

1. はじめに

・生物における分布情報の重要性

生物多様性の基盤となる生物の分布情報は、過去から現在までの生態系の変化や回復過程、健全性の評価において重要となる。日本において、国土交通省の「河川水辺の国勢調査」や環境省の「自然環境保全基礎調査」により、陸域、水域における生物多様性情報が収集・蓄積されている。

・河川生態系における水生昆虫類

河川環境の変化や人為的な影響に敏感であり、河川生態系の健全度を評価するための指標となる分類群のひとつとなる。水質の指標としてカゲロウ目、カワゲラ目、トビケラ目の種数を用いたEPT種数での評価や、Simpson等の多様度指数を用いた多様性評価が報告されている。一方で、多大な調査努力量が必要であること、形態学的な種同定における高い専門性が必要であることから、広域の多様性を収集することが困難である。近年、水生昆虫類を対象とした環境DNAの網羅的検出系が開発され、その有効性が示されている。

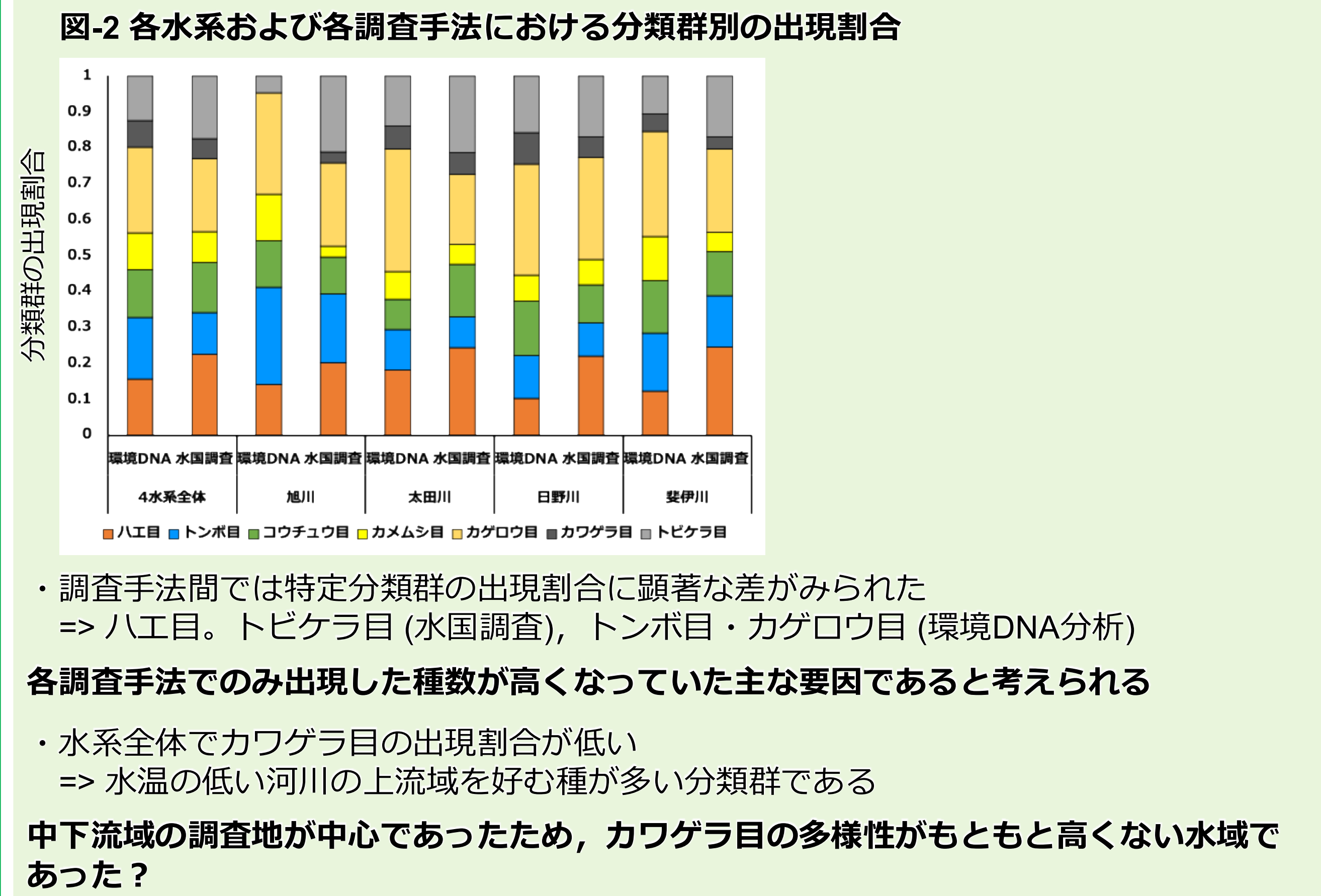
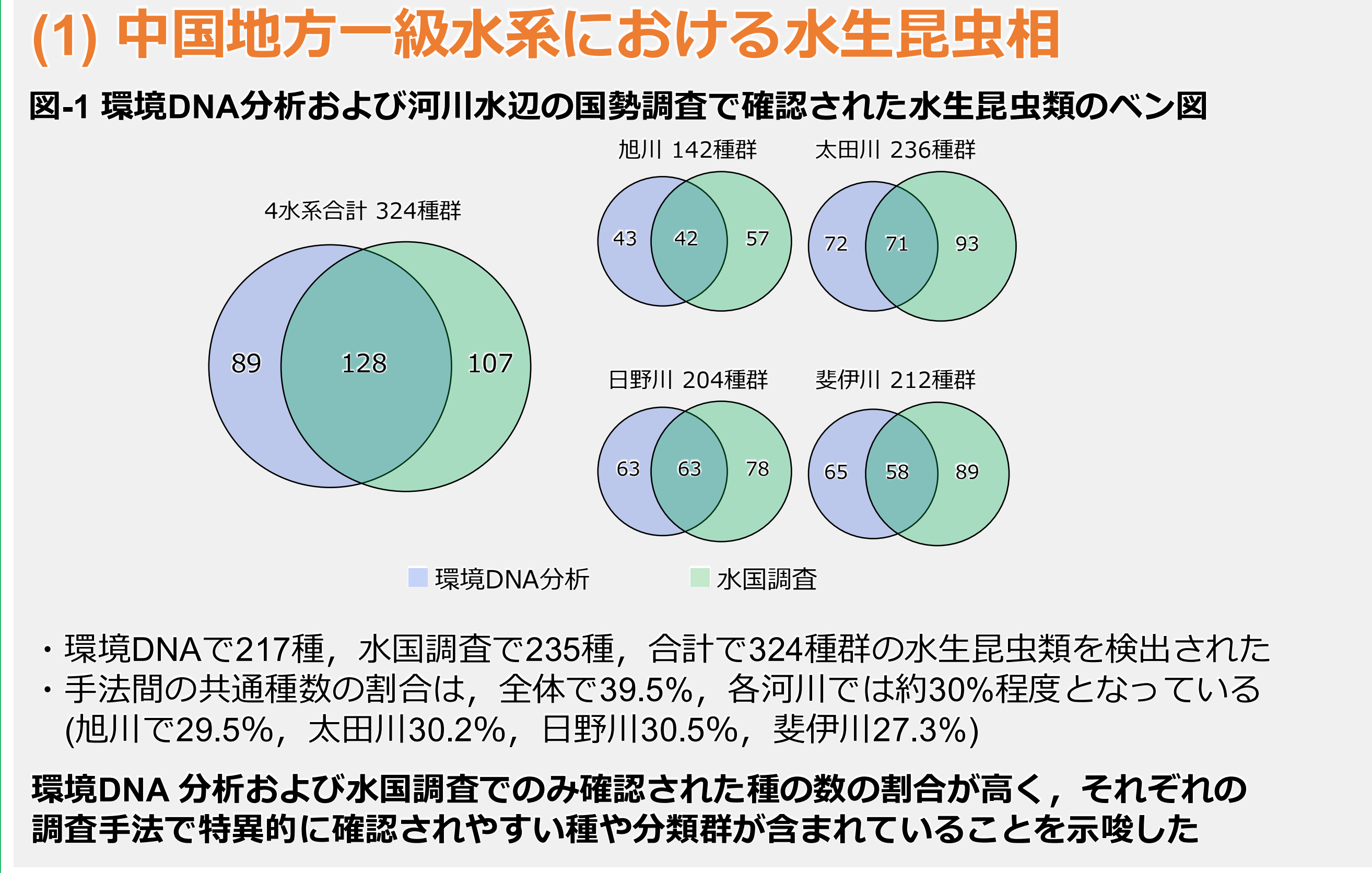
本研究の目的

