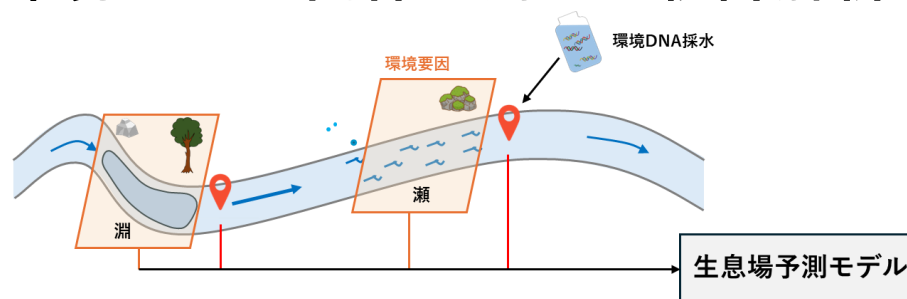
Step 2：環境DNA分析結果を用いてPHABSIMの精度検証



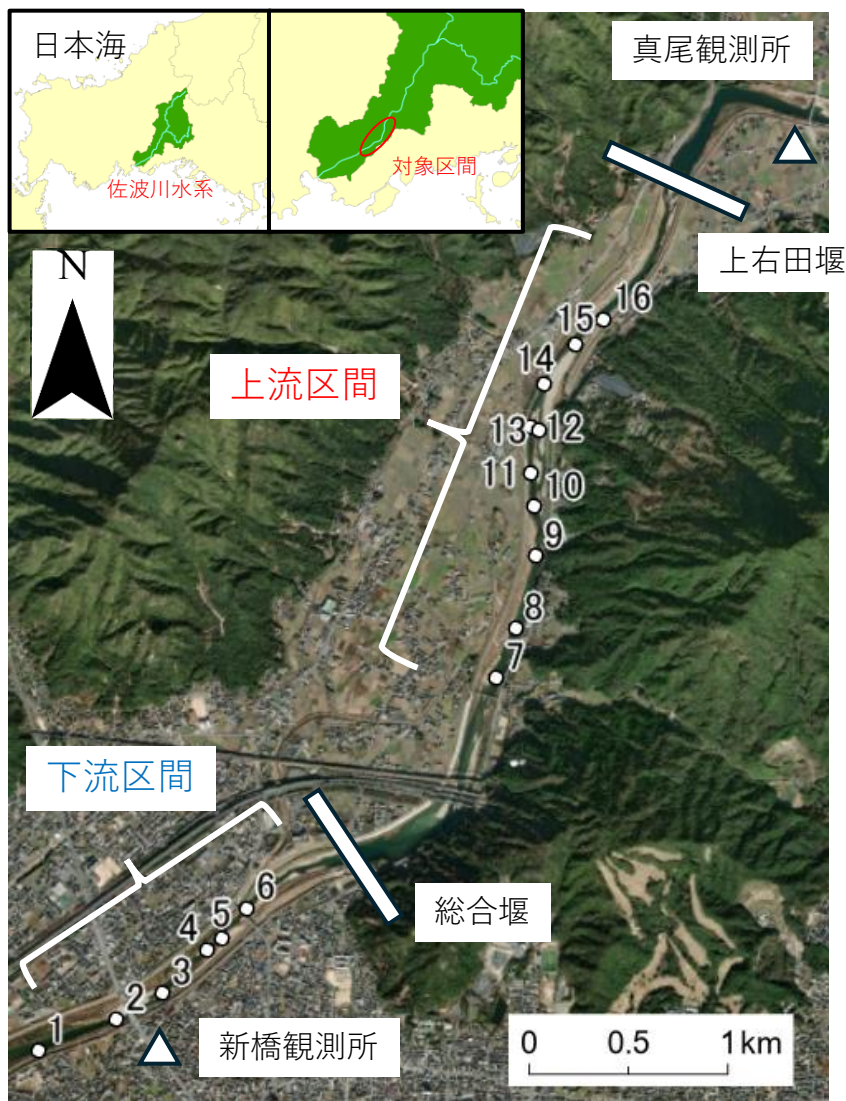
相関分析



Step 3：環境要因と環境DNAの関係を用いた統計解析により生息場推定モデルを構築



Step 4：両モデルの比較



対象区間と採水地点

採水調査の概要

区間：山口県一級河川**佐波川** 新橋観測所～真尾観測所
(河口から7km程度)

