

環境 DNA を用いた湿地再生効果の 定量的な把握に関する研究

Research into quantitative understanding of wetland restoration effects using environmental DNA

自然環境グループ 研 究 員 滝澤 将弥

自然環境グループ グループ長 都築 隆禎

本稿は、円山川水系出石川の加陽湿地において、堰上げにより人為的に創出された氾濫原環境を含む湿地再生効果について、令和 6 年及び令和 7 年に魚類を対象とした環境 DNA の定量メタバーコーディング分析を行い、魚類相の定量的な把握を試みた成果を報告するものである。令和 6 年は堰上げ操作の前後、令和 7 年は令和 6 年から堰上げされた状態が継続した環境において採水し、網羅的かつ定量的な環境 DNA 分析を実施した。堰上げにより創出した氾濫原環境と加陽湿地内の他地点や出石川では、DNA 濃度が高い種が異なっており、利用する環境が異なることによる魚類相の違いを環境 DNA 調査により把握することができた。また、令和 6 年、令和 7 年の調査ともに、5 月下旬から 7 月上旬にかけて氾濫原性魚類の DNA 濃度が上昇しており、加陽湿地が氾濫原性魚類の繁殖の場として機能していることが示唆された。加えて、人為的に創出された氾濫原環境の方が、堰上げ直後は加陽湿地内の他地点よりも繁殖の場として好適な環境となっていることが示唆された。

キーワード：環境 DNA、定量メタバーコーディング、湿地再生、氾濫原創出

This paper reports the results of an attempt to gain a quantitative understanding of the ichthyofauna in the Kayo wetlands on Izushi River in the Maruyama river system through quantitative metabarcoding analysis of environmental DNA of fish in 2024 and 2025 with reference to wetland restoration effects including a flood plain environment artificially created by a weir. Water sampling was conducted before and after the weir was built in 2024 and after the weir was built in 2025 and comprehensive and quantitative environmental DNA analysis was implemented. There were differences between species with high DNA concentration in the Ishizu River and other locations in Kayo wetlands and on the flood plain created by the weir, and this made it possible to understand the differences in ichthyofauna due to differing usage environments through environmental DNA survey. Further, based on both the 2024 and 2025 surveys, DNA concentration of fish in the flood plain from the end of May to the beginning of July increased and this suggests that the Kayo wetlands function as a place where flood plain fish reproduce. In addition, this suggests that the artificially created flood plain environment is a more favourable environment for reproduction than other locations in the Kayo wetlands directly after the weir was built.

Keywords: environmental DNA, quantitative metabarcoding, wetland restoration, flood plain creation

1. はじめに

1-1 円山川について

円山川は、兵庫県朝来市生野町円山を水源として、豊岡盆地を流れ、出石川、奈佐川等の支川と合流して日本海に注ぐ一級河川である。

円山川流域では、河川や周辺の水田等が一体となった多様な生態系を形成し、流域の湿地はコウノトリをはじめとする多くの生物の生息・生育・繁殖の場として重要な役割を担っている。

1-2 加陽湿地について

円山川の支川である出石川流域の加陽地区では、円山川水系自然再生計画に基づき、コウノトリと人が共生していたかつての原風景を取り戻すため、大規模な湿地が整備されている（以下「加陽湿地」という）（図-1）。

平成20年度以降、湿地等の整備が実施され、平成25年には計画内容の再検討、平成29年度にかけて置石や通水施設、堰などの湿地環境を改良するなど順応的な整備が進められてきた。



図-1 加陽湿地の位置図

加陽地区維持管理マニュアル（案）によると、加陽湿地では、自然再生事業の一環として、「コウノトリと人が共生する姿」を目指し、利用を支えるドジョウやナマズなどを含めた様々な生き物がすむ環境を目標としている。また、具体的な目標の一つとして、「昔の湿田環境に類似したコイ・フナ類やナマズ等の繁殖の場」が挙げられている¹⁾。以上のような目標のもと、加陽湿地では、様々な生物の生息・生育・繁殖の場として機能するため、環境の異なる水域の整備や維持管理の取り組みが実施されている。加陽湿地に整備されている水域は以下に示すとおりである（図-2）²⁾。

○開放型湿地：上流と下流に1か所ずつ整備されている。常時出石川と接続しており、魚類等は出石川との間を自由に往来可能である。コイ、フナ類等の繁殖の場として機能することを目標としてい

る。

○閉鎖型湿地：下池と上池があり、下池は三木川からの水、上池は山からの湧水と三木川からの水をそれぞれ引き込んでいる。魚類等は三木川との間を自由に移動できる。通年水がたまった田んぼや池のような湿地となっている。

○三木川：瀬や淵などの多様な流れを生み出すため、河道が緩やかに曲げられている。水源は出石川で、加陽湿地よりも上流に位置する出石堰から取水された水が、堤内の田園地帯をとり三木川として加陽湿地に流入している。閉鎖型湿地に流入・流出したのち、出石川に合流する。



図-2 加陽湿地に整備されている水域

1-3 加陽湿地における氾濫原創出の取り組み

閉鎖型湿地（下池）及び三木川には1か所ずつ水位操作用の堰が設けられており、堰板を設置することで閉鎖型湿地及び三木川の水位を上げ（堰上げ）、人為的に氾濫原環境を創出することができる（写真-1）。堰上げは、水田環境を利用する魚類の産卵期に合わせ、例年5月から6月に実施することで、これらの魚類の再生産に寄与する仕組みとなっている¹⁾。



写真-1 閉鎖型湿地の堰上げ状況
(上：堰上げ前 下：堰上げ後)

1-4 本研究の目的

加陽湿地では、自然再生の効果検証を目的として平成22年度から現在に至るまで魚類相のモニタリング調査が実施されている。しかし、調査コストや生物への負荷の観点から、従来の直接採捕よりも簡易かつ定量的に魚類相を把握する方法が望まれている。