水生昆虫類を環境DNA調査の報告例は限られ、採捕調査との比較等の野外適用にむけた知見は不足

水生昆虫類の多様性評価における環境DNA 分析の基礎的検討

中国地方一級河川4水系を対象とした水生昆虫類の環境DNA 分析および河川水辺の国勢調査との比較

3. 結果・考察



(2) 環境DNA分析と水国調査の水生昆虫相比較

表-1 各水系における分類群ごとの種数と種のカバー率 *カッコ内は種のカバー率

分類群	4水系合計			旭川			太田川			日野川			斐伊川		
	環境DNA	水国調査	共通種数	環境DNA	水国調査	共通種数	環境DNA	水国調査	共通種数	環境DNA	水国調査	共通種数	環境DNA	水国調査	共通種数
ハエ目	34 (0.471)	53 (0.690)	7	12 (0.469)	20 (0.719)	3	26 (0.440)	40 (0.652)	3	13 (0.318)	31 (0.727)	1	15 (0.314)	36 (0.725)	1
トンボ目	37 (0.906)	27 (0.750)	21	23 (0.857)	19 (0.762)	13	16 (0.867)	14 (0.800)	10	15 (0.786)	13 (0.714)	7	20 (0.756)	21 (0.780)	11
コウチュウ目	29 (0.839)	33 (0.903)	23	11 (0.762)	10 (0.714)	5	12 (0.583)	24 (0.917)	9	19 (0.794)	15 (0.676)	8	18 (0.750)	18 (0.750)	9
カメシ目	22 (0.857)	20 (0.810)	14	11 (0.929)	3 (0.357)	2	11 (0.700)	9 (0.600)	3	9 (0.684)	10 (0.737)	4	15 (0.870)	8 (0.565)	5
カゲロウ目	52 (0.920)	48 (0.880)	40	24 (0.851)	23 (0.830)	16	49 (0.938)	32 (0.728)	27	39 (0.861)	40 (0.873)	29	36 (0.829)	34 (0.800)	22
カワゲラ目	16 (0.759)	13 (0.655)	6	0 (0.000)	3 (1.000)	0	9 (0.684)	10 (0.737)	4	11 (0.789)	8 (0.632)	4	6 (0.727)	5 (0.636)	2
トビケラ目	27 (0.647)	41 (0.853)	17	4 (0.280)	21 (0.960)	3	20 (0.636)	35 (0.909)	15	20 (0.682)	24 (0.773)	10	13 (0.553)	25 (0.868)	8
確認種数	217	235	128	85	99	42	143	164	71	126	141	63	123	147	58
EPT指数 (%)	70.9	76.1		50.0	83.9		71.6	70.6		70.7	72.7		63.2	73.6	

・カゲロウ目・トンボ目・コウチュウ目の共通種数が多く、種のカバー率も高くなっていた (■)
=> 特にカゲロウ目は、環境DNA分析の検出種数および水国調査の共通種数も非常に多い (水系単位でも、すべての水系で同様の傾向が示された)

これらの分類群は環境DNA分析を適用することで効率的なモニタリングが可能であると考えられる

・ハエ目・トビケラ目の種のカバー率は低く、手法間の共通種数も非常に低くなった (■)
=> 環境DNA分析と水国調査間で種組成が大きく異なることが考えられる
=> ハエ目では、科・属レベルの種同定にとどまるものが非常に多くなっていた

科レベルでの詳細な比較によって、種組成に違いがみられる要因を探索する (表-2, 表-3)

・EPT指数では、旭川・斐伊川では手法間で差がみられたが、太田川・日野川では同程度であった
=> 3分類群の合計であるため、各分類群でみられた差とは異なる傾向を示す

環境DNA分析の結果を用いてEPT指数を用いる際は、各分類群の検出特性を把握する必要がある
各手法 (および2手法合計)の確認種数であるEPT種数を用いるのも有効かもしれない

表-2 ハエ目における科別の種のカバー率

分類群	4水系合計		旭川		太田川		日野川		斐伊川	
	環境DNA	水国調査	環境DNA	水国調査	環境DNA	水国調査	環境DNA	水国調査	環境DNA	水国調査
カ科	1.000	0.143	1.000	0.000	1.000	0.000	1.000	0.000	1.000	0.333
ユスリカ科	0.176	0.863	0.150	0.900	0.154	0.872	0.067	0.933	0.108	0.892
アミカ科	1.000	1.000	-	-	1.000	1.000	1.000	0.000	-	-
ホソカ科	1.000	0.000	1.000	0.000	0.000	1.000	1.000	0.000	-	-
ガガンボ科	0.778	0.444	1.000	0.400	0.714	0.286	0.714	0.286	0.667	0.333
ヒメガガンボ科	0.889	0.222	1.000	0.000	0.875	0.250	1.000	0.500	1.000	0.000