調査日：2025/7/24 (**アユ**の河川生活期)

採水方法：

瀬淵の下流端を基準に流心上で採水
表層1Lをボトルで直接採水

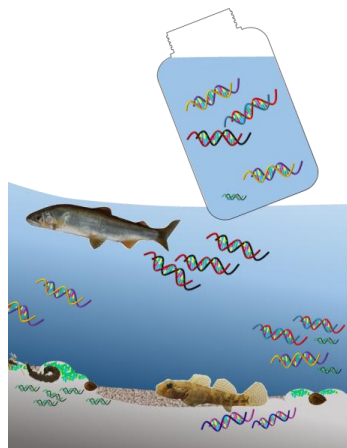
上流区間10地点
下流区間6地点

計16地点

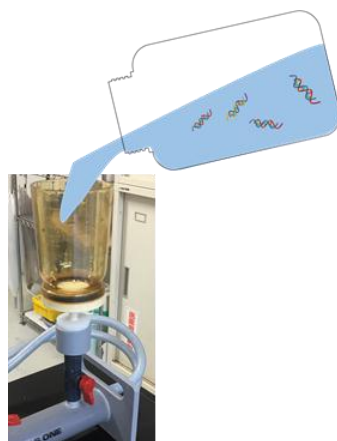


環境DNA分析の流れ

①採水

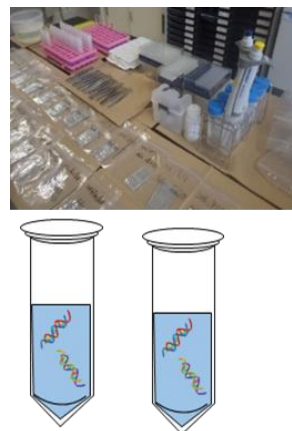


②濾過



サンプルのろ過

③DNA抽出



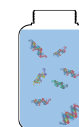
ろ紙からDNAを抽出

④DNA検出



Real-Time PCR法
DNAを増幅して
定量化

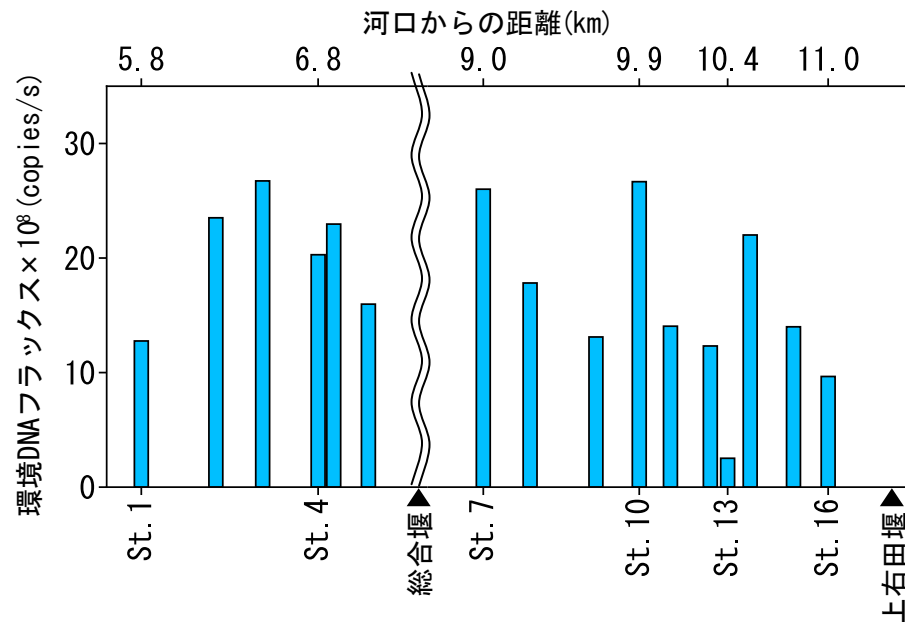
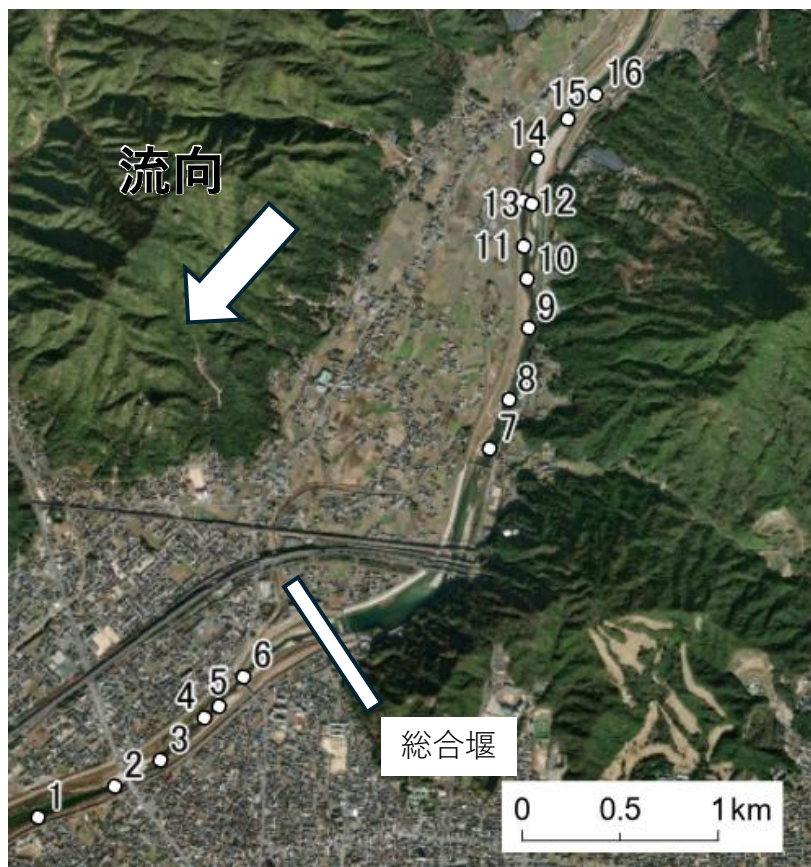
採水したサンプルの**DNA濃度**(copies/L)を定量



