

## 審 査 の 結 果 の 要 旨

氏 名 谷口 昇志

個体群や群集の時空間構造は、地質学的な時間軸で生じる歴史的なイベントと、主として年単位で生じる生態系の短期的な変動によって規定される。前者を扱った研究は特に生物地理学と呼ばれている。本論文では、日本列島の地形や海洋環境など物理的な要因を背景に、時間的・空間的に様々なスケールで展開する魚類個体群の構造に焦点を当てた。日本列島に生息するニホンウナギと純淡水魚を対象に、日本列島に生息する魚類個体群の時空間構造の長期的・短期的変動を分析することを目的に分析を行った

### 1. ニホンウナギ仔魚の来遊量に関する時空間変動

ニホンウナギは西マリアナ弧で産卵し、孵化した仔魚は黒潮によって日本列島や台湾など生育場へと輸送される。来遊した仔魚はシラスウナギと呼ばれ、養殖用の種苗として各地で採捕される。これまで、シラスウナギ来遊量の多寡を決定する要因として地球温暖化などの気候の影響が重視されてきた。一方、先行研究では海洋気象に左右される海流などの要因がニホンウナギの来遊プロセスに与える影響の機序が明確化されていないという問題点があった。

そこで本研究では、来遊プロセスにおいて極めて重要な役割を果たす黒潮の効果に注目し、3つの仮説を立てた。一つ目は、加入はランダムに発生し、西から東へと流れる黒潮に沿って来遊量が東西方向に勾配をもつ、というものである（東西勾配仮説）。黒潮の上流にあたる鹿児島県や宮崎県では多くの個体が加入するが、下流にいくにしたがって黒潮中のシラスウナギ個体が減少し、来遊量も少なくなると想定した。二つ目は、黒潮流量が増加すると産卵場から輸送される個体数が増加し、来遊量が増えるというものである（黒潮流量仮説）。そして三つ目は、黒潮離岸距離が与える影響である（黒潮離岸距離仮説）。

まず、1976年から1996年にかけての主要9県における単位努力量あたり漁獲量(CPUE)を算出し多重比較法による検証を行った結果、東西勾配仮説は棄却され、静岡県で来遊量が顕著に多かったことがわかった。次に、黒潮流量仮説と離岸距離仮説の検証を実施した。気候変動や環境の劣化などの影響をコントロールするために、県ごとにCPUEのトレンドの影響を取り除いて年次変動成分を抽出することで標準化CPUEを求めた。黒潮流量および離岸距離の標準化CPUEに与える影響の時空間変動、およびそれでは説明のつかない残差項の時空間相関を統計的にモデリングし、回帰分析を行った。その結果、黒潮の流量は県をまたいで共通にシラスウナギの来遊

を左右することが示唆された。一方、離岸距離の効果は時空間的に変動し、プラスに作用するときもあればマイナスに作用することもあることが明らかになった。有意な変量効果の背後には産卵場における年変動など、黒潮流量と交互作用する未知の要因があることを示唆している。

## 2. 純淡水魚の生物地理

純淡水魚の生物地理研究において、現在では多くの場合、DNA 塩基配列から分子系統樹を推定し「クレード」と呼ばれる単系統の集団を検出し、クレードの地理的分布を検証する。こうした分子系統地理学的研究において、拡散モデル(diffusion model)、島モデル(island model)、階層的分岐モデル(hierarchical vicariance model)、網状モデル(reticulate model)などのモデルが提案されてきた。日本国内の純淡水魚を対象とした系統地理研究でも、山脈の形成による生息地域の分断と遺伝的分岐、海面低下に伴う複数水系の接続と遺伝的交流といった観点で分析が進められてきた。

本研究ではまず、日本列島を含む東アジアの広範に分布するタカハヤという純淡水魚に注目し、地域間の距離や拡散障壁だけでは理解が困難な系統地理パターンが存在することを確認した。それは、単一のクレードの地理的分布が大きく分断されるという現象であり、日本列島・朝鮮半島・アジア大陸というグローバルなスケールで展開する移動・侵入プロセスとの密接な関連が認められた。この現象は、純淡水魚の系統地理研究で見過ごされてきた問題である。そこで本研究では、朝鮮半島と日本列島というグローバルな遺伝的交流に着目し、分布形成過程を、朝鮮半島から日本列島へのクレードの侵入・拡散と、その過程で生じるクレード間の置き換わりとして定式化し、これを「出朝鮮半島(Out of Korea)」仮説として分析を行った。

朝鮮半島から日本列島にかけて分布域をもつコイ科のズナガニゴイ、カワムツ、アブラボテ、ゲンゴロウブナを分析対象とし、分子系統樹のクレードを地図上にマッピングした。定量的な検証に当たっては、朝鮮半島から侵入したクレードの日本国内での拡散・置き換わりを再現するシミュレーションを開発し、拡散・置き換わりの影響を定量的に評価した。分子系統解析の結果、朝鮮半島の多様なクレードの一部が日本列島に侵入するパターンが確認された。侵入の影響は魚種によって違いがあった。カワムツを対象にした侵入・拡散・置き換わりのシミュレーションは、種内クレード間の置き換わりの影響を有意に検出したとともに、各魚種の分布を定性的に吟味したところ、クレード間の分断は拡散障壁が存在する場所で生じており、種間・種内置き換わりが、朝鮮半島から日本列島にかけて分布する魚種の系統地理パターンを矛盾なく説明する仮説であることが確かめられた。

本研究では、日本列島の淡水域に生息する魚類を対象に、個体群の時空間分布の背景にある未解明の構造を推定するために、新規に開発した統計モデルとシミュレーションを駆使して仮説の検証を行っている。これらの研究成果は、学術上応用上寄与するところが少なくない。よって、審査委員一同は本論文が博士（農学）の学位論文として価値あるものと認めた。