本研究の対象とした環境DNAは、水や土壌、大気等の環境中に溶け込んだDNAの総称であり、生物の粘液や排泄物などに由来する。環境中から水などを採取し、DNAを抽出・増幅することで、その場に生息している生物に関する情報を得ることが可能である。環境DNAの分析手法は、特定の種を検出する分析(種特異的分析)、全種を網羅的に検出する分析(メタバーコーディング分析)の2つに大別される。しかし近年では、メタバーコーディング分析の際に既知の濃度のDNAを添加することで、どの魚類のDNAがどれくらい存在するかを推定する分析(定量メタバーコーディング分析)が可能となっている³⁾。

以上より、本研究では魚類の環境DNAを対象とした

定量メタバーコーディング分析により、人為的に創出した氾濫原を含む湿地再生効果の定量的な把握を試みた。

2. 堰上げ前後での調査(令和6年実施)

令和6年は堰上げによる氾濫原創出実験を実施し、創出した氾濫原環境を含む加陽湿地の7地点において堰上げの前後で調査を実施した。

2-1 採水・分析方法

採水は、1Lのポリビンに採水箇所の上層水を採取した。採水を実施する際はゴム手袋を着用し、コンタミネーションを防止した。また、採水作業時のコンタミネーションの有無を検証するため現地でクーラーボックスを作成した。

検体は、採水後DNA分解防止のため10%塩化ベンザルコニウム溶液を1mL添加し、密閉後転倒混和を行い、ろ過まで冷蔵保存した。室内にて検体のろ過を行ったのち、DNAの抽出を行い、魚類を網羅的に検出可能なプライマーセットであるMiFishを用いて定量メタバーコーディング分析を行った。

2-2 採水地点

採水は図-3に示す7地点で実施した。氾濫原環境として、氾濫原(閉鎖型湿地)、氾濫原(三木川)及び氾濫原(堰直下流)の3地点、対照区として、出石川、三木川上流、開放型湿地(下流)及び開放型湿地(上流)の4地点にて採水した。



図-3 採水地点位置図

2-3 採水時期

採水は、令和6年6月6日(堰上げ前)、6月19日(堰上げ2週間後)及び7月4日(堰上げ4週間後)の計3回実施した。

2-4 結果

環境DNA分析では、微量のDNAを対象とする特性上、コンタミネーションや人家の排水等に由来する偽陽性が生じる可能性がある。そのため、解析結果の信頼性を確保する観点から、本調査では加陽湿地において平

成 22 年度から実施されている魚類調査で確認実績のある種のみを整理対象とした⁴⁾。

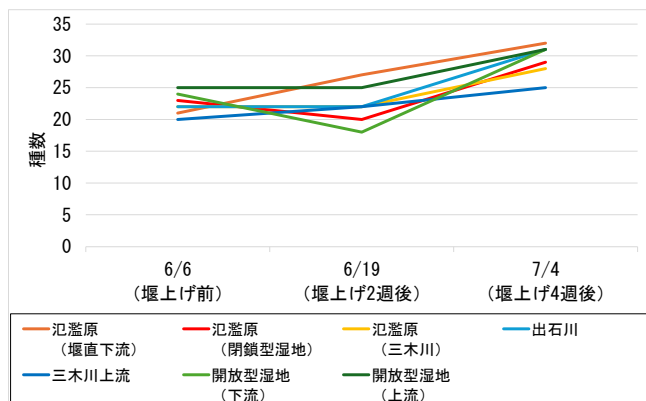
(1) 確認された種

確認された種の一覧を表－1 に示す。3 回の調査で計 33 種の DNA が確認された。氾濫原環境では 28 から 33 種、対照区では 26 から 32 種が確認され、最も確認種数が多かったのは氾濫原（堰直下流）であった。

氾濫原でのみ確認された種はオオクチバスであった。対照区でのみ確認された種はいなかった。

表－1 確認種一覧（令和 6 年調査）

種名	氾濫原			対照区			
	堰直下流	閉鎖型湿地	三木川	出石川	三木川上流	開放型湿地（下流）	開放型湿地（上流）
ウナギ属 sp.	●		●	●		●	●
コイ（型不明）	●		●	●		●	●
フナ属 sp.	●	●	●	●	●	●	●
カネヒラ	●		●	●		●	●
タイリクバラタナゴ	●	●	●	●		●	●
オイカワ	●	●	●	●		●	●
カワムツ	●	●	●	●		●	●
タカハヤ	●	●	●	●		●	●
ウグイ	●	●	●	●		●	●
モツゴ	●	●	●	●		●	●
ヒギ属 sp.	●	●	●	●		●	●
ムギツク	●	●	●	●		●	●
タモロコ属 sp.	●	●	●	●		●	●
カマツカ	●	●	●	●		●	●
ズナガニゴイ	●	●	●	●		●	●
ニゴイ属 sp.	●	●	●	●		●	●
スゴモロコ属 sp.	●	●	●	●		●	●
ドジョウ属 sp.	●	●	●	●		●	●
ギギ	●	●	●	●		●	●
ナマズ	●	●	●	●		●	●
アユ	●	●	●	●		●	●
ボラ	●	●	●	●		●	●
メダカ	●	●	●	●		●	●
スズキ	●	●	●	●		●	●
オオクチバス	●	●	●	●		●	●
ドンコ	●	●	●	●		●	●
マハゼ	●	●	●	●		●	●
チチブ属 sp.	●	●	●	●		●	●
ゴクラクハゼ	●	●	●	●		●	●
ヨシノボリ属 sp.	●	●	●	●		●	●
ウキゴリ属 sp. 1	●	●	●	●		●	●
ウキゴリ属 sp. 2	●	●	●	●		●	●
ピリンゴ	●	●	●	●		●	●
33種	33種	30種	28種	32種	26種	32種	32種



