

# 生物多様性研究を効率化する 計算ウェブページの開設

高田宜武 (資源環境部・浅海環境グループ)  
内田基晴 (瀬戸内海区水産研究所・生産環境部)



生物群集の組成データを使って、多様度指数と群集解析法の解説と計算サービスを行うウェブページを開設しました

## 【はじめに】

日本近海は生物多様性のホットスポットの一つと考えられている。特に沿岸域は生産性が高く、人間にとって利用可能な種も多い。生態系の中で人間が利用している種はごく一部であっても、バランスを欠いた利用が生態系全体に影響を与える可能性がある。2010年に名古屋で開催された生物多様性条約第10回締約国会議では、愛知目標が設定され生物多様性と生態系サービスという概念が市民権を得た。これを受けて2012年には農林水産省生物多様性戦略が改訂された。しかし、生態系が多面的な機能を有するように、生物多様性の評価手法も多面的である。評価手法の一つである多様度指数にも多くの指数が提案されており、実務レベルではどの指数を選択すべきか悩ましい問題である。このような状況下で、指数の計算にかかる手間を大幅に簡略化できれば、選択に悩む前に一先ず計算して数値を得てから指数を比較することが可能となり、業務が大幅に効率化できると考えられる。

水産庁委託の「漁場環境生物多様性評価手法実証調査事業」(H25-H29年度)の目的の一つに、簡易な生物多様性評価手法を開発するという項目がある。そこで、多様度指数と群集解析の手間を軽減させるために、事業成果の一環としてインターネット上にて解説と計算サービスを行うウェブページ (<http://jsnfri.fra.affrc.go.jp/gunshu/>) を開設することとなった。

## 【ウェブページの構成】

ウェブページは「Rによる群集組成の解析」(注：Rは無償の統計処理ソフト)と題し、群集データの解析方法を解説したページと、利用者がデータをアップロードすることによって画面上で結果を得ることのできる計算ページからなる。これは、上記水産庁事業の成果を還元するウェブページの一部であり、全体のフロントページは瀬戸内海区水産研究所HP (<http://feis.fra.affrc.go.jp/seika/tayousei/>)にある。解説ページ・計算ページともに群集データを活用したい人を主に対象にしている。群集データとは、複数の地点で生物群集の調査をして得られたデータを想定し、各地点で或る種が何個体、別の種が何個体…という形式のデータである。

解説ページでは、統計ソフト「R」のコマンドの使い方と、

コマンドで計算された出力の見方が、解析の流れ(図1)に沿って4項目に分けて説明されている。1番目は「多様度指数の比較」で、群集組成の複雑さの指標となる幾つ

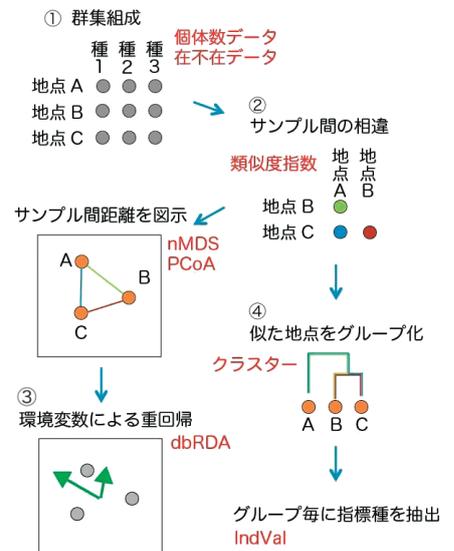


図1. 群集データ解析の流れ図

かの多様度指数を計算し、それら指数の比較方法を説明している (図1①)。2番目は「群集組成による配置図：間接傾度分析」で、群集間の類似度を計算し、多次元尺度法という方法を用いて群集組成の良く似た地点同士は近くに、似ていない地点同士は遠くなるように空間上に地点を配置して図示する方法を説明している (図1②、図2)。3番目は「群集組成と環境変数の関連：直接傾度分析」で、dbRDAという方法で群集組成の違いを各地点の環境変数で重回帰する方法を説明している (図1③)。最後の4番目は「群集の類別と指標種の抽出」で、クラスター分析と指標種の抽出方法を説明している (図1④)。