アユの生物量の指標

採水地点のDNA通過量である**環境DNAフラックス**(copies/s)を算出

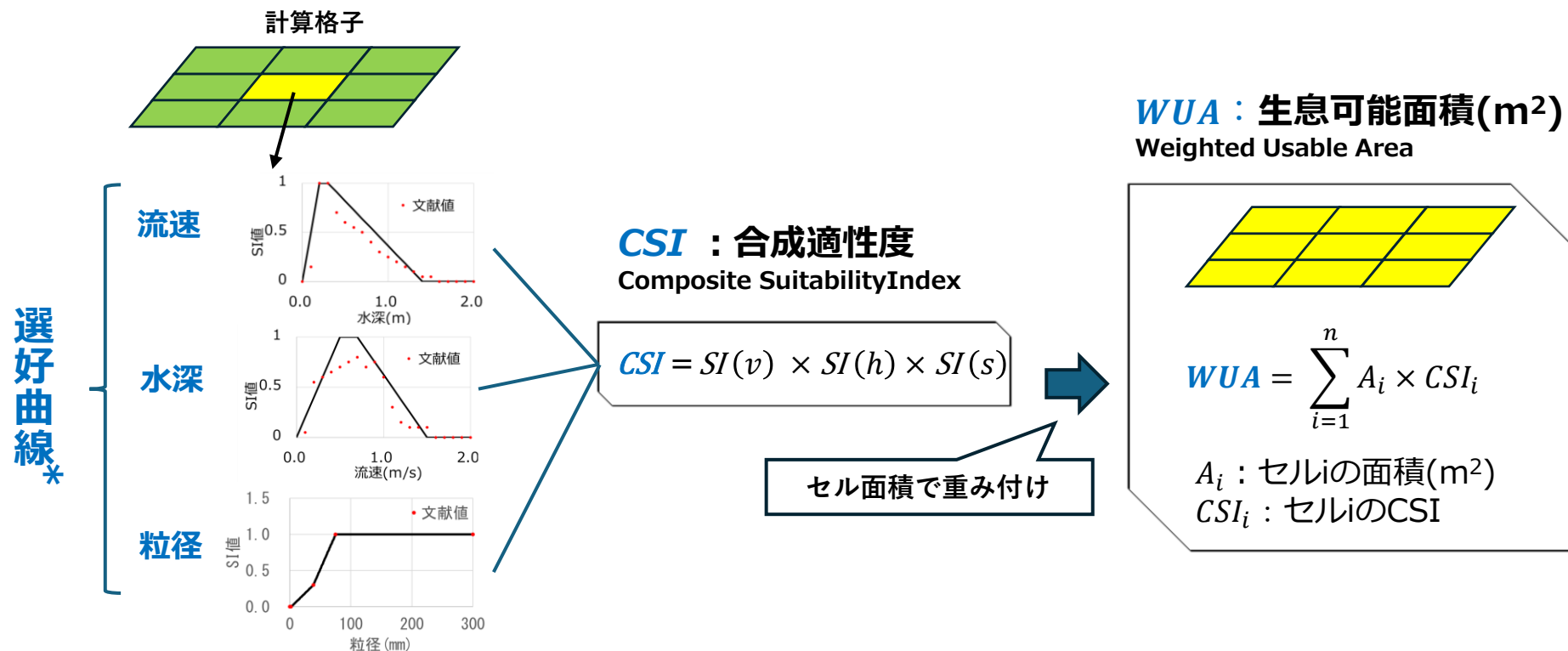
環境DNAフラックス :	環境DNA濃度	×	流量
(copies/s)	(copies/10 ³ L)		(m ³ /s)



