

# アブストラクト JSEC2018

研究のタイトル	カンキョウディーエヌエーテイリョウカイセキヲモチイタセイブツブンモニタリングノカクリツナガラガワイ ピガワニオケルアユトレイスイ		
	環境 DNA 定量解析を用いた生物分布モニタリングの確立～長良川・揖斐川 におけるアユと冷水病菌の季節的相互関係を探る～		
研究者氏名	ツネカワコウキ ヒロセマサエ マサイナナミ		
	常川光樹 廣瀬雅恵 政井菜々美		
研究者(代表)学年	2年(高校・高専)	研究者区分	3
学校名(都道府県)	ギフケンリツギフコウトウガッコウ		
	岐阜県立岐阜高等学校 (岐阜県)		
研究のカテゴリー	地球・環境科学		

## 研究の要約

【動機や目的】冷水病とは全国各地のアユに猛威を振るう外来性細菌症で、長良川、揖斐川のアユにも甚大な被害をもたらしており、アユ漁獲量半減の一因とも指摘される。そこで対策を講ずべく、私達は最新技術、環境 DNA 定量解析で 2 つの大規模河川を包括的、継続的に調査し、得られたデータを基に、アユと冷水病菌の生態分布の解明と、長良川河口堰のアユへの影響評価を試みた。

【研究方法】毎月、長良川と揖斐川 18 地点(年間延べ約 200 地点)で河川水 1 L を採取し、アユと冷水病菌について環境 DNA 定量解析を行った。

【結果】回遊性のアユの生活史と、検出したアユの環境 DNA 濃度の変化から予測される生活史は一致した。また、冷水病菌はアユが河川にいない冬季も水中に蔓延し続けていることが分かった。河口堰の上下では遡上期にアユの環境 DNA 濃度に差が生じており、さらには長良川と揖斐川で遡上量が異なっていた。

【結論】環境 DNA 定量解析により、従来では調査が困難であった大規模河川での正確な生物モニタリングに成功し、冷水病菌とアユの生態を関連付けることで、冷水病菌が河川に定着していることが判明した。また、河口堰はアユの遡上の障害と思われ、新たにアユが遡上河川を選択する可能性を発見した。

【今後の展望】研究を踏まえ、冷水病対策のための稚アユ晩期放流や、遡上を妨げる河口堰の季節的開門を漁協に提案し、更に詳細なアユの生態解明に向けて調査を継続したい。

## 研究作品に関するチェック項目

1) 研究に用いているもの 人体/脊椎動物/微生物/組み換え DNA/細胞組織/ どれも用いていない	
2) 大学・研究機関などでの実験、装置使用	はい
3) 昨年までの研究からの継続	いいえ