**【計算サービスの使用法】**

計算ページは2つあり、多様度指数と群集組成の類別の計算を行う。どちらも利用者自身の群集データ (csv形式のファイル) を用いて計算結果を画面表示することができる。csvファイルはデータがコンマ (,) で区切られたファイルで、エクセル等の汎用表計算ソフトで作成できる。一行目がインデックス、2行目以降がデータで、1列目は地点名、2列目以降に生物の個体数を並べる。多様度指数の計算ページにファイルをアップロードすると、各地点の4種類の多様度指数 (種数、シャノンの多様度指数、シンプソンの多様度指数、最優占種占有率の逆数) と地点全体の多様度を示す  $\alpha$   $\beta$   $\gamma$  多様度指数を計算し、数値とグラフの表示を行う (図3)。これらの多様度指数は表計算ソフトでも計算可能だが、入力ミス等の確認が必要だ。Rでの計算方法は解説ページに記している。また、 $\alpha$   $\beta$   $\gamma$  多様度指数の計算は少々面倒なので、当計算サービスの活用をお勧めしたい。

多様度指数は群集組成の複雑さを数値化したものである。群集のある種に注目したとき、その種の個体数が全体の総個体数に占める割合が高い種もあれば、低い種もある。割合の高い種を優占種、低い種を希少種と呼ぶことにすると、希少種も優占種も同等に一種ずつと数えた場合に「種数」という多様度指数を得る。言い換えると、全

**群集間の類似度を計算し、nMDSプロットを作成**

nMDSは非計量多次元尺度法と呼ばれます。多次元で表された多数の点を、お互いに類似した点同士は近く、類似していない点同士は遠くなるように、なるべく低い次元 (二次元平面など) に配置し直す方法です。群集データの場合は、地点間の類似性は類似度指数で表します。

あらかじめ require(vegan) にてveganパッケージを読み込みます。veganには群集の多変量解析に便利な関数が含まれています。群集データをファイルから読み込みます。以下の例ではcsvファイルから読み込んでいます。header=TRUE を明示して種名を読み込んでいます。また、地点名を行の名前にするために row.names=1 を指定します。

```
dat <- read.csv("spcdat.csv", header = TRUE, row.names=1)
```

次に、metaMDS() で類似度指数を指定して、nMDSの計算を行い、結果を図示します。以下の例ではMorisita-Horn類似度を用いています。

```
res1.mds <- metaMDS(dat, distance="horn", autotransform = FALSE, trace = 0)
plot(res1.mds, type="t", display="sites")
```

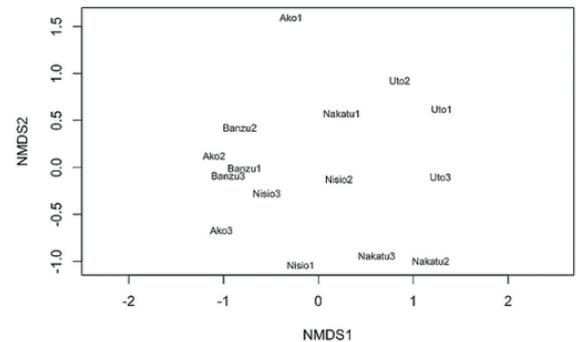


図2. 解説ページの一部。Rのコードが灰色地で掲載されている

**多様度指数の計算**

群集組成を記述した地点×種の個体数のcsvファイルから、各地点の多様度指数 (種数、Shannon多様度の指数、逆数のSimpson多様度、最優占種占有率の逆数) と地域の  $\alpha$   $\beta$   $\gamma$  多様度を計算します。入力用csvファイルの形式は、2行目以降の各行が各地点のデータで最初が地点名、2番目以降が各種の個体数です。1行目は最初が地域名、2番目以降が種名ですが計算には使われないダミーです。なお、計算値の利用は利用者の責任でお願います。

多様度指数の計算をします。参照ボタンでcsvファイルを開いてください  
===== (中略) =====

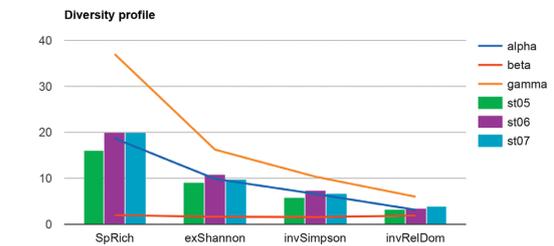


図3. 多様度指数計算ページの一部。利用者がデータをアップロードすると計算数値とグラフがウェブ上に描画される

種のウェイトを1として数え上げたのが「種数」である。逆に、もっとも割合の高い最優占種のみ注目し、割合が二位以下の種を無視した場合に「最優占種占有率の逆数」という多様度指数を得

