

第 317 回雑誌会

(July.5th,2019)

(1) アンサンブル気候変動予測データベースを用いた洪水頻度解析による長良川流域の温暖化影響評価

原田 守弘, 丸谷 靖幸, 児島 利治, 松岡 大祐, 中川 友進, 川原 慎太郎,
荒木 文明

土木学会論文集B1(水工学), 74,(4), 181-186, (2018).

レビュー：谷村 優仁

近年の相次ぐ記録的豪雨や災害被害の発生から、洪水による水害リスクへの影響予測と気候変動に対する適応策を検討する必要性が高まっている。しかし、洪水頻度解析は確実性に欠け、河川管理の一般的な手法との乖離が見られる。そこで本研究では、河川管理の場において用いられる流出解析モデルと水文観測データに洪水頻度解析を統合することによって、洪水頻度解析の結果の理解を促進する枠組みを構築することを目的とした。研究対象である長良川流域は、洪水調整施設を持たないため、気候変動の影響を受けやすいと考えられる。流出解析モデルに、貯留関数法を用いた。モデルの再現性の検討は、過去 13 洪水を対象とした。気候変動予測データベース (d4PDF) の領域気候モデル NHRCM20 (水平解像度 20 km) による過去実験と 4°C 上昇実験を行った。そして、それぞれの実験から長良川流域の年最大降水イベントを抽出し、ハイトグラフを作製した。ハイトグラフを入力条件とした洪水頻度解析から、洪水ピーク流量を出力した。算出された年最大流量と国土交通省が観測した流量を比較し、過去気象による洪水頻度分布と観測値の RMSE (平均二乗誤差平方根) が最小となるような補正係数を求めた。求めた補正係数を 4°C 上昇実験に基づく洪水ピーク流量頻度分布に適用した。さらに、補正済みの累積分布から超過確率年数ごとの洪水ピーク流量を評価した。

洪水頻度解析における洪水ピーク流量は観測値で約 7700 m³/s、解析結果では約 8200 m³/s となった。観測値と解析結果との誤差が約 10%であったため、実用的な精度で計算可能であると判断した。また、解析結果における頻度分布では、過去実験と 4°C 上昇実験のいずれにおいても、水文統計の最大値分布の表現に一般的に用いられるグンベル分布と類似した結果が得られた。双方の実験結果を比較すると、4°C 上昇実験において、流量の多い洪水の発生頻度が増加していることがわかった。補正係数は、観測値と解析値の間に生じる誤差を最小にする値である $K=0.92$ と設定した。超過確率年数ごとの洪水ピーク流量の評価としては、d4PDF の過去実験では河川整備計画目標流量に到達する確率は、100 年以上に 1 回であった。しかし、4°C 上昇実験では 30 年に 1 回程度まで発生確率が増加する予測結果が得られた。

(2) The effect of filtration method on the efficiency of environmental DNA capture and quantification via metabarcoding

Li, J., Handley, L. L., Read, D. S. and Hänfling, B.

Molecular Ecology Resources, **18**, 1102-1114 (2018).

Reviewed by S. Fukagawa

環境 DNA (eDNA) は、迅速で非侵襲的な生物多様性モニタリングのための有望なツールである。しかしながら、水環境サンプル中の eDNA 濃度は低く、ろ過による補捉・濃縮が必要となる。そこで本研究では、種類と孔径が異なるろ紙を用いることによって、eDNA 補捉効率とメタバーコーディング解析結果に与える影響の違いについて評価した。試料は、2015 年 8 月に英国ノッティンガムにおける 4 つの人工養殖池で採水した。各試料について、異なる孔径の混合セルロースろ紙 (0.45 μm , 0.45MCE; 0.8MCE; 1.2MCE), 0.45 μm の Sterivex - HV PVDF ろ紙, プレフィルターとして 20 μm の定性セルロースろ紙 (PF) を用いた PF_0.45MCE, および PF の 6 種類のろ過方法によって、それぞれ 300 mL を 5 反復で通水した。その後、PowerWater DNA Isolation Kits を用いて DNA 抽出を行い、NanoDrop ND-100 分光光度計によって総 DNA 濃度を測定した。また、メタバーコーディング解析を行い、養殖池に存在する魚類種を検出した。それぞれのろ過方法における反復間の変動を評価するために、魚類種の相対存在量に基づく Horn 類似度指数を計算した。その後、ろ過方法間におけるろ過処理時間と Horn 指数の違いを調べるため、Kruskal-Wallis の一元配置分散分析と Dunn 検定を行った。また、ろ過方法間における総 DNA 濃度の違いを調べるため、分散分析と Tukey 検定を実施した。リード数と魚の存在量またはバイオマスとの間の線形相関の有意性は、ピアソンの積率相関係数によって評価した。

孔径の大きいろ紙を用いた場合には、ろ過時間が有意に減少した。一方、孔径が異なることによる DNA 濃度および検出される魚類種についての影響は認められなかった。6 種類のろ紙の中で、0.45MCE は、DNA 回収量や反復間において検出される魚類相対存在量の類似性の点で最も優れていたが、ろ過時間は 0.8MCE と比較して大幅に長くなった。このことから、ろ過時間を踏まえると 0.8MCE が最適なるろ紙であると結論付けた。Horn 類似度指数は、孔径の増加とともに有意に減少したため、孔径の増加が反復間の類似性を減少させることが示唆された。反復測定の平均リード数は、魚類の存在量およびバイオマスとの間に正の相関関係を示した。本研究は、富栄養性かつ魚の密度が高い湖沼で得られた結果である。したがって、魚の密度が低い条件でのろ紙の違いによる eDNA 補捉効率の影響について、さらなる研究が必要である。