図－4 各採水地点における確認種数の変化（令和 6 年調査）

図－4 に、各採水地点における確認種数の変化を示す。確認種数は堰上げ前、堰上げ 2 週間にかけて多少増減はあるものの、明確な変化傾向は確認され

なかった。堰上げ 4 週間後では、対照区を含めた全地点において、堰上げ 2 週間と比較して 5 から 13 種確認種が増加した。

(2) DNA 濃度が高かった種

表－2 に各採水地点における DNA 濃度の上位 3 種を示す（3 回の調査の平均値）。DNA 濃度の上位 3 種は、氾濫原ではいずれの地点もフナ属 sp.、タモロコ属 sp.、コイ（型不明）であった。対照区では、三木川上流は氾濫原と同様の 3 種であったが、出石川、開放型湿地（下流）、開放型湿地（上流）ではオイカワ、アユ、タイリクバラタナゴ、ニゴイ属 sp. が上位 3 種に含まれた。フナ属 sp. は、全地点において上位 3 種に含まれていた。

表－2 DNA 濃度上位 3 種（令和 6 年調査）

	氾濫原			対照区			
	堰直下流	閉鎖型湿地	三木川	出石川	三木川上流	開放型湿地（下流）	開放型湿地（上流）
1	フナ属 sp.	フナ属 sp.	フナ属 sp.	フナ属 sp.	フナ属 sp.	タイリクバラタナゴ	オイカワ
2	タモロコ属 sp.	タモロコ属 sp.	タモロコ属 sp.	オイカワ	コイ（型不明）	フナ属 sp.	ニゴイ属 sp.
3	コイ（型不明）	コイ（型不明）	コイ（型不明）	アユ	タモロコ属 sp.	ニゴイ属 sp.	フナ属 sp.

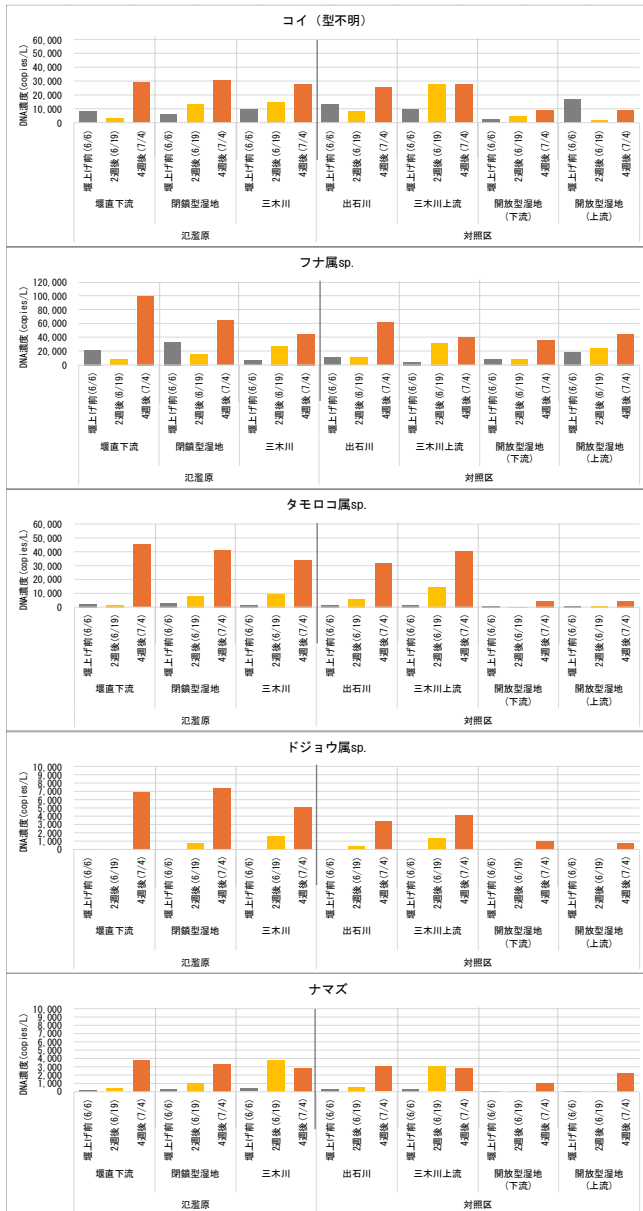
(3) 氾濫原性魚類の DNA 濃度

確認された種のうち、加陽湿地の目標として挙げられているコイ（コイ（型不明））、フナ（フナ属 sp.）、ナマズに、それらと同様に氾濫原を産卵環境として利用するタモロコ（タモロコ属 sp.）、ドジョウ（ドジョウ属 sp.）を加えた 5 種を氾濫原性魚類として DNA 濃度を整理した。これら 5 種の DNA 濃度の変化を図－5 に示す。

コイ（型不明）は、氾濫原環境の堰直下流、対照区の出石川、開放型湿地（上流）では堰上げ前から 2 週間にかけて DNA 濃度が下降、堰上げ 2 週間から 4 週間にかけて DNA 濃度が上昇した。氾濫原環境の閉鎖型湿地、三木川、対照区の三木川上流、開放型湿地（下流）では、堰上げ前から 2 週間、4 週間にかけて DNA 濃度が上昇した。また、開放型湿地（上流）は堰上げ前、開放型湿地（上流）を除く 6 地点では堰上げ 4 週間後に DNA 濃度が最も高い値を示した。

フナ属 sp. は、氾濫原環境の堰直下流、閉鎖型湿地では、堰上げ前から 2 週間にかけて DNA 濃度が下降、堰上げ 2 週間から 4 週間にかけて大きく上昇した。氾濫原環境の三木川及び対照区的全地点では、堰上げ前から 2 週間、4 週間にかけて DNA 濃度が上昇した。また、調査を実施した全地点において、堰上げ 4 週間後に DNA 濃度が最も高い値を示した。

タモロコ属 sp. は、氾濫原環境の堰直下流、対照区の開放型湿地（下流）、開放型湿地（上流）では、堰



図－5 氾濫原性魚類の DNA 濃度の変化
(令和 6 年調査)