地点ごとの環境DNAフラックス

- ◆ 総合堰が存在するものの、上下流でフラックスの最大値は同程度
- ◆ 下流から上流にかけ、アユの生物量が減少傾向

PHABSIM(Physical Habitat Simulation System)



- 対象領域に複数の計算格子を設定し、各セルにおける物理指標(水深・流速・粒径等)を算出
- 生物の選好曲線(SI)から、各セルのSIの積である合成適性度(CSI)を算出。
- セル面積で重み付けし、一定範囲の生息可能面積(WUA)を算出。

*河村三郎, 魚類生息環境の水理学, リバーフロント整備センター, 2003年.

*石川ら, 河川における魚類生息環境評価(IFIM 適用)のための基礎調査, 1996年

流況計算

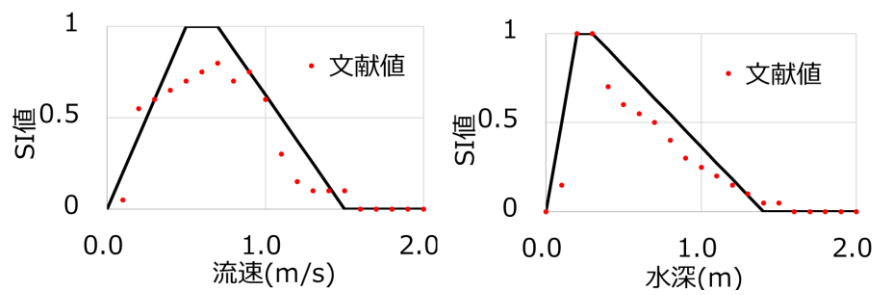
iRICのNays2DFloodソルバーを使用し、
流速・水深の空間分布を算出

	上流区間	下流区間
上流端流量	6.33m ³ /s	4.40m ³ /s
メッシュサイズ	約2m×2m	
粗度係数	0.035	0.03
地形	2024年レーザ測量成果	
移流項の差分法	風上差分法	

