



環境DNAを活用した環境情報の高度化に関する共同研究

研究項目2 環境DNAの活用による環境調査の高度化

環境DNAデータを用いた筑後川水系における
魚類のポテンシャルマップ作成に関する研究

株式会社 建設環境研究所



- ✓ 河川行政においては、「流域治水」に関連する法律が施行され、流域単位での環境情報が今後必要となる。例えば、流域内での魚類の分布は環境管理上重要な情報となる。
- ✓ しかし、直轄河川における魚類の分布情報は、河川水辺の国勢調査の調査地点（直轄管理区間の数地点）の情報が主なものとなる。これでは流域全域をカバー出来ない。
- ✓ そこで、本研究では「環境DNA分析」を活用する。環境DNA分析の、従来の捕獲調査と比較したときの特徴として、1地点あたりの調査コストが「低コスト」であることが挙げられる。すなわち、環境DNA分析は、従来調査と比較して低コストであるため、同じコストでも多地点での調査データ取得が可能である。
- ✓ 多地点での魚類分布データがあれば、このデータにより種の生息ポテンシャルマップの作成も可能である。
- ✓ 本研究では、環境DNA分析で確認された魚類について全種の流域における生息ポテンシャルマップを作成する。

研究内容の概要



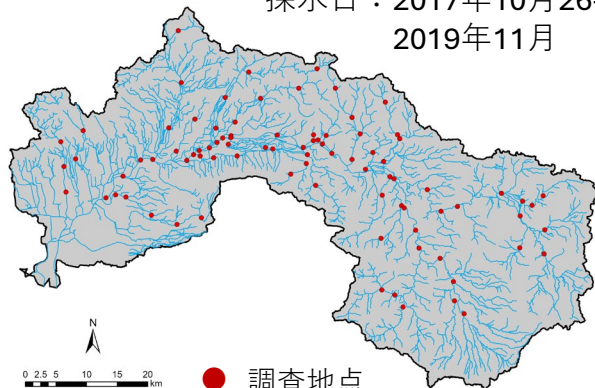
環境DNAを活用した環境情報の高度化に関する共同研究

研究項目2 環境DNAの活用による環境調査の高度化

- ✓ 筑後川水系を対象として、88地点における環境DNAメタバーコーディング（ユニバーサルプライマーMiFish）調査結果を用いて水系における魚類の生息状況を概括的に把握した。
- ✓ 標高や河床勾配、地質条件など魚類の生息分布に影響を及ぼす可能性のある河川的环境条件（15要素）を河川縦断方向に200mピッチで整理した。
- ✓ 筑後川水系で確認された魚類（75種）を対象として各環境条件における在不在情報をもとに一般化線形モデル及びMaxentを用いて生息適地モデルを構築した。
- ✓ 種毎に、生息適地モデルを環境データに適用し、流域各区分（200m区分）におけるその種の出現可能性をマップ化し、ポテンシャルマップを作成した。

環境DNAを用いた魚類の生息状況調査

- ・対象範囲：筑後川流域
- ・魚類の確認データ（環境DNAによる確認）：
採水地点：88地点
採水日：2017年10月26-27日、11月1日
2019年11月



● 調査地点

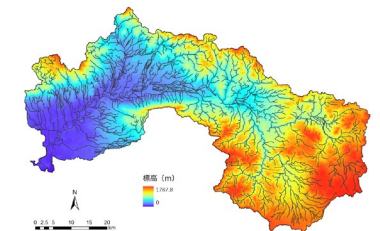


88地点における
魚類の生息種
リスト

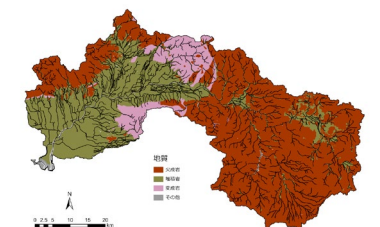
河川的环境条件（15要素）

属性	備考
標高	
河床勾配	200m区間で集計
地質	
日射量	標高から算出
人工構造物	200m半径内 格子数
水田	
畑	
水面	
裸地	
草地	
落葉広葉樹	
常緑広葉樹	
常緑針葉樹	
筑後川大堰	大堰の上流域か下流域か
ダム	ダムの上流域か下流域か