上げ前から 2 週間にかけて DNA 濃度はほとんど変化がなく、堰上げ 2 週間後から 4 週間にかけて大きく上昇した。氾濫原環境の閉鎖型湿地、三木川、対照区の出石川、三木川上流では、堰上げ前から 2 週間、4 週間にかけて DNA 濃度が上昇した。また、調査を実施した全地点において、堰上げ 4 週後に DNA 濃度が最も高い値を示した。

ドジョウ属 sp. は、氾濫原環境の全地点及び対照区の出石川、三木川上流では、堰上げ前は DNA 濃度が非常に低く、堰上げ 2 週間後やや上昇した。堰上げ 4 週後は DNA 濃度が大きく上昇した。対照区の開放型湿地（下流）、開放型湿地（上流）では堰上げ前、2 週後は DNA 濃度が 0 または非常に低く、堰上げ 4

週後にやや上昇した。また、調査を実施した全地点において、堰上げ 4 週後に DNA 濃度が最も高い値を示した。

ナマズは、氾濫原環境の堰直下流、閉鎖型湿地及び対照区の出石川、開放型湿地（下流）では、堰上げ前から 2 週間にかけて DNA 濃度が上昇、堰上げ 4 週間にかけて DNA 濃度が大きく上昇した。氾濫原環境の三木川及び対照区の三木川上流では、堰上げ前から 2 週間にかけて DNA 濃度が大きく上昇し、堰上げ 4 週間にかけて DNA 濃度がやや下降した。対照区の開放型湿地（上流）では、堰上げ前から 2 週間にかけて DNA 濃度がやや下降し、堰上げ 4 週間にかけて DNA 濃度が大きく上昇した。また、氾濫原環境の堰直下流、閉鎖型湿地及び対照区の出石川、開放型湿地（下流）、開放型湿地（上流）では堰上げ 4 週後、氾濫原環境の三木川及び対照区の三木川上流では堰上げ 2 週後に DNA 濃度が最も高い値を示した。

3. 堰上げされた状態が継続した環境での調査 (令和 7 年実施)

令和 7 年は、令和 6 年から堰上げされた状態が約 1 年間継続した氾濫原環境において、魚類の産卵期に 2 週間間隔で調査を実施した。

なお、採水・分析方法及び採水地点は、2. 堰上げ前後での調査（令和 6 年実施）と同様の方法で実施した。

3-1 採水時期

採水は、魚類の産卵期にあたる令和 7 年 5 月 14 日、5 月 28 日及び 6 月 12 日の計 3 回実施した。

3-2 結果

(1) 確認された種

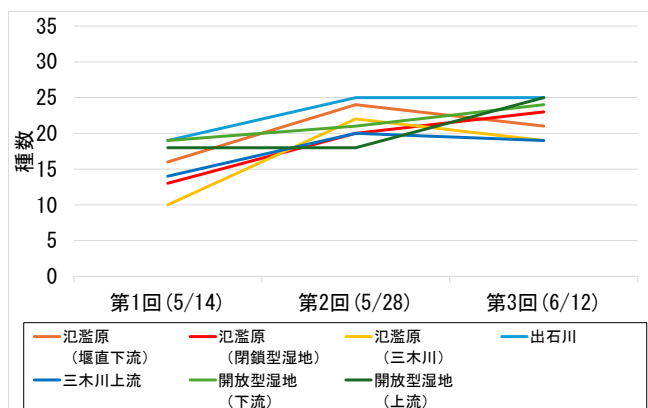
確認された種の一覧を表－3 に示す。3 回の調査で計 30 種の DNA が確認された。氾濫原環境では 23 から 25 種、対照区では 21 から 28 種が確認され、最も確認種数が多かったのは出石川であった。

氾濫原でのみ確認された種はズナガニゴイであった。

対照区でのみ確認された種はタカハヤ、ボラ及びスズキであった。

表－3 確認種一覧（令和7年調査）

種名	氾濫原			対照区			
	堰直下流	閉鎖型湿地	三木川	出石川	三木川上流	開放型湿地（下流）	開放型湿地（上流）
ウナギ属sp.	●	●	●	●	●	●	●
コイ（型不明）	●	●	●	●	●	●	●
フナ属sp.	●	●	●	●	●	●	●
カネヒラ	●	●	●	●	●	●	●
タイリクバラタナゴ	●	●	●	●	●	●	●
オイカフ	●	●	●	●	●	●	●
カワムツ	●	●	●	●	●	●	●
タカハヤ	●	●	●	●	●	●	●
ウグイ	●	●	●	●	●	●	●
モツゴ	●	●	●	●	●	●	●
ヒガイ属subsp.	●	●	●	●	●	●	●
ムギツク	●	●	●	●	●	●	●
タモロコ属sp.	●	●	●	●	●	●	●
カマツカ	●	●	●	●	●	●	●
ズナガニゴイ	●	●	●	●	●	●	●
ニゴイ属sp.	●	●	●	●	●	●	●
スゴモロコ属sp.	●	●	●	●	●	●	●
ドジョウ属sp.	●	●	●	●	●	●	●
ギギ	●	●	●	●	●	●	●
ナマズ	●	●	●	●	●	●	●
アユ	●	●	●	●	●	●	●
ボラ	●	●	●	●	●	●	●
ミナミメダカ	●	●	●	●	●	●	●
スズキ	●	●	●	●	●	●	●
ドンコ	●	●	●	●	●	●	●
チラブ属sp.	●	●	●	●	●	●	●
ゴクラクハゼ	●	●	●	●	●	●	●
ヨシノボリ属sp.	●	●	●	●	●	●	●
ウキゴリ属sp.1	●	●	●	●	●	●	●
ウキゴリ属sp.2	●	●	●	●	●	●	●
30種	24種	25種	23種	28種	21種	26種	27種