・粗度係数は既往研究¹⁾を参考

PHABSIMに用いるSI

河川生活期のアユの分布に対し、支配的な要因
と考えられる**水深・流速**を対象
既往文献^{2,3)}から選好曲線を作成



流速・水深に対する選好値

$$CSI = SI(v) \times SI(h)$$

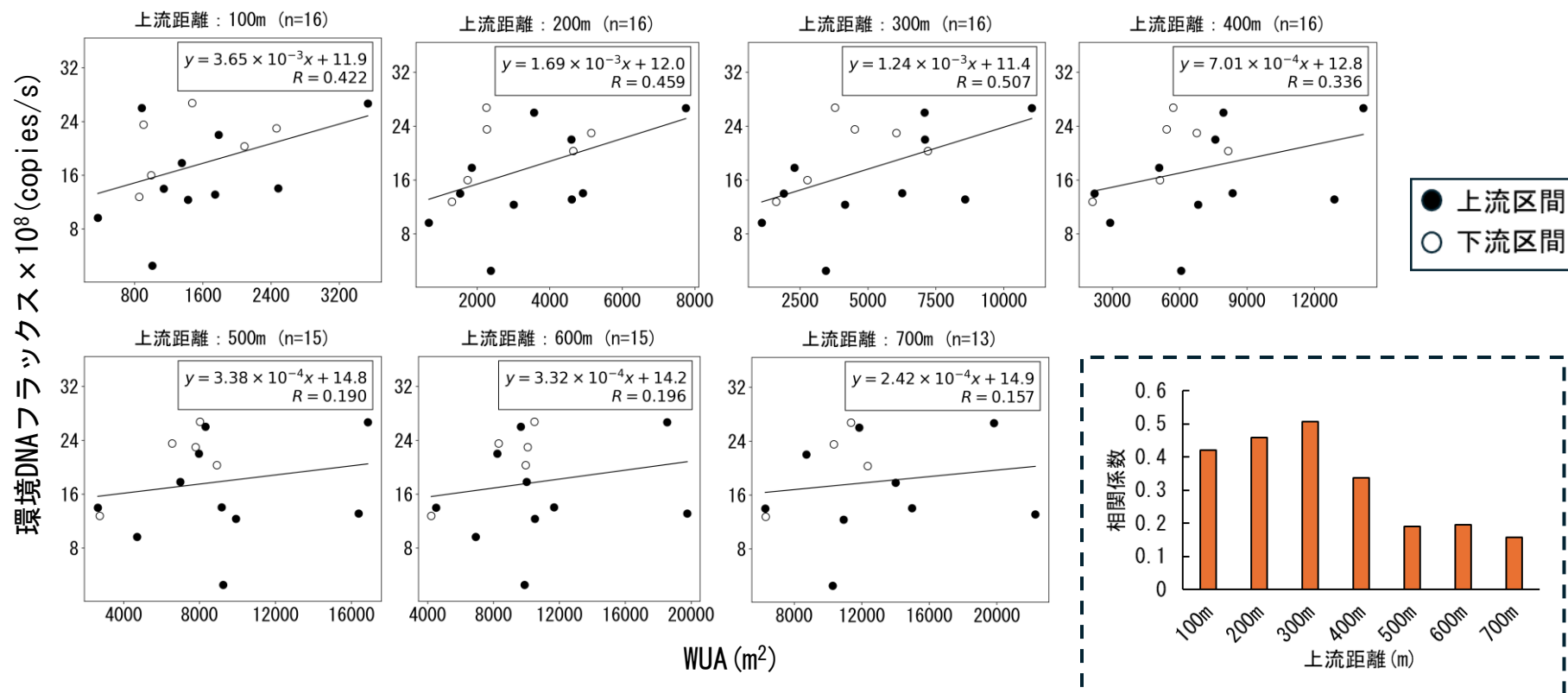
1) 高橋ら 2014年 佐波川における堰の統廃合後の河床変動についての検討
2) 河村三郎, 魚類生息環境の水理学, リバーフロント整備センター, 2003年.
3) 石川ら, 河川における魚類生息環境評価(IFIM 適用)のための基礎調査, 1996年

環境DNAによるPHABSIMの検証

$$WUA = \sum_{i=1}^n A_i \times CSI_i$$

A_i : セルiの面積(m²)
 CSI_i : セルiのCSI

➤ 環境DNAの影響範囲を考慮し、採水地点上流**100m~700m***の生息可能面積**WUA**(m²)と環境DNAフラックスを比較

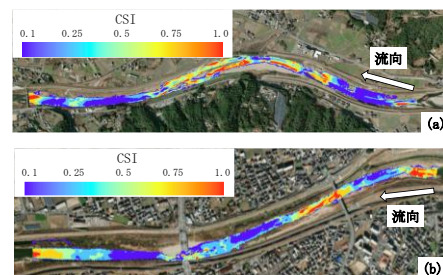
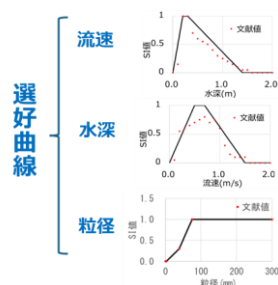


- 相関係数は上流距離**300m**で最大であり、**中程度の相関**が得られた
- ⇒ 従来手法でもある程度の生息場の予測・評価は可能であることを確認
- ⇒ **上流300m**までのアユの生物量をよく反映していた可能性