◇河川的环境条件（標高）



◇河川的环境条件（地質）

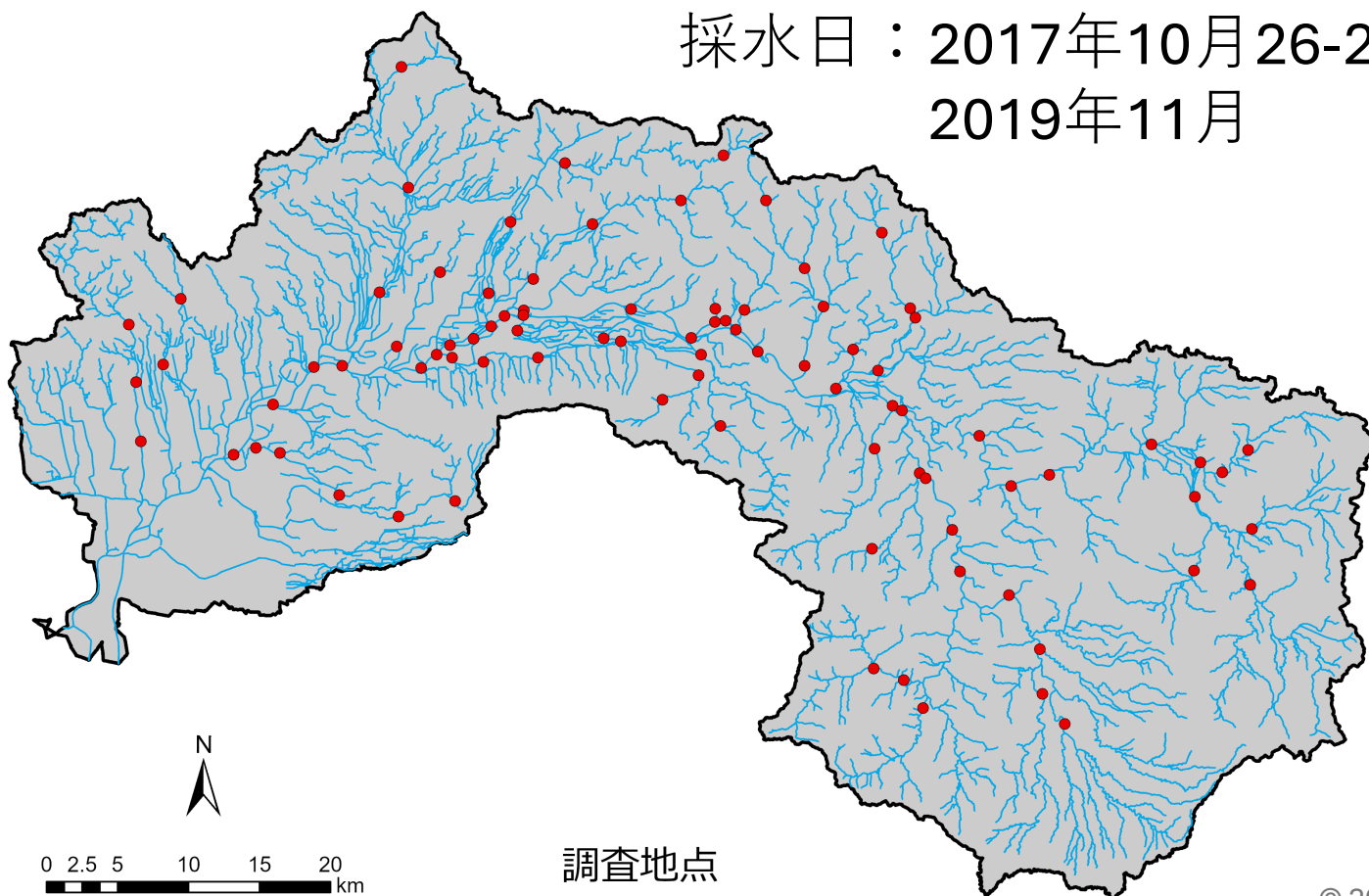


方法 調査地点

- ・対象範囲：筑後川流域
- ・魚類の確認データ（環境DNAによる確認）

採水地点：88地点

採水日：2017年10月26-27日、11月1日
2019年11月



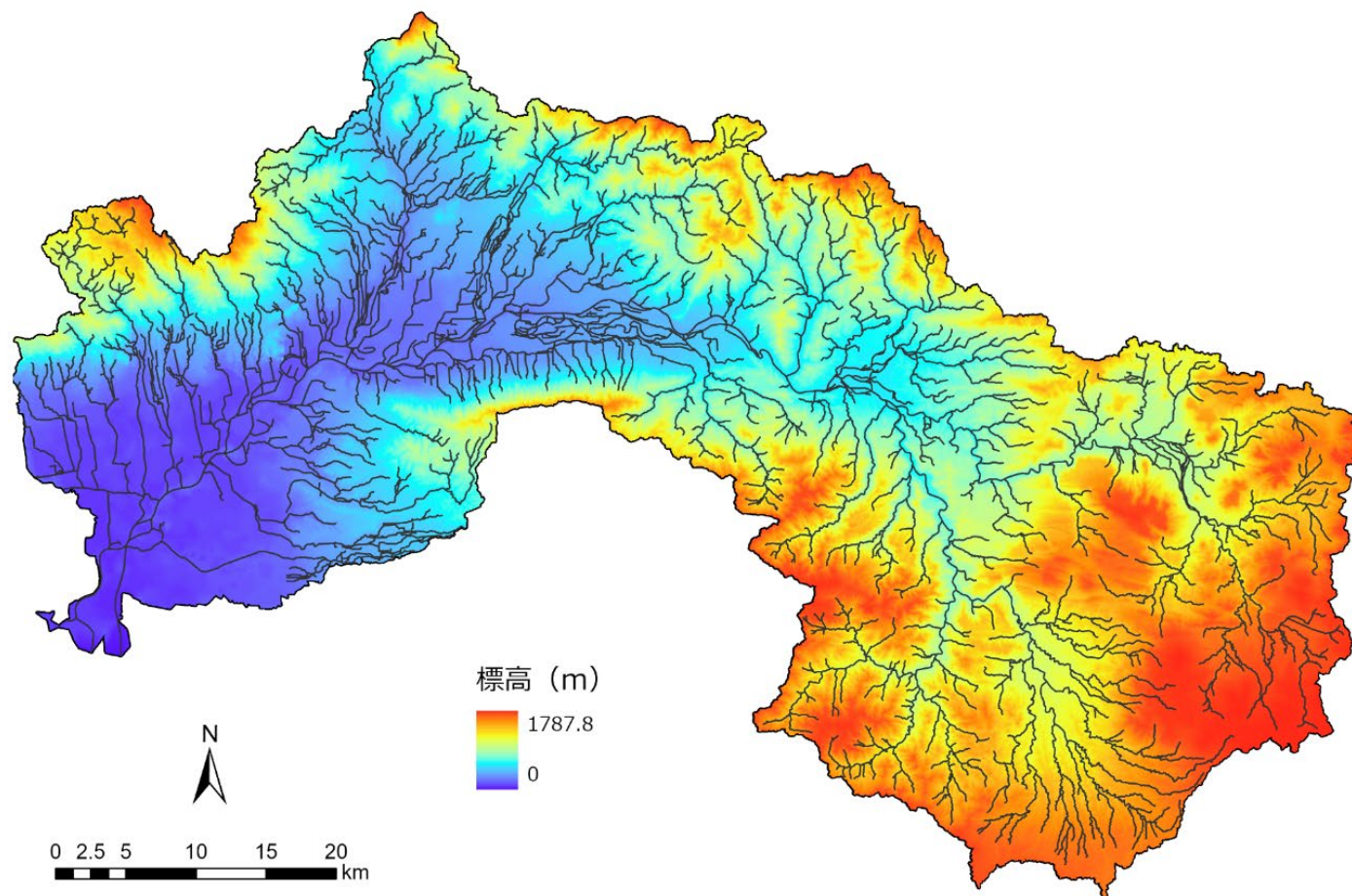
調査地点

- ・ 環境DNA分析：ユニバーサルプライマーMiFish使用
- ・ 生物生息適地モデル
 - ・ 対象種：全75種
 - ・ 使用モデル：①一般化線形モデルGLM
②Maxent
 - ・ 目的変数：種の確認の有無（Maxentの場合は有のみ）
 - ・ 説明変数（環境データ）の候補：次のスライド参照
 - ・ 判別性能の評価：AUC（Area Under Curve）
- ・ ポテンシャルマップ作成
 - ・ 種毎に、生息適地モデルを環境データに適用
 - ・ 流域各区間（200m区間）におけるその種の出現可能性をマップ化

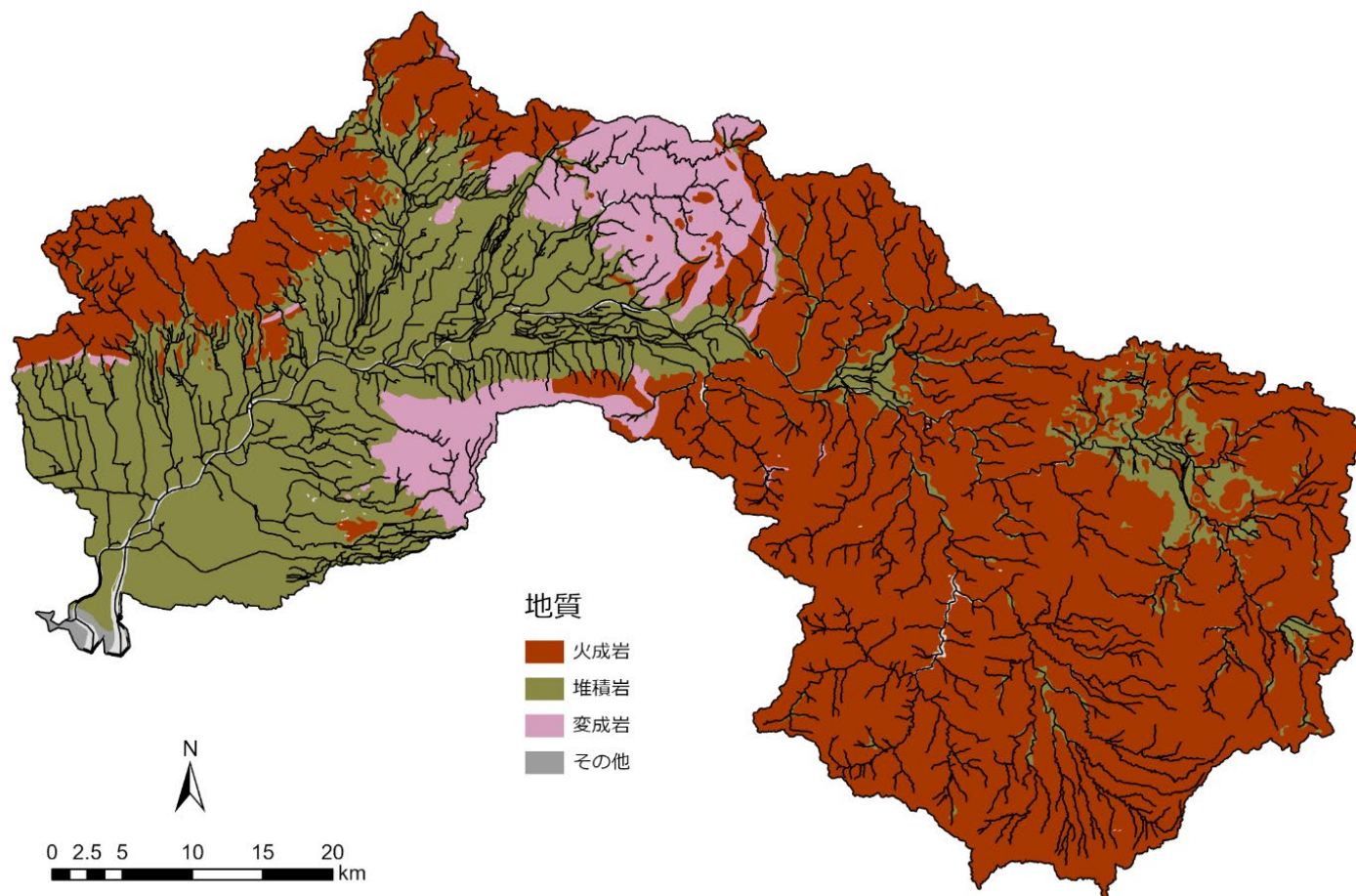
説明変数の候補

属性	備考
標高	
河床勾配	200m区間で集計
地質	
日射量	標高から算出
人工構造物	200m半径内 格子数
水田	
畑	
水面	
裸地	
草地	
落葉広葉樹	
常緑広葉樹	
常緑針葉樹	
筑後川大堰	大堰の上流域か下流域か
ダム	ダムの上流域か下流域か