図－6 各採水地点における確認種数の変化（令和7年調査）

図－6に、各採水地点における確認種数の変化を示す。開放型湿地（上流）を除く6地点において、第1回から第2回にかけて確認種数が増加し、第2回から第3回にかけての変化は小さかった。開放型湿地（上流）では、第1回から第2回にかけて確認種数は変わらなかったが、第2回から第3回にかけて確認種数が7種増加した。

（2）DNA濃度が高かった種

表－4に各採水地点におけるDNA濃度（3回の調査の平均値）の上位3種を示す。DNA濃度の上位3種は、氾濫原ではいずれの地点もコイ（型不明）、フナ属sp.、タイリクバラタナゴであった。対照区では、氾濫原での上位3種のほか、出石川及び開放型湿地（下流）ではウグイ、三木川上流ではタモロコ属sp.、

開放型湿地（上流）ではニゴイ属sp.が上位3種に含まれていた。

フナ属sp.は開放型湿地（下流）、コイ（型不明）は開放型湿地（上流）をそれぞれ除いた6地点において上位3種に含まれていた。

表－4 DNA濃度上位3種（令和7年調査）

	氾濫原			対照区			
	堰直下流	閉鎖型湿地	三木川	出石川	三木川上流	開放型湿地（下流）	開放型湿地（上流）
1	コイ（型不明）	コイ（型不明）	コイ（型不明）	コイ（型不明）	コイ（型不明）	コイ（型不明）	フナ属sp.
2	フナ属sp.	フナ属sp.	フナ属sp.	フナ属sp.	フナ属sp.	ウグイ	ニゴイ属sp.
3	タイリクバラタナゴ	タイリクバラタナゴ	タイリクバラタナゴ	ウグイ	タモロコ属sp.	タイリクバラタナゴ	タイリクバラタナゴ

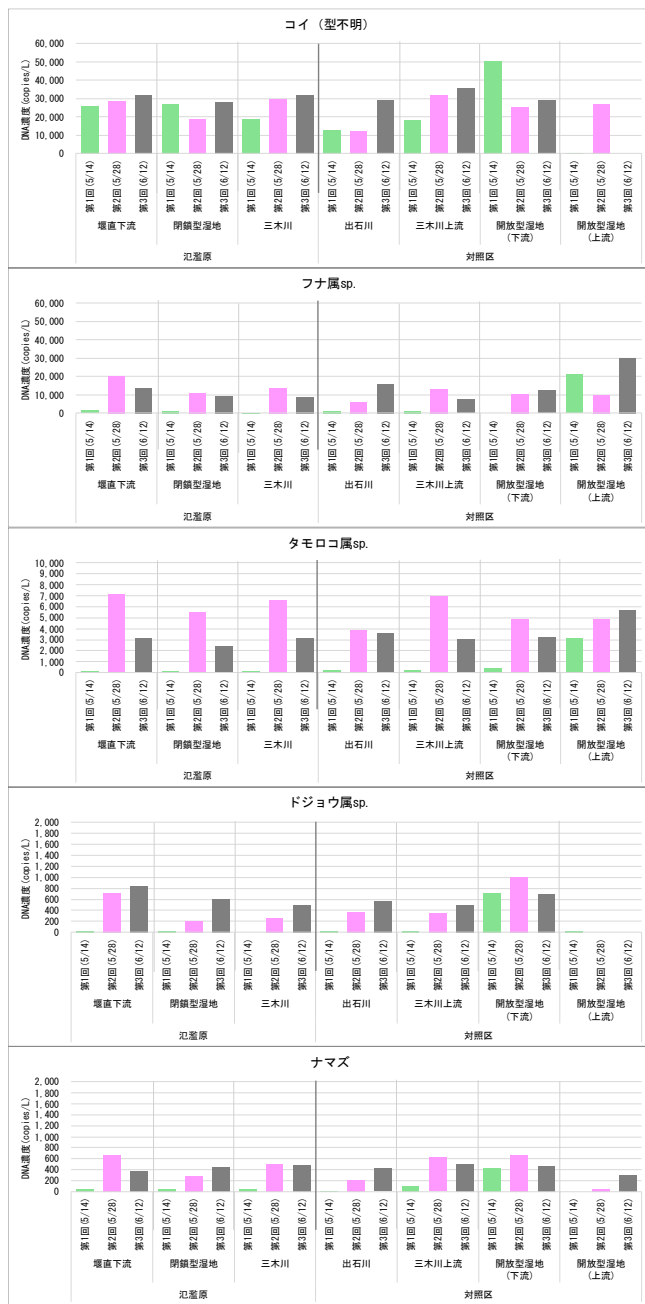
（3）氾濫原性魚類のDNA濃度

確認された種のうち、氾濫原を産卵環境として利用する種（コイ（型不明）、フナ属sp.、タモロコ属sp.、ドジョウ属sp.、ナマズの5種）のDNA濃度の変化を図－7に示す。

コイ（型不明）は、氾濫原環境の堰直下流、三木川、対照区の三木川上流では第1回から第2回、第3回にかけてDNA濃度が上昇した。氾濫原環境の閉鎖型湿地、対照区の出石川、開放型湿地（下流）では、第1回から第2回にかけてDNA濃度が下降、第2回から第3回にかけてDNA濃度が上昇した。対照区の開放型湿地（上流）では、第1回のDNA濃度は非常に低かったが、第2回では大きく上昇、第3回では0であった。また、氾濫原環境の全地点及び対照区の出石川、三木川上流では第3回、対照区の開放型湿地（下流）では第1回、対照区の開放型湿地（上流）では第2回調査時にDNA濃度が最も高い値を示した。