・ハエ目ではユスリカ科を中心に種のカバー率が両調査間で大きく異なっていた (■)
=> ユスリカ科は砂泥底や水中埋没木等の底生環境を好む
=> 各分類群での種同定の精度の低さ (科・属レベルまでの推定)も影響

河川水中に環境DNAが放出されづらく、結果的に環境DNA分析の種数が減少した？
さらに、多くの種が科属レベルでの同定になってしまっていることから、ハエ目全体におけるDNAデータベースの不足、種判別精度の低さも課題と考えられる

表-3 トビケラ目における科別の種のカバー率

分類群	4水系合計		旭川		太田川		日野川		斐伊川	
	環境DNA	水国調査	環境DNA	水国調査	環境DNA	水国調査	環境DNA	水国調査	環境DNA	水国調査
カウトビケラ科	1.000	0.333	-	-	0.500	0.500	1.000	0.500	-	-
クダビケラ科	0.500	0.750	0.000	1.000	0.667	0.333	0.500	0.500	1.000	0.000
シマトビケラ科	0.818	1.000	0.444	0.889	0.800	1.000	0.750	1.000	0.750	0.875
ナグレトビケラ科	0.750	1.000	0.000	1.000	1.000	1.000	0.333	0.750	0.750	0.750
ヤマトビケラ科	0.800	0.600	-	1.000	1.000	1.000	0.250	0.667	0.667	0.667
イトビケラ科	1.000	1.000	0.000	1.000	1.000	0.000	-	1.000	0.000	0.000
カクツツトビケラ科	0.500	0.500	-	0.000	1.000	0.500	0.500	0.000	1.000	1.000
ニンギョウトビケラ科	0.333	1.000	0.000	1.000	0.333	1.000	0.000	1.000	0.000	1.000
ヒゲナガカウトビケラ科	0.500	1.000	0.000	1.000	0.500	1.000	0.500	1.000	0.000	1.000
ヒゲナガトビケラ科	0.143	1.000	0.000	1.000	0.000	1.000	0.200	0.800	0.000	1.000
カクスイトビケラ科	0.000	1.000	-	0.000	1.000	-	-	-	-	-
ムネカウトビケラ科	0.000	1.000	-	-	-	0.000	1.000	0.000	1.000	1.000
アシエダトビケラ科	0.000	1.000	0.000	1.000	0.000	1.000	-	-	0.000	1.000
ホソバトビケラ科	0.000	1.000	-	-	-	-	-	-	0.000	1.000
キタガミトビケラ科	0.000	1.000	-	0.000	1.000	-	-	-	-	-
ケトビケラ科	0.000	1.000	-	0.000	1.000	0.000	1.000	0.000	1.000	1.000
ヒメトビケラ科	0.500	1.000	0.000	1.000	0.500	0.500	0.000	1.000	0.000	1.000

・トビケラ目では造網性の種の検出率が環境DNA分析で高く、簡巢性の種の検出率は低下した
簡巢の形成の有無が河川水中へのDNA放出に影響を与えている可能性がある
その他の生態学的・環境要因 (羽化時期、対象種の生物量、流量、環境区分)等も影響している？

本研究のまとめ

・本研究では、環境DNA分析で7目217種群、水国調査では235 種群が確認され、共通種数は128 種であった。それぞれの調査でのみ確認された種が非常に多く、両手法を組み合わせることで水生昆虫類の多様性をより網羅的に把握できることが示唆された。これにより、**水生昆虫類のモニタリングにおける環境DNA分析の有効性を示した**一方で、以下のような課題もみられた。

・種のカバー率から、**環境DNA分析が得意な分類群 (カゲロウ目等)や苦手な分類群 (ハエ目等)が明らかになり**、EPT指数の算出にも影響を与えることから、環境DNA データを用いた河川の健全度評価において注意を要する点になると考えられる。

・本研究では手法間の調査年の違い (環境DNA2025年、水国調査2020年)から、各水系において環境区分を対象とした水生昆虫相の厳密な比較はできなかった。そのため、**環境区分ごとの比較により、環境DNA 分析の適用しやすい環境区分を明らかにすることが今後の課題となる**。

・環境DNA 分析で検出しづらい分類群については、現地調査における採水方法の改善、DNA データベースの拡充、各サンプルに割り当てられるシーケンスリード数の増加等、調査・分析手法の検討が今後の課題のひとつになると考えられる。

本研究を実施するにあたり、国土交通省中国地方整備局の妹尾教史様、松島弘幸様、岩井優弥様、河村良平様には各対象河川 (旭川、太田川、日野川、斐伊川)における環境DNA 調査のご許可を頂いた。ここに感謝の意を表したい。