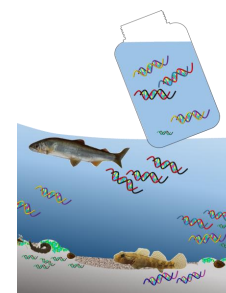
Step 1 : 河川における環境DNA採水調査



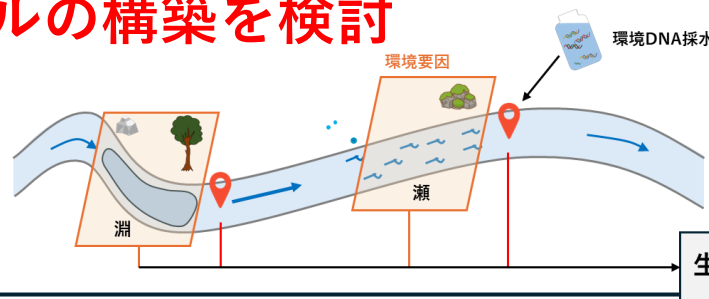
Step 2 : 環境DNA分析結果を用いてPHABSIMの精度検証



相関分析



Step 3 : 環境要因と環境DNAの関係を用いた統計解析により高精度な生息場推定モデルの構築を検討



Step 4 : 両モデルの比較

一般化線形モデル(*generalized linear model; GLM*)を用いてモデル化

- ・ 応答変数と複数の説明変数の関係を、リンク関数を介して線形式で表す統計モデル

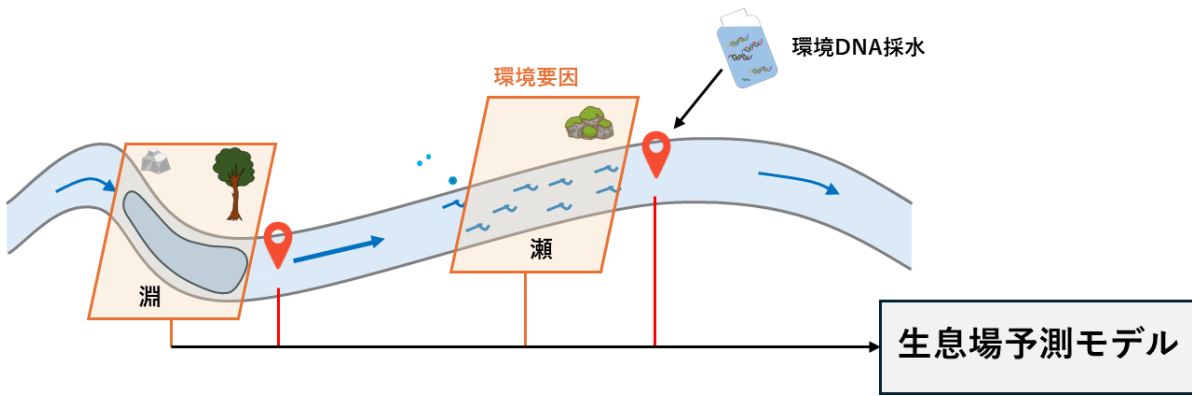
$$g(Y) = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \cdots + \beta_i X_i$$

- ・ 応答変数に**環境DNAフラックス**，説明変数に**環境要因**を指定

Y : 応答変数
 X_i : 説明変数
 β_i : 偏回帰係数
 $g()$: リンク関数

確率分布 : 正規分布
リンク関数 : 恒等リンク

環境DNAフラックスと採水地点上流の環境要因を算出

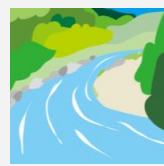


環境要因

瀬割合
瀬+トロ割合
河床勾配
水域面積

採水地点上流
一定距離で算出

河口からの距離



* VIF<10を確認



瀬, トロの割合

流況計算結果から $Fr < 0.05$ を淵, $0.15 < Fr$ を瀬として分類*

河床勾配

採水地点上流10mごとの河床高を最小二乗法により近似

水域面積

2024年のALB空撮データを参考に水域を抽出し算出

採水地点上流
一定距離で算出

河口からの距離

採水地点から河口までの, 流心上の距離を計測

Step2で最も相関係数の高かった採水地点上流300mで検討

上位5モデルにおける編回帰係数(β_i)

$g(Y) = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \dots + \beta_i X_i$

	AICc	瀬割合	瀬+トロ割合	河床勾配	水域面積(m ²)	河口からの距離(m)	切片
1	103.32		29.08		1.60×10^{-3}	-1.67×10^{-3}	-12.82
2	105.83	-16.47	60.76		1.43×10^{-3}		-46.12
3	106.39				1.65×10^{-3}	-1.44×10^{-3}	9.73
4	106.60		36.31	-846.14	1.63×10^{-3}	-1.58×10^{-3}	-18.60
5	106.73	-9.20	48.21		1.48×10^{-3}	-1.27×10^{-3}	-27.77
選択回数		2	4	1	5	4	