フナ属sp.は、氾濫原環境の全地点、対照区の三木川上流では、第1回から第2回にかけてDNA濃度が上昇し、第2回から第3回にかけて下降した。対照区の出石川、開放型湿地（下流）では、第1回から第2回、第3回にかけてDNA濃度が上昇した。開放型湿地（上流）では、第1回から第2回にかけてDNA濃度が下降、第2回から第3回にかけてDNA濃度が上昇した。また、氾濫原環境の全地点及び対照区の三木川上流では第2回、対照区の出石川、開放型湿地（下流）、開放型湿地（上流）では第3回調査時にDNA濃度が最も高い値を示した。

タモロコ属sp.は、氾濫原環境の全地点及び対照区の出石川、三木川上流、開放型湿地（下流）では、第1回から第2回にかけてDNA濃度が上昇し、第2回から第3回にかけて下降した。開放型湿地（上流）では、第1回から第2回、第3回にかけてDNA濃度



図ー7 氾濫原性魚類の DNA 濃度の変化
(令和 7 年調査)

が上昇した。また、氾濫原環境の全地点及び対照区の出石川、三木川上流、開放型湿地（下流）では第 2 回、対照区の開放型湿地（上流）では第 3 回調査時に DNA 濃度が最も高い値を示した。

ドジョウ属 sp. は、氾濫原環境の全地点及び対照区の出石川、三木川上流では、第 1 回から第 2 回、第 3 回にかけて DNA 濃度が上昇した。対照区の開放型湿地（下流）では、第 1 回から第 2 回にかけて DNA 濃度が上昇し、第 2 回から第 3 回にかけて下降した。開放型湿地（上流）では、第 1 回に微量の DNA が検

出されたが、第 2 回、第 3 回調査では DNA は検出されなかった。また、氾濫原環境の全地点及び対照区の出石川、三木川上流では第 3 回、対照区の開放型湿地（下流）では第 2 回、開放型湿地（上流）では第 1 回調査時に DNA 濃度が最も高い値を示した。

ナマズは、氾濫原環境の堰直下流、三木川及び対照区の三木川上流、開放型湿地（下流）では、第 1 回から第 2 回にかけて DNA 濃度が上昇し、第 2 回から第 3 回にかけて下降した。氾濫原環境の閉鎖型湿地及び対照区の出石川、開放型湿地（上流）では第 1 回から第 2 回、第 3 回にかけて DNA 濃度が上昇した。また、氾濫原環境の堰直下流、三木川及び対照区の三木川上流、開放型湿地（下流）では第 2 回、氾濫原環境の閉鎖型湿地及び対照区の出石川、開放型湿地（上流）では第 3 回調査時に DNA 濃度が最も高い値を示した。

4. 考察

4-1 確認された種について

(1) 種数について

調査を実施した令和 6 年、令和 7 年ともに、3 回の調査での総確認種数を地点別に比較すると氾濫原環境と対照区で概ね同程度であった。また、調査回ごとの種数の変化も氾濫原環境と対照区で同様の傾向であった。以上のことから、確認種数の観点からは氾濫原環境を創出したことによる明確な効果は本研究の結果からは確認されなかった。

(2) 氾濫原で特異的に確認された種について

令和 6 年の調査では、オオクチバスは氾濫原環境でのみ DNA が確認された。オオクチバスは氾濫原環境においても見られるものの、氾濫原環境を積極的に利用する種ではなく、偶発的に確認されたものと考えられる。オオクチバスは加陽湿地では平成 30 年以降は採捕されていないものの、DNA が検出されたことから現在も少数が生息している可能性が示唆された。

令和 7 年の調査ではズナガニゴイが氾濫原（三木川）でのみ確認された。ズナガニゴイは河川中流域の流れの緩やかな砂底を好む種であり⁵⁾、創出した氾濫原が好適環境となっている可能性が示唆された。ただし、令和 6 年の調査において採水を実施した全地点で DNA が確認されており、ズナガニゴイの生息範囲としては出石川本川を含む加陽湿地全域と考えられる。

4-2 DNA 濃度が高かった種について

令和 6 年調査における DNA 濃度の上位 3 種は、氾濫

原環境 3 地点及び三木川上流ではいずれの地点もフナ属 sp.、コイ（型不明）、タモロコ属 sp. であり、3 種とも氾濫原のような湿地を好む種⁵⁾であった。一方で、出石川及び開放型湿地 2 地点ではオイカワ、ニゴイ属 sp.、アユといった流水環境を好む種⁵⁾が上位 3 種に含まれていた。

令和 7 年調査における DNA 濃度の上位 3 種は、氾濫原環境 3 地点ではコイ（型不明）、フナ属 sp.、タイリクバラタナゴであった。コイ（型不明）、フナ属 sp. は氾濫原を産卵環境として利用する種だが、タイリクバラタナゴは産卵基質である二枚貝類に依存する種である。創出した氾濫原環境は、流れの緩やかな場所や浅い池沼を好むタイリクバラタナゴや産卵基質である二枚貝の好適環境にもなっていた可能性がある。出石川及び開放型湿地 2 地点では、上記の 3 種以外にウグイ、ニゴイ属 sp. が上位 3 種に含まれていた。

上記のように、DNA 濃度の上位 3 種の構成はそれぞれの採水地点の環境の特徴を反映していた。以上のことから、創出した氾濫原環境は出石川や開放型湿地とは異なる環境・魚類相となっており、それらが DNA 濃度の差異となって把握されたと考えられる。

4-3 氾濫原性魚類の DNA 濃度の変化について

(1) 氾濫原性魚類の繁殖の場としての利用について

堰上げを実施した令和 6 年は、氾濫原性魚類の DNA 濃度が堰上げ前は低く、堰上げ 2 週間または 4 週間後に大きく上昇する傾向が見られた。堰上げ状態が継続した環境において調査を実施した令和 7 年は、第 1 回と第 2 回の間で氾濫原性魚類の DNA 濃度が上昇する傾向が見られた。また、この傾向は令和 6 年、令和 7 年ともに、氾濫原環境と対照区で概ね共通していた。

