

保護上重要な野生生物種の保護策強化に向けた調査研究

西田一也・堀内勇寿・石井裕一

【要 約】都内水域において環境 DNA 調査と採集調査を実施し、保護上重要な種の生息・生育状況、生息・生育環境の変化等を把握した。魚類では、環境 DNA 調査で検出された種類数が採集された種類数を包括していたことから、環境 DNA 調査は生息魚種の把握に有効であると考えられたが、水生植物と底生動物では採集調査で確認された種類の中に環境 DNA 調査では検出されない種類があったことから、環境 DNA 調査による網羅的な検出は現時点では難しいと判断された。対象種のうち在来種スナゴカマツカでは、国内外来種カマツカの生息する下流側と落差のある堰を境とする上流側にスナゴカマツカのみが残存する可能性のある水域が確認された。ドジョウでは在来系統のみが生息する水域は確認されなかった。これ以外の対象種についても得られた知見を整理した。

【キーワード】環境 DNA、生物多様性、ネイチャーポジティブ、新たな野生絶滅 ZERO アクション

【背景と目的】

東京都ではレッドリスト改定のたびに絶滅危惧種が増加するなど、生物多様性は年々低下してきた。この状況を踏まえ 2023 年に策定された東京都生物多様性地域戦略では、2030 年目標として「ネイチャーポジティブ」（自然再興）の実現および、その基本戦略の一つとして「新たな野生絶滅 ZERO アクション」（基本戦略 I ・行動目標②）が掲げられている。また、これらの目標達成のための教育・研究機関の取り組みの一つとして「希少種を含む東京の生きものの生育・生息状況を調査・研究し、専門的な立場から生物多様性保全策を提言」（行動方針 2）することが求められている。以上を踏まえて本研究では、都内水域において環境 DNA 調査や採集調査を実施し生物相を把握するとともに、特に保護上重要な種の生息・生育状況、生息・生育環境の変化等を把握し、適切な保護方策等を検討するための知見を得ることとした。

【方 法】

（1）対象生物および調査地点

2024 年度は魚類、水生植物、底生動物を対象とした。特に魚類については、東京都レッドリストの絶滅危惧 IA または IB 類に該当する 5 種類（スナゴカマツカ、ニッコウイワナ、ドジョウ、キタドジョウ、スナヤツメ類）に着目した。調査地点を 52 か所に設定し、採集調査および環境 DNA 調査（メタバーコーディング）を実施した。また、水生植物と底生動物については 5 地点において試行的に実施した。なお、本報告では絶滅危惧種等の生息地保護のため、河川名はアルファベット表記とした。

（2）生物採集とサンプリング

2024 年 10 月下旬から 12 月上旬の間に、目視とタモ網等により定性的に確認した生物を記録し、また、採集した生物の一部を標本として保存した。

（3）環境 DNA のサンプリング・解析

2024 年 10 月上旬～11 月上旬の間に生物採集を行った地点においてサンプリングを実施し、網羅的解析（メタバーコーディング）を実施した。ニッコウイワナについては系統解析を実施した。

（4）A 川における横断構造物および過去のスナゴカマツカの分布情報の調査

2025 年 1 月 15 日に、外見上スナゴカマツカと判断される個体や環境 DNA が確認された A 川を踏査し、スナゴカマツカの生息に影響を及ぼす横断構造物の位置や構造を調査した。また、過去に実施された魚類調査結

果を収集し、スナゴカマツカの分布を整理した。

【結果の概要】

(1) 採集と環境DNA調査結果の比較

魚類では環境DNAで検出された種類数が採集された種類数を包括していたことから（図1）、環境DNA調査は魚類相を把握する場合において有効であると考えられた。水生植物と底生動物については、環境DNA調査でのみコウキクサ、エビモ、ヤナギモ等が、後者ではサワガニ等が検出された。また、採集調査で確認された種類の中に環境DNA調査では検出されない種類があったことから、多系統を含むこれらの分類群では環境DNA調査での網羅的な生物相の検出が現時点では難しいと判断された。そのため、環境DNA調査は現地調査と併用することが必要であると同時に、プライマー等の分子生物学的な技術の改良が必要であると考えられた。

(2) 保護上重要な野生生物種の生息状況等の把握

魚類について次のように整理した。1) **スナゴカマツカ**：A川に設置された約1.5mの落差のある堰を境に下流側において外見上、国内外来種カマツカと判断される個体とその環境DNAが検出された一方、上流側ではスナゴカマツカと判断される個体とその環境DNAが確認された。今後、カマツカとの交雑の有無を把握するために核DNAの分析を実施する予定である。2) **ニッコウイワナ**：環境DNA分析で主な分析対象とされるミトコンドリアDNAの部分配列を元に系統解析を行ったが、リファレンス配列の外来・在来との判断が既往研究間で異なることから外来・在来の判別は保留した。今後は核DNAの分析が必要であると判断された。3) **ドジョウ**：いずれの調査地点においてもドジョウ外来系統の環境DNAが検出され、保全上重要であるドジョウ在来系統のみ分布する水域を発見することはできなかった。4) **キタドジョウ**：谷戸の下流においてキタドジョウの環境DNAが検出された地点があったことから、上流の谷戸に生息地が残されていると推察され、さらなる研究が必要であると考えられた。5) **スナヤツメ類**：既往調査と同様、キタスナヤツメのみが検出されており、都内には同種のみが生息している可能性が支持された。

(3) 生息・生育環境の変化等の把握、減少要因等の解明に向けた科学的知見の集積

分布情報が得られたスナゴカマツカとドジョウ在来系統について次のように整理した。1) **スナゴカマツカ**：今回の調査でスナゴカマツカの個体またはその環境DNAが確認されなかった範囲を含むA川上流において、1990年代前半にはスナゴカマツカと考えられる個体の採集記録が複数確認された。1994年から2008年に実施された区画整理によってA川上流の一部において改修工事が実施されていたことから、この影響により現在は生息していない可能性があるが、今後の検証が必要である。2) **ドジョウ**：2000年代後半に実施された研究では、多摩川水系の各調査地点においてドジョウの在来と外来系統両方が確認されているのに対して、近年の環境DNA調査では外来系統のみが検出された地点が多いことから、在来系統の割合が減少し、外来系統が増加している可能性がある。

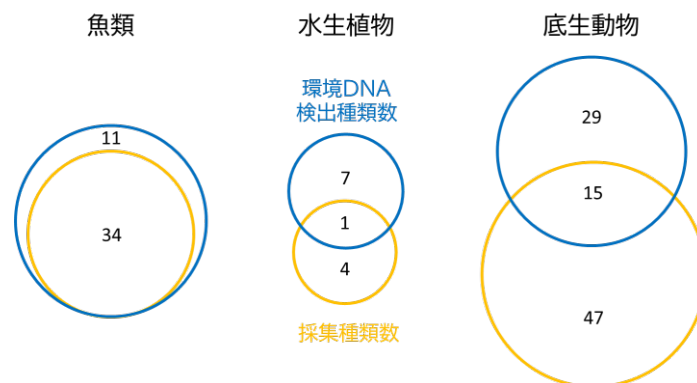


図1 採集と環境DNA調査で確認された魚類、水生植物、底生動物の種類数のベン図