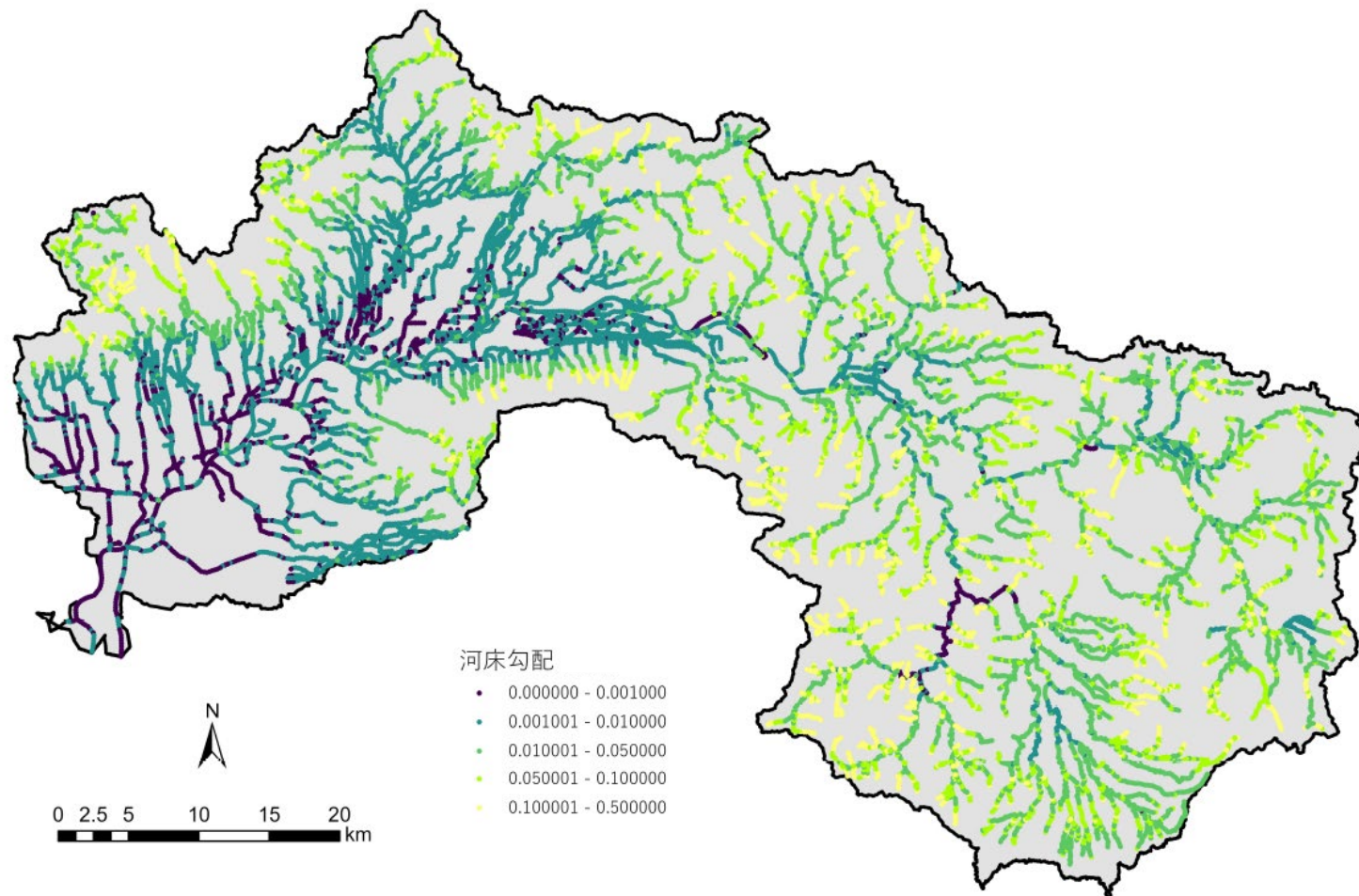
標高



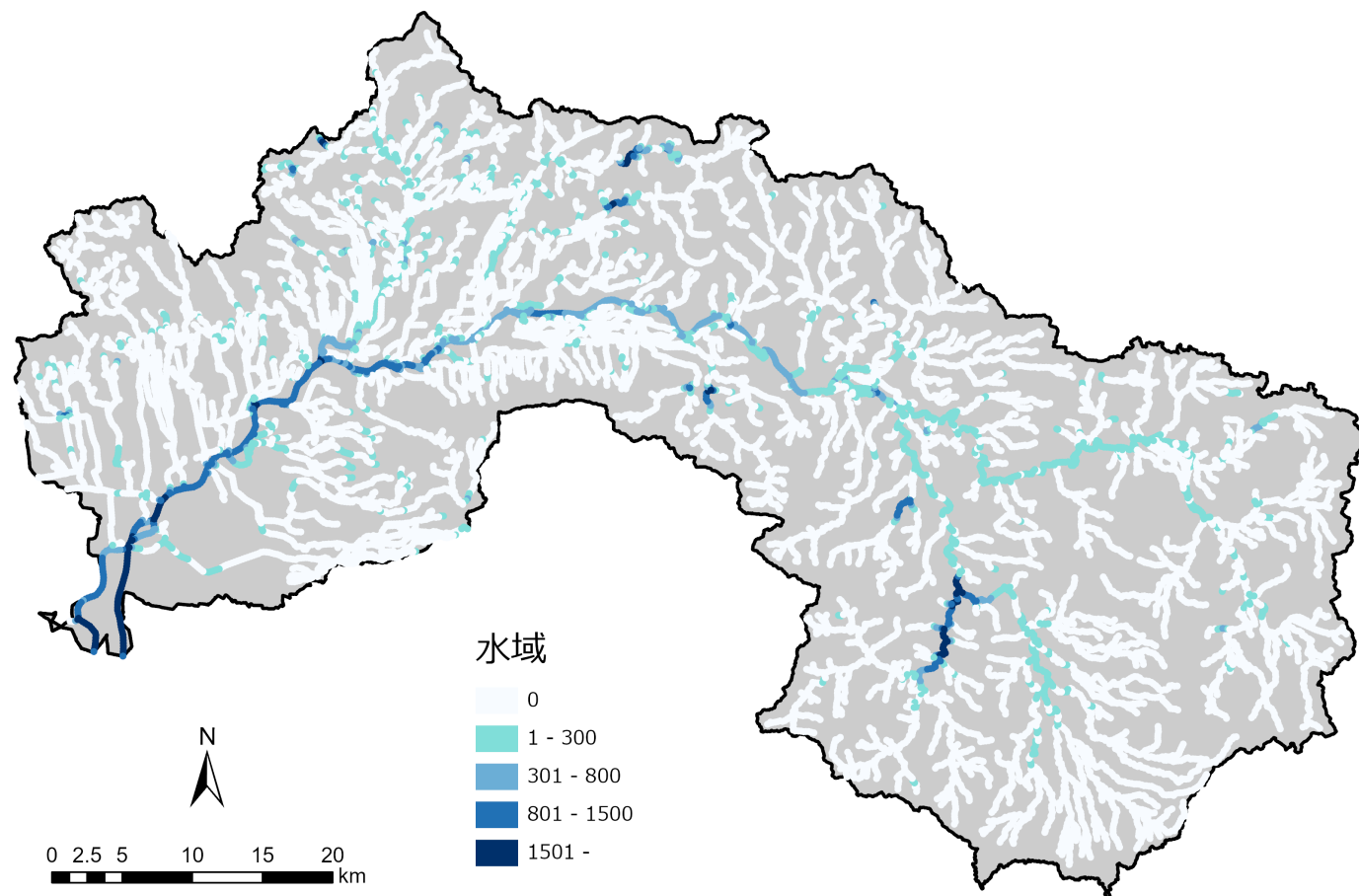
地質



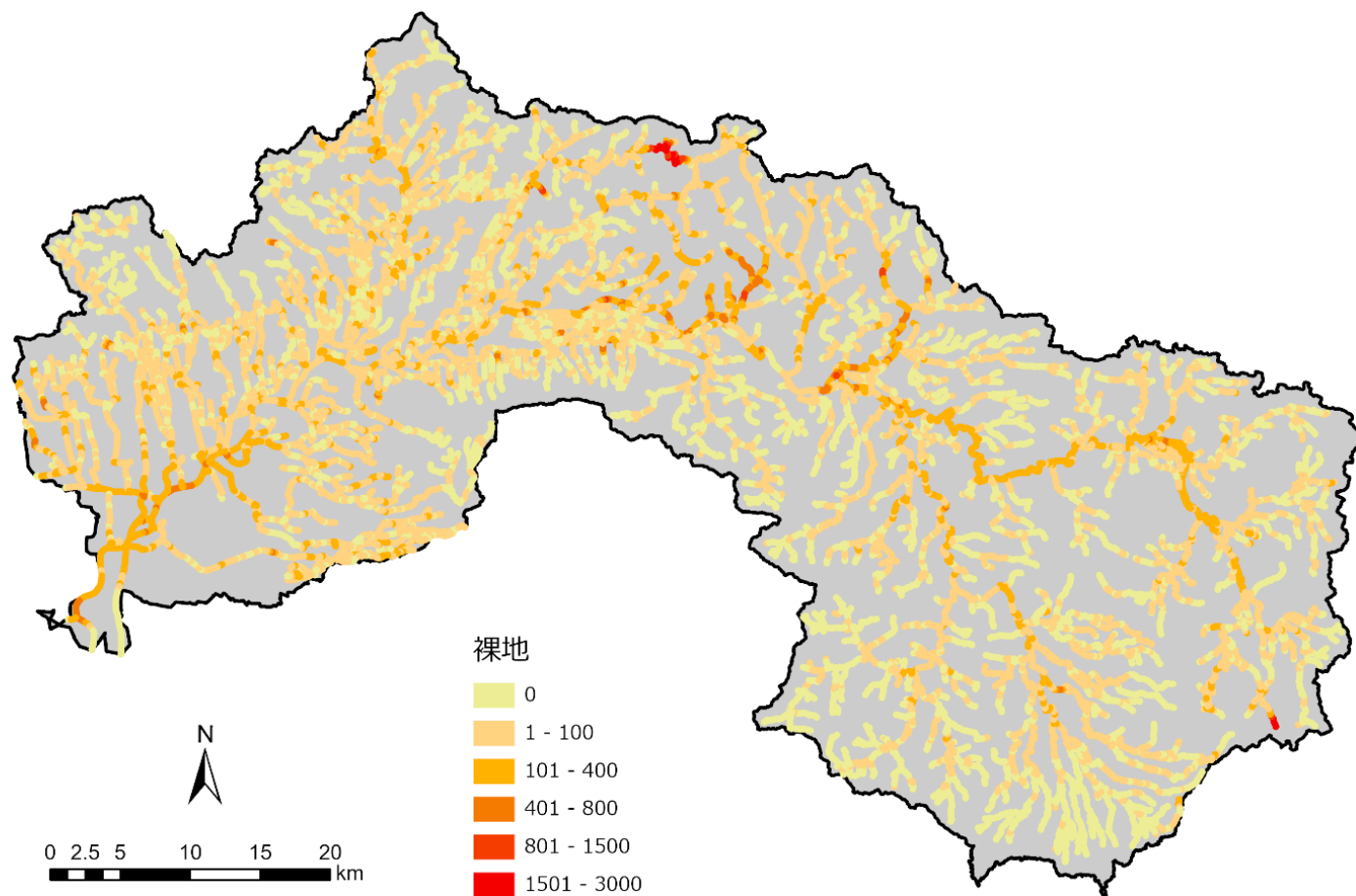
河床勾配



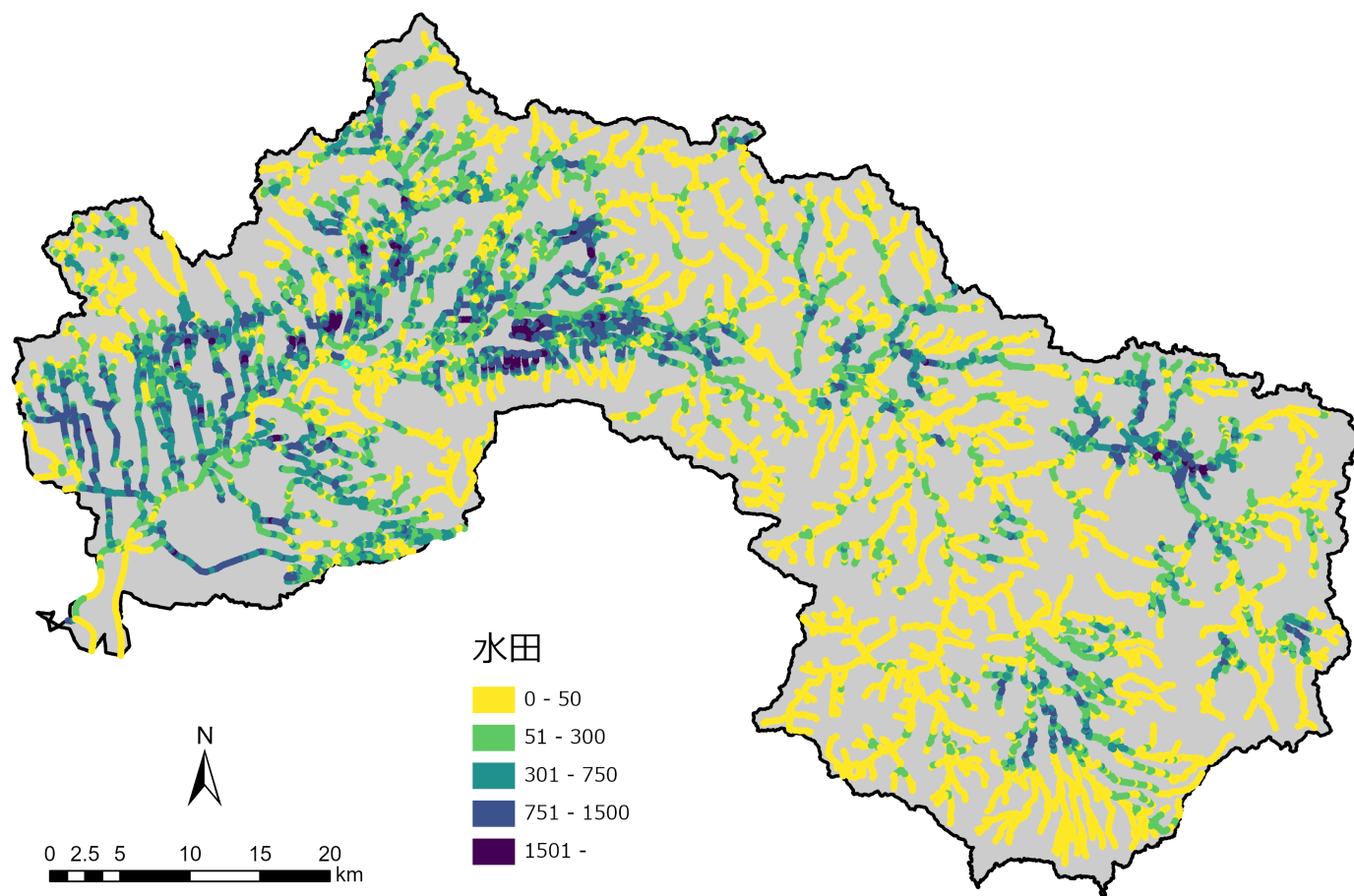
水域



裸地



水田



研究のアウトプット



環境DNAを活用した環境情報の高度化に関する共同研究

研究項目2 環境DNAの活用による環境調査の高度化

ID

科名

種名