AICc：データへの適合度とモデルのシンプルさのバランス

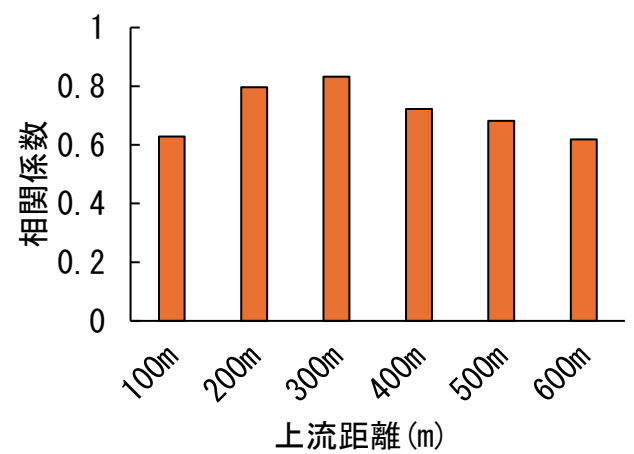
AICcが低い上位5モデルの選択変数に対する考察

- 瀬+トロ割合が正の寄与
(瀬, トロにアユが多く生息¹⁾)
 - 水域面積が正に寄与
(水域面積が大きいほど, アユの収容力が高い瀬やトロの面積が大きい傾向²⁾)
 - 河口からの距離が負の寄与
(アユは十分な摂餌条件が整えば, 移動にかかるコストを最小限に抑えようとする³⁾)
- ⇒適切な変数を選択している

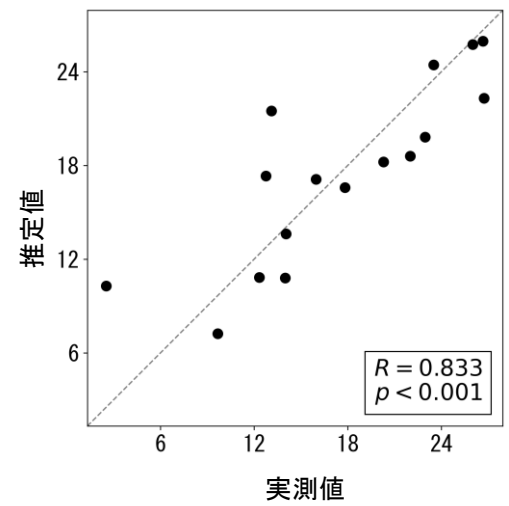
1) 鬼束ら アユの産卵および生息に適した水理環境に関する検討, 2005年
2) 高橋ら, 高津川におけるアユの適正収容量の推定, 2009年.
3) 高橋ら, 遡上行動を阻害する構造物が無い北海道朱太川における天然アユの流程分布, 2022年

上流距離ごとのAIC c 最小モデル

	瀬割合	瀬＋トロ割合	河床勾配	水域面積(m ²)	河口からの距離(m)	堰までの距離(m)	切片
100m			925.08	4.60×10^{-3}			-3.15
200m		39.97		2.38×10^{-3}	-1.78×10^{-3}		-21.35
300m		29.08		1.60×10^{-3}	-1.67×10^{-3}		-12.82
400m				1.36×10^{-3}	-1.68×10^{-3}		9.54
500m				1.07×10^{-3}	-2.00×10^{-3}		13.18
600m				7.73×10^{-3}	-2.01×10^{-3}		16.21