る。このとき、最優占種にはその優占率の逆数をウェイトとし、二位以下はウェイトをゼロとおいて数え上げたと考えればよい。シャノンとシンプソンの多様度はこれらの中間で、優占種のウェイトは1よりやや高く、希少種のウェイトは1より低い。シャノンとシンプソンではシャノンの方が希少種のウェイトが高いので、多様度指数に希少種の情報も含めたいが、希少種と優占種を同等に扱うほどではないという場合にシャノンの多様度指数を選択して利用すれば良い。ただし、希少種は調査の努力量が少ないと見落としやすいので、種数やシャノンの多様度指数の様に希少種のウェイトの高い多様度指数は信頼性が劣る場合がある(高田・手塚、2016)。図3の例では、st06とst07の種数はいずれも20で等しいが、最優占種占有率の逆数はst07の方がst06よりも大きいので、st07の最優占種はst06の最優占種よりも占有率が少し低いことを示している。

群集組成の類別の計算ページでは、データをアップロードしたのち計算方法(非類似度、データ変換、および組分けクラスター数)を選択する。すると、非計量多次元尺度法(nMDS)で求めた地点毎の群集の二次元配置図と、類似した群集を持つ地点同士を色分けしたクラスターが描画される。

### 【サイトの閲覧状況】

多様度指数の計算ページは2016年から試験的に公開し、利用者の意見を取り入れつつ内容の充実を図ってきた。2017年の10月から11月の2ヶ月間の閲覧状況をみると(図4)、一日平均16回の閲覧があり、最大は34回閲覧されていた。

### 【おわりに】

本ウェブページの特徴は、解説と計算サービスの両方が組み合わせられていることである。科学的なデータの解析では、解析方法をよく理解しないと、結果の解釈で戸惑う場合がある。そうした場合には、計算サービスの結果を見てから解説

ページを見直して考察を深めることができる。一度計算して具体的な結果を得てみると、解説の理解が進む場合もある。最近ではRによるデータ解析法を解説したウェブページが増えているが、解説と計算サービスを組み合わせることで、より利用者の便宜が向上するだろう。また、計算内容を理解している利用者は、計算サービスだけを何度も利用するのが効率的である。より理論的な解説については専門書を参照してほしい。干潟漁場に関連する現実的な問題については、海洋と生物(227)に解説記事があり、事業成果のウェブページ全体(<http://feis.fra.affrc.go.jp/seika/tayousei/>)では、沿岸漁場の生物多様性評価に関して包括的に扱っている。ただし、計算値等の利用は各利用者の責任でお願いする。

ウェブページ開設の契機となった事業は終了するが、ページ自体のメンテナンスは継続していく予定である。Rの仕様の変更に伴ってコードの記述や入出力方法が変わる可能性があり、その場合は順次対応していきたい。何よりも利用者の声を聞きながら、より使いやすいものに上げていきたいと考えている。

### 【引用文献】

高田宜武, 手塚尚明, 2016: 干潟漁場における多様度指数. 海洋と生物, 38(227), 633-640.

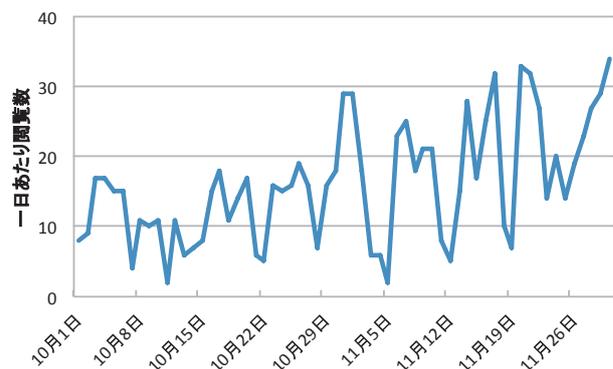


図4. 多様度指数計算ページの閲覧状況  
2017年10月から11月までの2ヶ月間の一日毎の閲覧数。