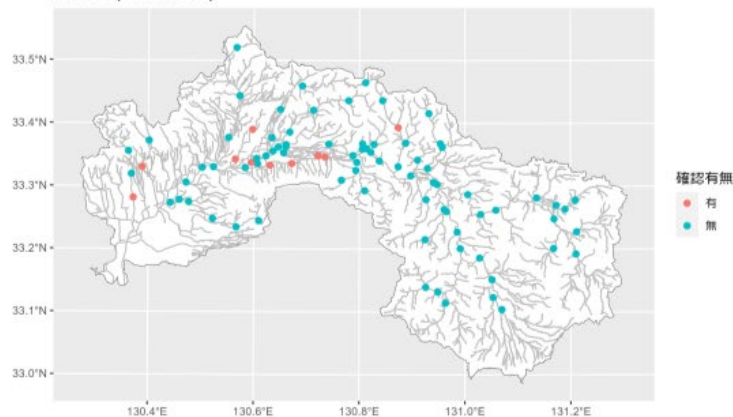
確認地点数

AUC_GLM

AUC_MaxEnt

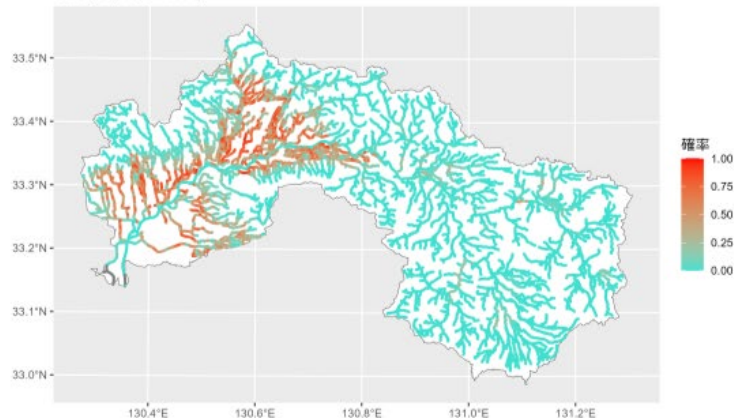
確認_2017_2021

ヌマムツ (10地点確認)



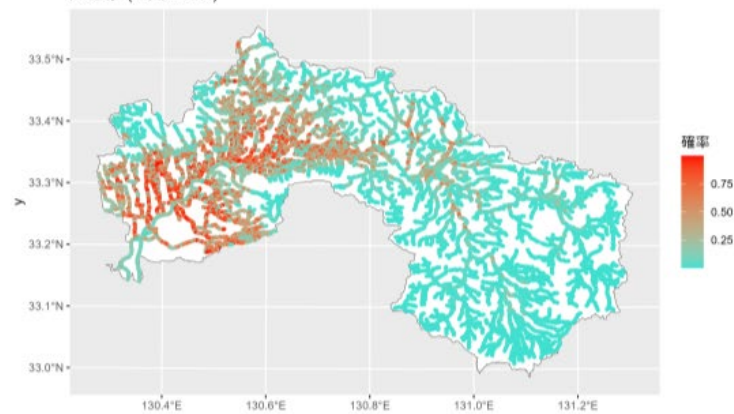
推定_2017_2021_GLM

ヌマムツ (AUC=0.93)



推定_2017_2021_MaxEnt

ヌマムツ (AUC=0.94)



研究のアウトプット



環境DNAを活用した環境情報の高度化に関する共同研究