上流距離ごとの相関係数

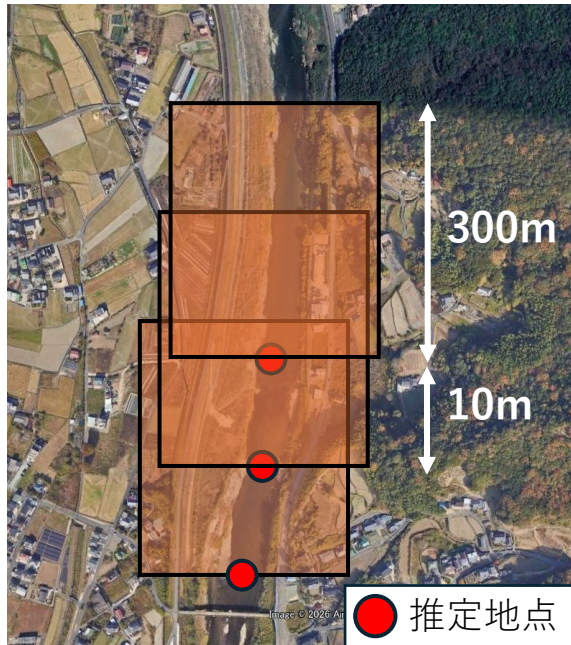


上流300mのGLM結果

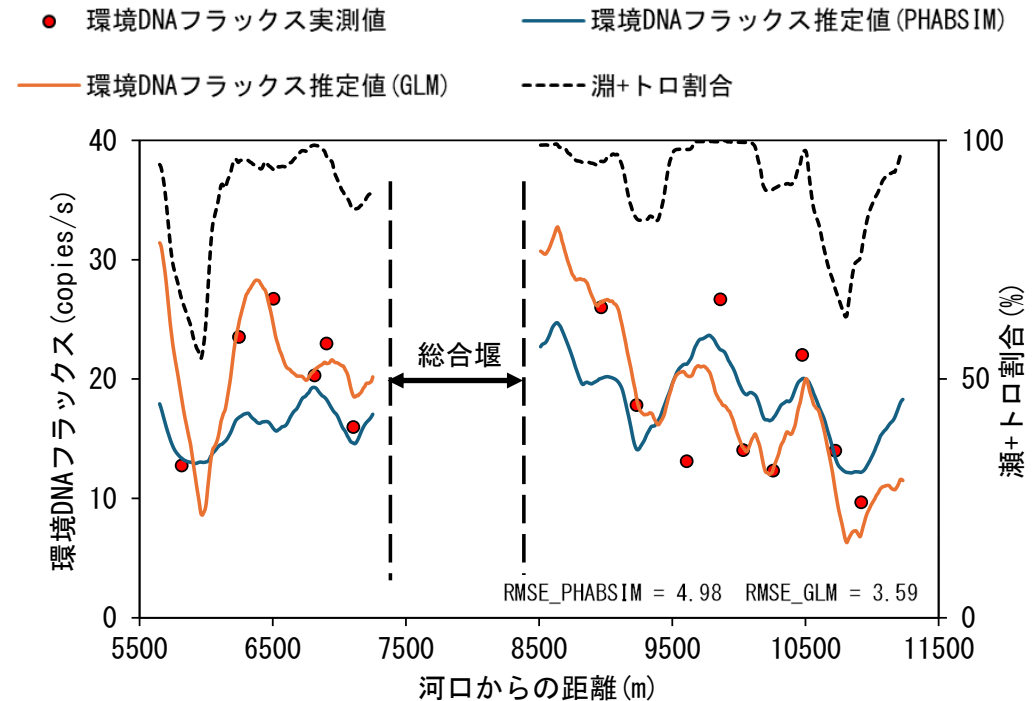
- 上流300mで最も相関係数が高い傾向
⇒ 本調査時の流況下では、上流300m程度の生物量をよく反映していた可能性
- 上流300mで実測値と推定値の間に強い相関が得られた(PHABSIM : R = 0.507)

両モデルで評価区間を統一して比較

→それぞれ評価区間（300 m）を10 mごとに段階的に設定し、推定値の縦断分布を算出



縦断分布の算出イメージ



両モデルの推定値の縦断分布と実測値

- 両モデルでアユの生物量の増減をとらえている
- 特にGLMは、推定値の変動が大きく、実測値に対する当てはまりが良い
=>GLMが生物量の推定において有効に機能している

目的

1. 相対的な生物量が把握可能な環境DNA分析によってPHABSIMの精度検証
2. 環境DNAと環境要因を一般化線形モデルによりモデル化し、より高精度な生息場評価手法の構築を検討

結論

1. PHABSIMによってアユの生物量を中程度の精度で推定可能
2. 採水地点上流の環境要因を用いたGLMにより、より高精度にアユの分布推定が可能であることを確認
3. 局所スケールの物理場だけでなく、リーチスケール（数百メートル）における面的な環境要因が、アユの分布推定に重要であることが示唆

展望

- ◆ アユの餌環境(底質, 藻類)を踏まえた解析を検討