Tsuiji & Shibata (2021) は、メダカを対象とした実験で、産卵後に環境 DNA 濃度が急激に増加することを確認し、野外においても繁殖期には産卵前の 3 から 25 倍の DNA 濃度が検出されたことを報告している⁶⁾。

以上より、人為的に創出した氾濫原を含む加陽湿地内において、氾濫原性魚類の繁殖行動があったことが示唆された。

(2) 氾濫原の創出効果について

堰上げを実施した令和 6 年において、堰上げ後の氾濫原環境及び出石川、三木川上流における氾濫原性魚類の DNA 濃度は、開放型湿地（下流）及び開放型湿地（上流）と比較して高い傾向があった。

出石川と三木川上流は対照区として設定した地点ではあるが、出石川の採水地点は氾濫原環境の水を

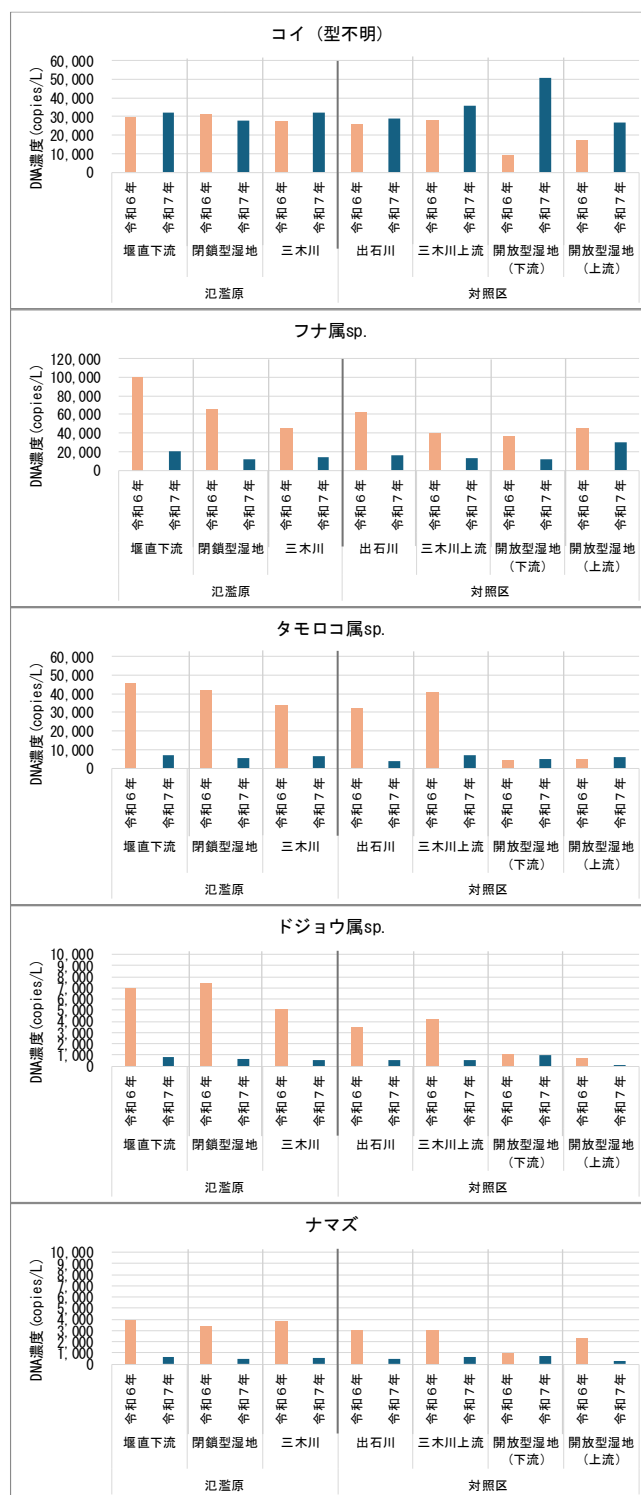


図-8 令和 6 年、令和 7 年における氾濫原性魚 DNA 濃度の最高値の地点別比較

集めた三木川との合流点付近に位置しており、氾濫原環境の DNA 濃度の変化の影響を受けた可能性がある。三木川上流の採水地点は創出した氾濫原環境から横断工作物のない上流部に位置しており、氾濫原に集まった魚類が三木川上流まで遡上した結果として、氾濫原と同様の傾向を示した可能性がある。

氾濫原創出の影響が小さいと考えられる開放型湿地（下流）及び開放型湿地（上流）と比較して、氾濫原環境における DNA 濃度が高かったことから、人為的に創出した氾濫原が氾濫原性魚類の繁殖の場として開放型湿地よりも好適な環境となっていたと考えられる。

(3) 繁殖の場としての効果の維持について

DNA 濃度が最も高い時がその場所における魚類の繁殖行動が最も活発である（≒繁殖の場としての効果が発揮されている）と想定されるため、令和 6 年及び令和 7 年で DNA 濃度の最高値を地点別に比較した（図－8）。各採水地点における氾濫原性魚類の DNA 濃度の最高値は、コイ（型不明）を除き、堰上げ状態が約 1 年間継続した令和 7 年よりも堰上げ操作直後であった令和 6 年の方が高い傾向が見られた。

以上より、調査時期は令和 6 年と令和 7 年で 3 週間程度異なることに留意する必要があるものの、堰上げ環境が継続した環境よりも、堰上げ操作直後の方が氾濫原性魚類の繁殖の場として適した環境となっていたと考えられる。

一方で、令和 7 年にも氾濫原性魚類の DNA 濃度が第 1 回と第 2 回の間で上昇する傾向が確認されており、堰上げ状態が継続した環境も氾濫原性魚類の繁殖の場としての機能は維持されていたと考えられる。