研究項目2 環境DNAの活用による環境調査の高度化

ID

科名

種名

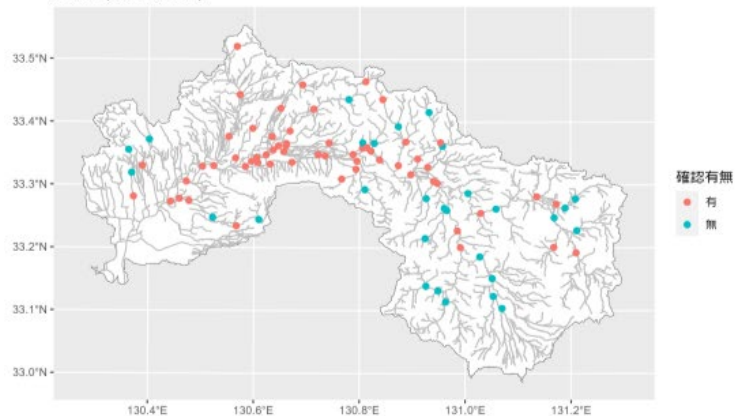
確認地点数

AUC_GLM

AUC_MaxEnt

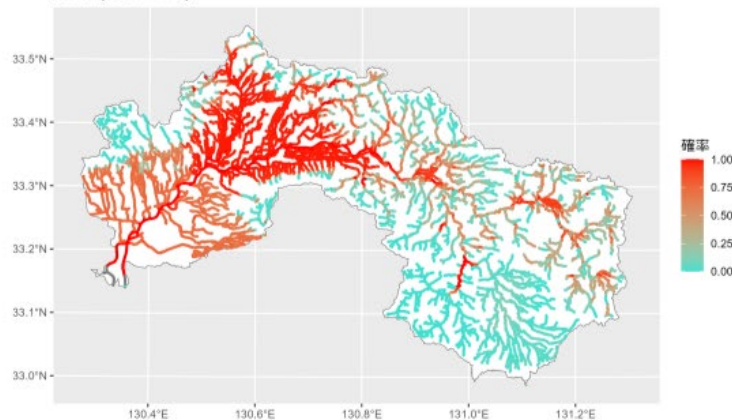
確認_2017_2021

ナマズ (59地点確認)



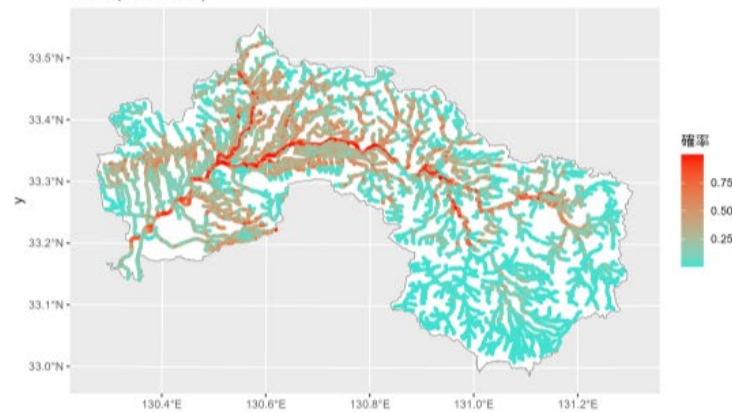
推定_2017_2021_GLM

ナマズ (AUC=0.91)



推定_2017_2021_MaxEnt

ナマズ (AUC=0.88)



研究のアウトプット



環境DNAを活用した環境情報の高度化に関する共同研究

研究項目2 環境DNAの活用による環境調査の高度化

ID

科名

種名



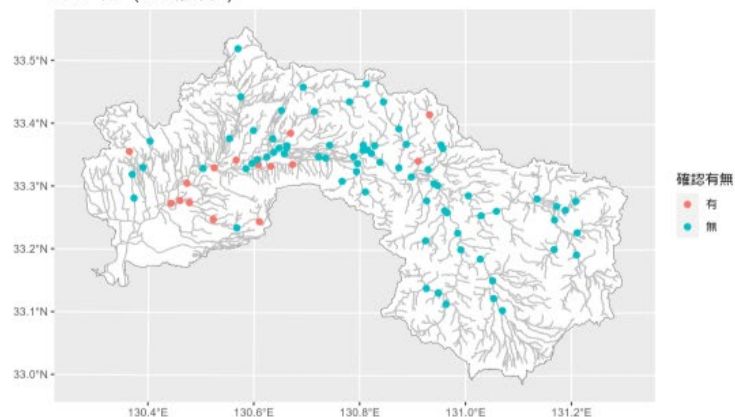
確認地点数

AUC_GLM

AUC_MaxEnt

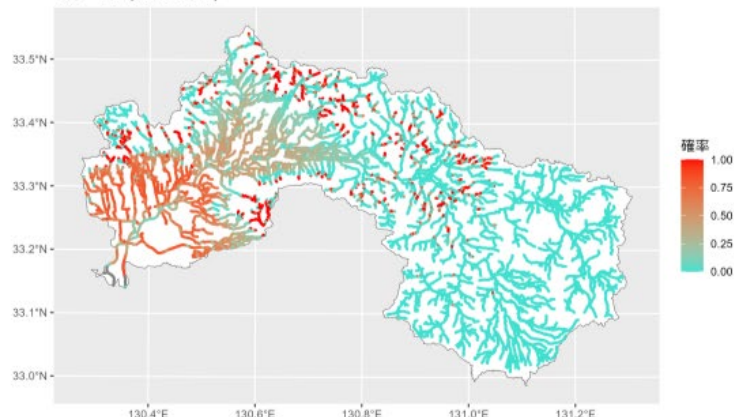
確認_2017_2021

ブルーギル (15地点確認)



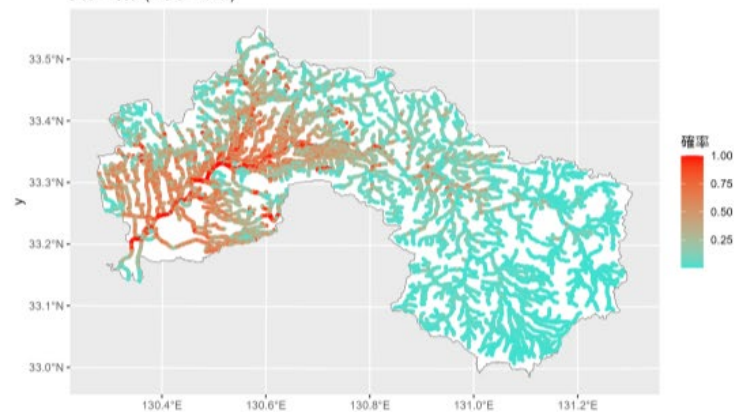
推定_2017_2021_GLM

ブルーギル (AUC=0.91)



推定_2017_2021_MaxEnt

ブルーギル (AUC=0.92)



研究のアウトプット



環境DNAを活用した環境情報の高度化に関する共同研究

研究項目2 環境DNAの活用による環境調査の高度化

ID

科名

種名

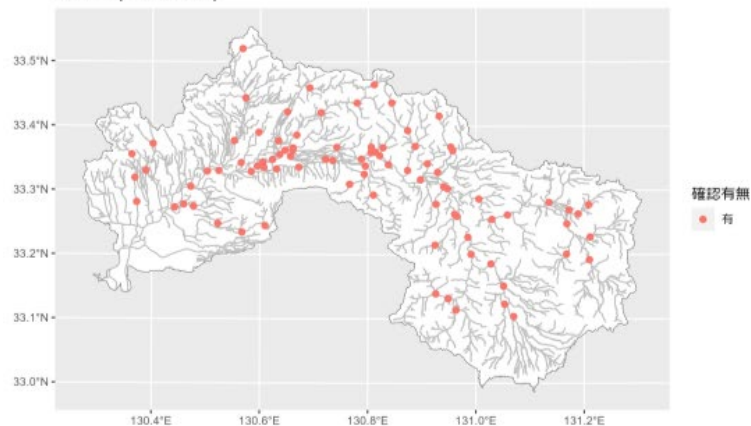
確認地点数

GLM_eDNA

AUC_MaxEnt

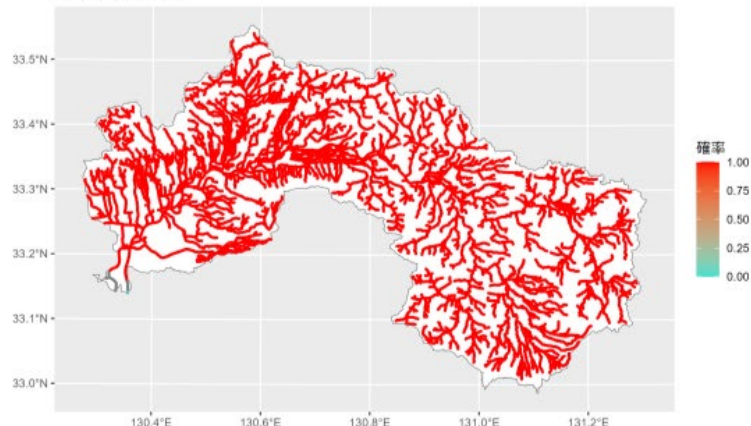
確認_2017_2021

オイカワ (88地点確認)



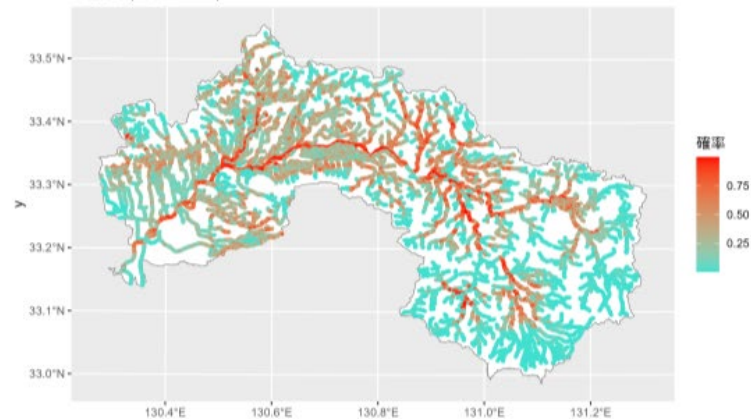
推定_2017_2021_GLM

オイカワ (AUC=1)