(4) 氾濫原性魚類の生活史と DNA 濃度の対応

表－5 に、氾濫原性魚類の産卵時期と本研究 2 か年の調査において確認された DNA 濃度のピークを示す（加陽湿地における魚類調査結果より、フナ属 sp. はギンブナまたはゲンゴロウブナ、タモロコ属 sp. はタモロコ、ドジョウ属 sp. はドジョウとして整理）。DNA 濃度のピークは、各魚種の産卵期と概ね一致しており、繁殖行動による水中の DNA 濃度の上昇を捉えられたものと考えられる。また、フナ類は、コイよりも産卵盛期が約 1 か月程度早いとされている⁴⁾が、令和 7 年調査の結果ではフナの DNA 濃度のピークはコイよりも早く、既往の知見と概ね一致した。

表－5 氾濫原性魚類の産卵時期と DNA 濃度のピーク

	3月			4月			5月			6月			7月			8月		
	上	中	下	上	中	下	上	中	下	上	中	下	上	中	下	上	中	下
コイ																		
フナ																		
タモロコ																		
ドジョウ																		
ナマズ																		

産卵期
令和6年度採水日
● ピーク
 令和7年度採水日
● ピーク

また、堰上げを実施した令和 6 年は氾濫原性魚類の DNA 濃度のピークが、いずれの魚種も堰上げ 4 週後（7/4）であったのに対し、堰上げを実施しなかつ

た令和 7 年は DNA 濃度のピークは第 2 回（5/28）及び第 3 回（6/12）にバラついていた。このことから、令和 6 年は堰上げという操作により魚類の繁殖行動が誘発され、DNA 濃度のピークが堰上げ後に揃った可能性がある。

4－4 三木川と DNA の流下距離について

先述のとおり、三木川は堤内の田園地帯の水を集め加陽湿地に流入している河川である（図－9）。河川における環境 DNA の流下距離に関しては、アユ DNA では 1,000 から 2,000m 程度であること⁷⁾や、カワマス DNA の流下距離が流量によって変化するものの流量が多い場合は 200m 以上であること⁸⁾が先行研究で示唆されている。以上より、堤内の田園地帯における魚類の行動が DNA 濃度に影響している可能性については留意する必要があるものの、令和 6 年には堰上げという加陽湿地に限定した操作の前後で DNA 濃度の変化が見られたことは、堰上げによる効果であることを示唆している。



図－9 三木川上流の採水地点と田園地帯の位置関係

5. まとめ

令和 6 年及び令和 7 年に実施した環境 DNA の定量メタバーコーディング調査により、加陽地区における湿地再生効果に関する以下の知見が得られた。

5－1 加陽湿地の目標の達成状況について

本研究における環境 DNA 調査の結果、令和 6 年、令和 7 年ともに加陽湿地において氾濫原性魚類の DNA 濃度の上昇が見られ、氾濫原性魚類の繁殖の場として機能していることが示唆された。このことにより、加陽湿地における目標の一つである「昔の湿田環境に類似したコイ・フナ類やナマズ等の繁殖の場」は概ね達成できていると考えられる。

5－2 氾濫原の創出効果とその維持について

令和 6 年に実施した堰上げ前後での調査結果より、

堰上げにより創出した氾濫原の方が、開放型湿地よりも氾濫原性魚類の繁殖の場として好適な環境となっていたことが示唆された。

さらに、令和6年、令和7年の調査結果を比較したことで、堰上げ操作直後の方が、堰上げ環境が継続した環境よりも氾濫原性魚類の繁殖の場として好適な環境となっていたことが示唆された。

また、堰上げ状態が継続した環境においても氾濫原性魚類の産卵期においてDNA濃度の上昇は見られたことから、繁殖の場としての効果は約1年後も維持されていることが示唆された。

6. 今後の課題

今後の課題としては、本研究で対照区として設定した出石川は、氾濫原環境や三木川の影響を受けやすいことが示唆された。出石川に加陽湿地よりも上流側の採水地点を追加して設定することで、出石川の環境と氾濫原環境で、より対照的な検証が可能と考えられる。

また、今後も同様の手法によるモニタリングを継続しデータを蓄積することで、湿地再生や氾濫原創出による効果に関して、より多くの知見が得られることが期待される。

7. おわりに

本研究にあたって、国土交通省近畿地方整備局豊岡河川国道事務所各位、山口大学大学院赤松教授、同大学院中尾特命准教授には、多大なるご指導・ご助言をいただきました。ここに厚く御礼申し上げます。

＜参考文献＞

- 1) 国土交通省近畿地方整備局豊岡河川国道事務所：加陽湿地維持管理マニュアル（案），2014
- 2) 国土交通省近畿地方整備局豊岡河川国道事務所：出石川 加陽地区 大規模湿地再生事業 いのちにぎわう水辺づくり，2020
- 3) Ushio, M., Murakami, H., Masuda, R., Sado, T., Miyama, M., Sakurai, S., Yamanaka, H., Minamoto, T. & Kondoh, M. : Quantitative monitoring of multispecies fish environmental DNA using high-throughput sequencing, Metabarcoding and Metagenomics 2, 2018
- 4) 国土交通省近畿地方整備局豊岡河川国道事務所：円山川生物環境モニタリング調査業務 報告書，2026
- 5) 細谷和海（編・監修）：山溪ハンディ図鑑 15 日本の淡水魚，2019
- 6) Tsuji, S. & Shibata, N. : Identifying spawning events in fish by observing a spike in environmental DNA concentration after spawning, Environmental DNA 3, 2021
- 7) 山口皓平, 赤松良久, 乾隆帝, 後藤益滋, 河野誉仁, 栗田喜久：河川における環境DNA含有物質の動態に関する基礎的研究, 土木学会論文集 B1(水工学) Vol.74 No.5, 2018.
- 8) Jane, S. F., Wilcox, T. M., McKelvey, K. S., Young, M. K., Schwartz, M. K., Lowe, W. H., Letcher, B. H. & Whiteley, A. R. : Distance, flow and PCR inhibition: eDNA dynamics in two headwater streams, Molecular Ecology Resources Vol.15, 2015