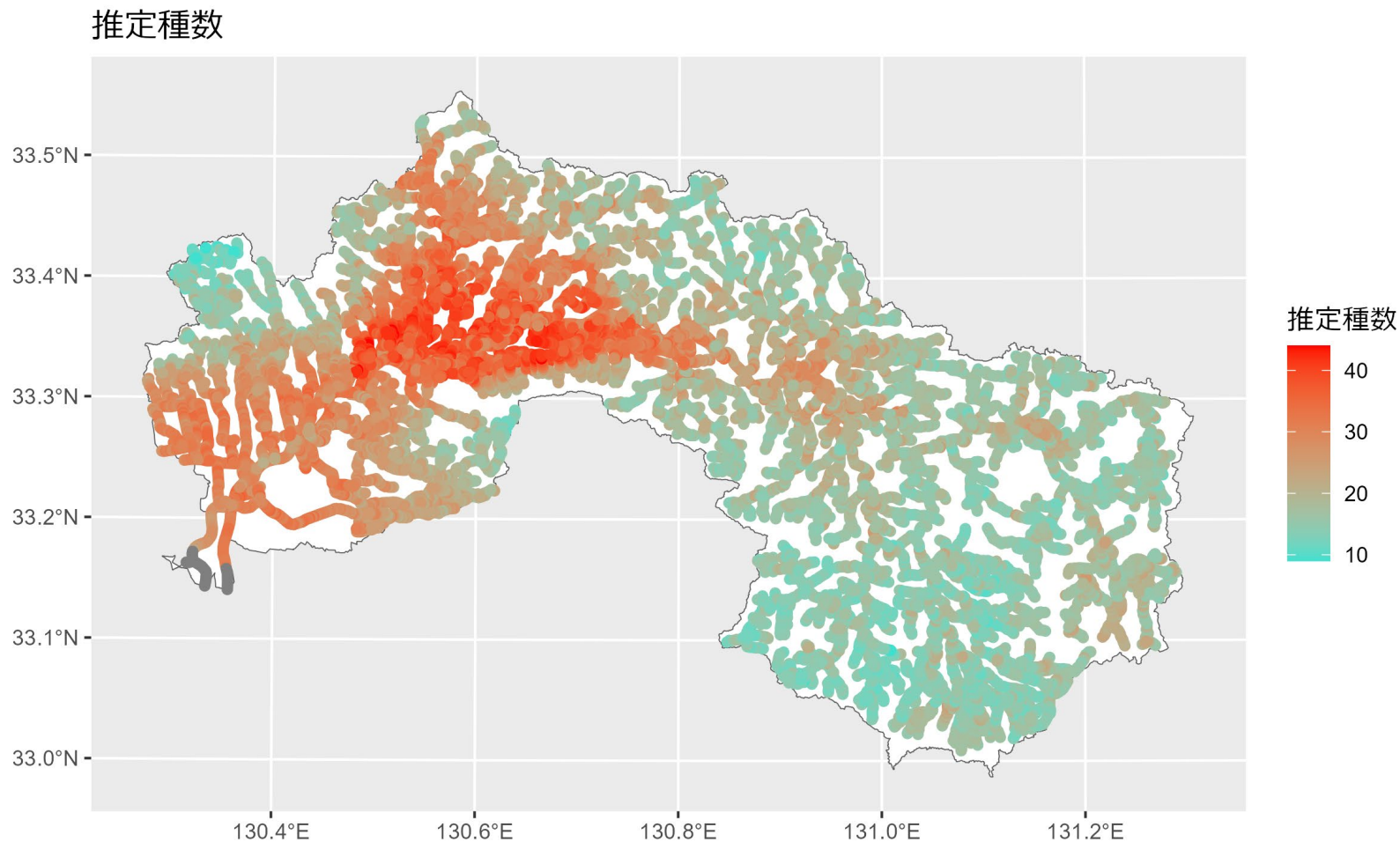


推定_2017_2021_MaxEnt

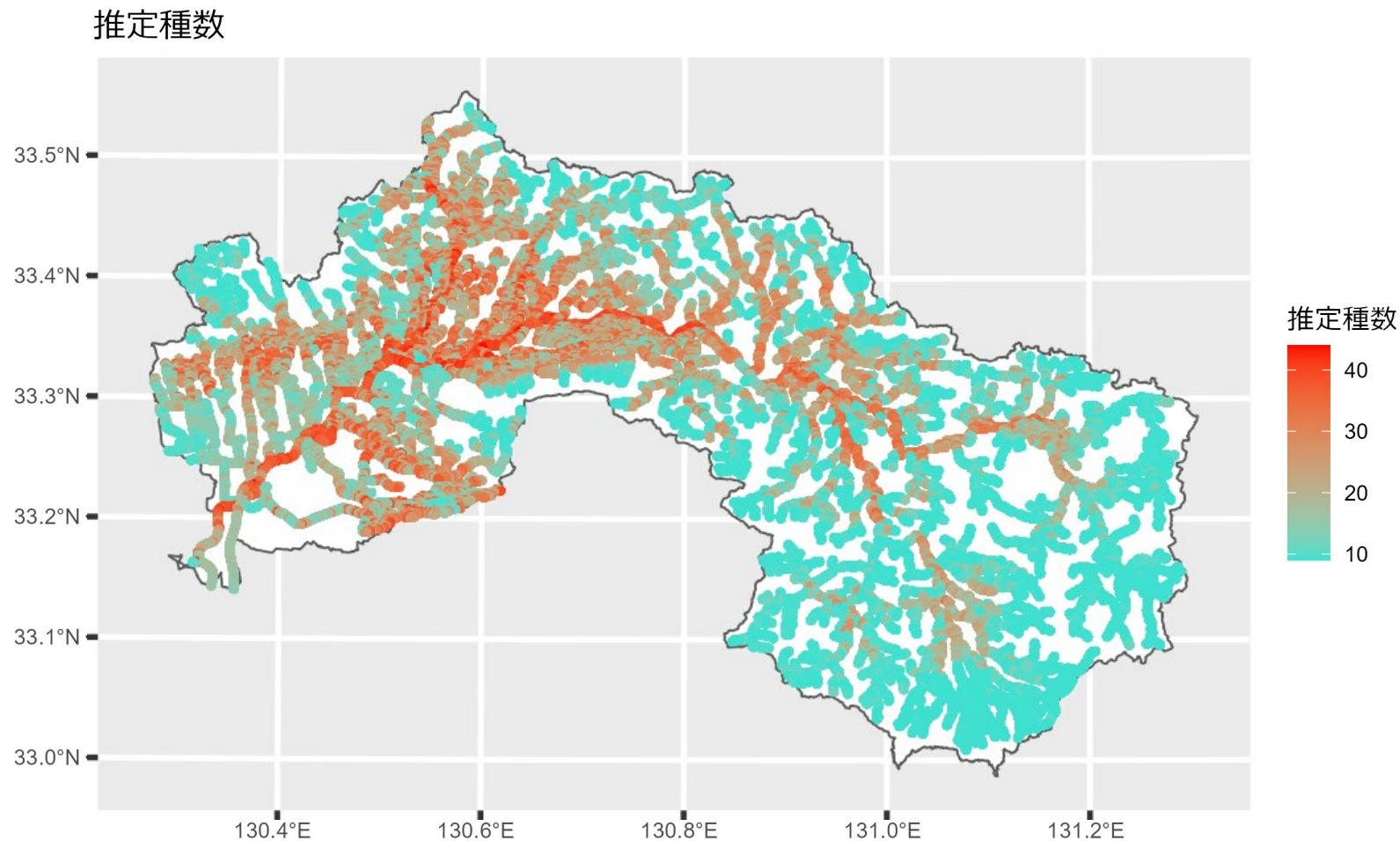
オイカワ (AUC=0.86)



推定種数： GLMによる推定結果より

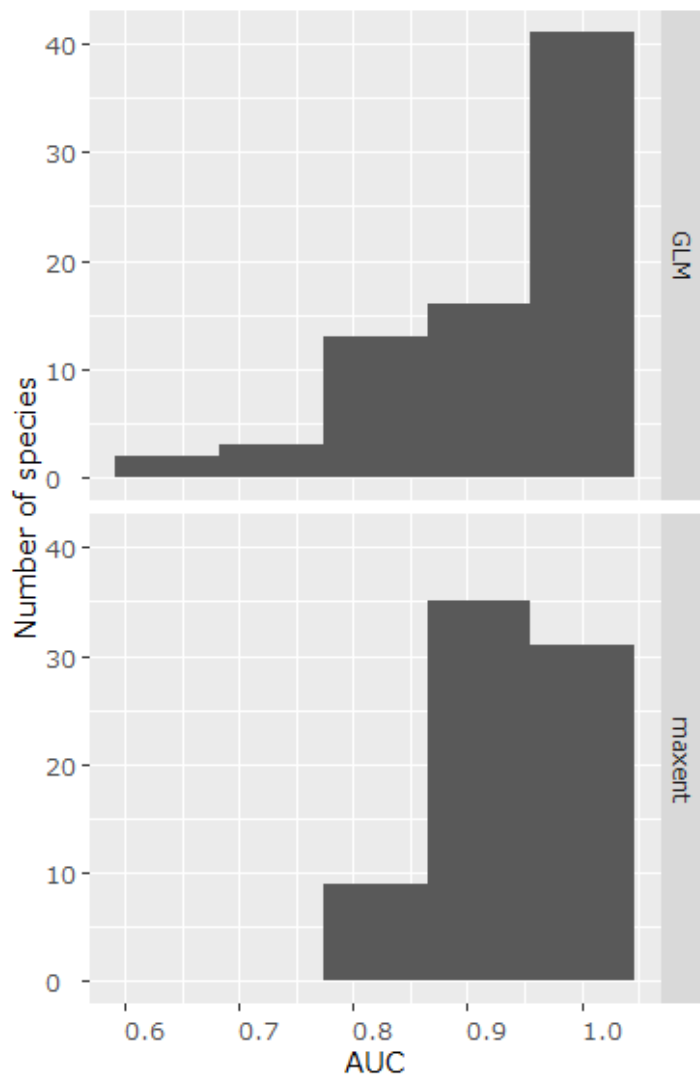


推定種数： Maxentによる推定結果より

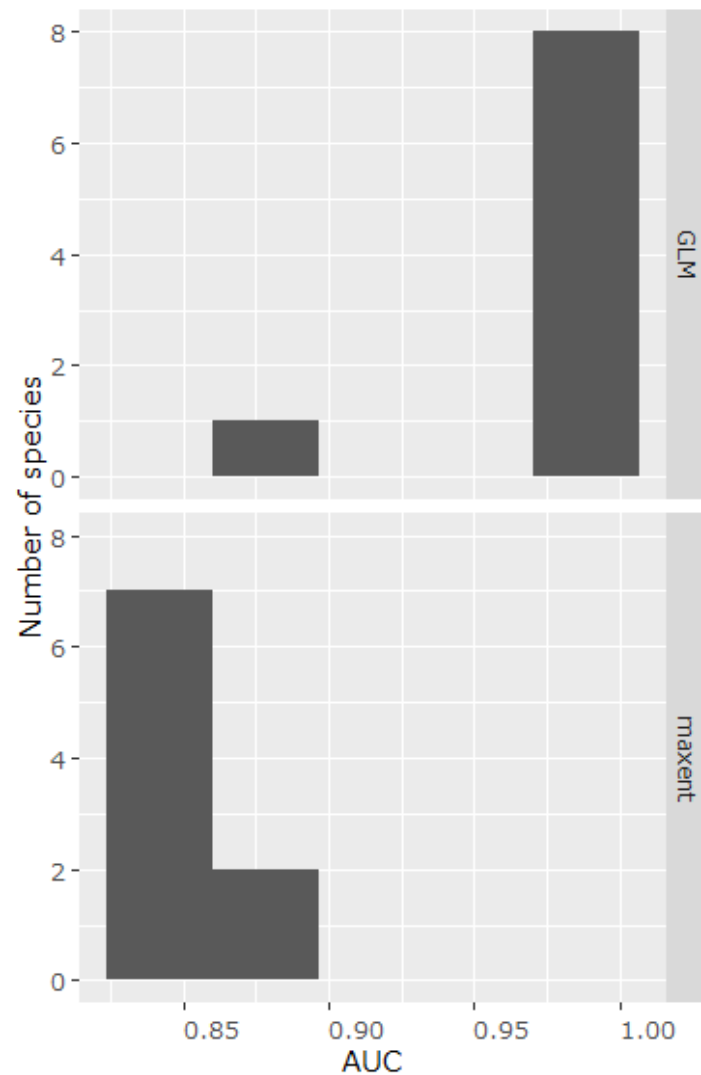


種別のモデルのAUCの頻度分布

全種（75種）



確認地点数75以上の種（9種）



研究結果のまとめ



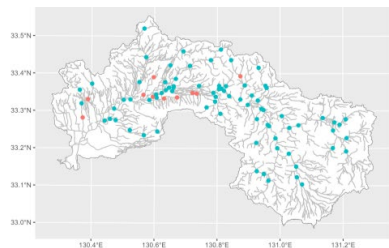
環境DNAを活用した環境情報の高度化に関する共同研究

研究項目2 環境DNAの活用による環境調査の高度化

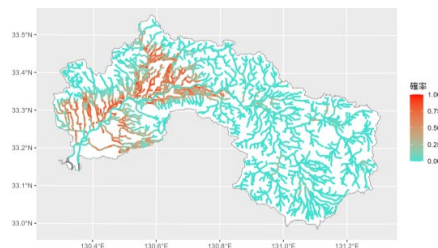
- ✓ 筑後川水系における環境DNA調査結果と関連する環境データセットをもとに、確認された魚類**75種**の生物生息適地モデルを構築した。
- ✓ 種毎のモデルの予測結果は、**GLM**と**Maxent**で多くの種で同様の傾向を示した。一方で確認地点が多い種（88地点中75地点以上で確認された9種）で**GLM**は流域全域で高いポテンシャルを示す結果を示し、**Maxent**は採水地点より上流側では低いポテンシャルを示した。
- ✓ R言語のプログラムにより**GLM**と**Maxent**の2つの手法により全75種のポテンシャルマップを自動的に作成することを可能にした。

確認された魚種毎の生息適地モデル（コイ科ヌマムツ）

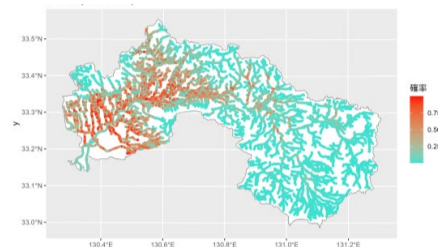
◇環境DNAによる確認箇所



◇一般化線形モデル（GLM）

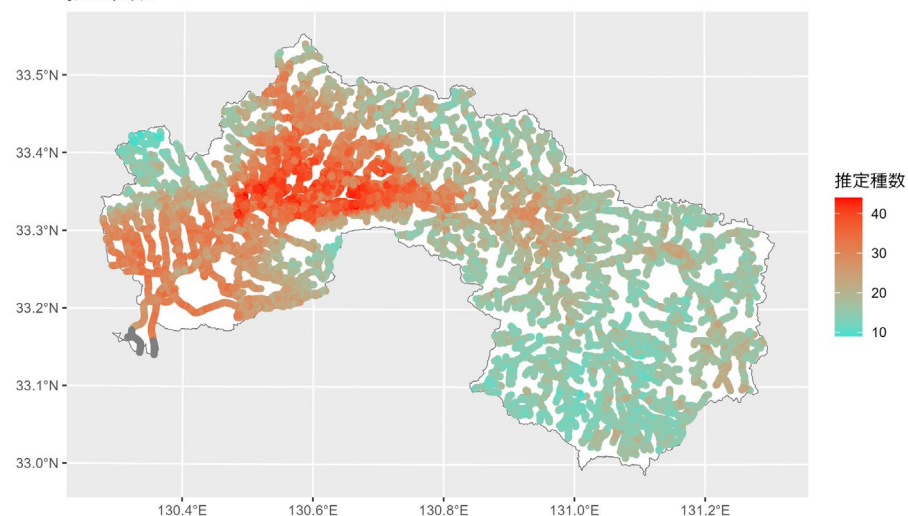


◇Maxent.



推定種数： GLMによる推定結果

推定種数



1. Franklin, J. : Mapping species distributions. Cambridge University Press, 2007
2. Guisan, A., W. Thuiller, and N. E., Zimmermann : Habitat suitability and distribution models. Cambridge University Press, 2017
3. Ishiyama, N., M. Ryo, T. Kataoka, S. Nagayama, M. Sueyoshi, A. Terui, T. Mori, T. Akasaka, and F. Nakamura: Predicting the ecological impacts of large-dam removals on a river network based on habitat-network structure and flow regimes. Conservation Biology, Volume 32, 2018
4. 遠山貴之, 鬼倉徳雄, 光益慎也, 齋藤康宏 : 一級水系流域における魚類分布予測モデルの構築と多自然川づくり支援システムの開発, 河川技術論文集25巻, 2019