

氏 名 島 谷 健一郎

学位（専攻分野） 博士(学術)

学 位 記 番 号 総研大乙第121号

学位授与の日付 平成15年9月30日

学位授与の要件 学位規則第4条第2項該当

学 位 論 文 題 目 Spatial point pattern, point processes and biodiversity
for plant communities and populations

論 文 審 査 委 員 主 査 教授 尾形 良彦
教授 江口 真透
教授 種村 正美
教授 長谷川 政美

論文内容の要旨

論文は5章からなる。第1章は集団遺伝学や分子生態学の研究に初めて著者によって導入されたマーク付き空間点過程の統計的方法に関するものである。これにより個体の空間分布とその上の遺伝子分布を同時に扱う事が可能になった。従来、種子散布が狭い範囲に限られる事で遺伝構造が形成され、それは一方的に強められて行く信じられていたが、場合によっては弱められることもある事が示され、定説を翻した。さらに実データに点過程モデルのパラメータを適合推定する事で、直接には計測が困難な過去の親集団の密度や種子散布の推定値を求めることを可能にした。

第2章では、join-count statistics, spatial auto-correlation (Moran's I statistics), the number of alleles in common (NAC) などの計算・吟味によって、それらが異なる遺伝構造を示した場合に従来議論が紛糾・停止しがちであったものを、点過程の枠組みで統一的に定式化し、遺伝子分布パターンを表す統計量の包括的な取り扱いとより適切な生物学的解釈を可能にしたことが論じられている。

第3章では、群集レベルのみ計算されてきた種多様性指数に空間スケールを組み込ませた。群集によっては、それ全体の多様性と各空間スケールで異なる多様性の評価を受ける場合もあることを実例で示し、また複数種の共存パターンの定量的記述にもなっている。

第4章では種間差異を取り入れた種多様性指数を数学的に整理・発展させた。種間差異取り入れの有無によって異なる多様性指数が対立する多様性評価を与えた場合、従来はどちらの指数が優れているかに議論が終始していたが、これにより、なぜ種間差異の有無が異なる多様性評価を招いたのかが検証可能になり、群集構造を明らかにできる事になった。また種間差異の定義によっては、新しい種が群集に加わると種多様性指数が減少するという好ましくならぬ事態を招く。これと同様な事が、遺伝的多様性指数として広く使われている塩基多様度についてもあてはまる事を示している。

そして第5章では遺伝的多様性指数として用いられている塩基多様度について、新しい知見を述べている。いずれの章の内容も、すでに査読付き国際的学術誌に掲載されたものである。

論文の審査結果の要旨

島谷氏の功績は、森林生態学の豊富な野外調査の経験に基づき、現場の要求に応えることのできる空間点過程の統計的方法を導入し、これらを駆使する事によって数々の興味ある新知見を得たことにある。とくに、空間統計学における各種の指標を距離の関数として表し、当該分野での既知の手法では得られなかった新しい重要な結果を導いたことである。

たとえば、島谷氏は格子上の確率場の空間的相関の指標として知られる Moran の I 統計量を、連続空間上でのマーク (変量またはベクトル) 付き点過程に対して距離の関数として拡張定義した。配置座標データを持つ樹木の特定の形質に対する遺伝子型のデータをマークとして適用して、遺伝子型の空間的相関を樹木個体間距離の関数 $I(r)$ として求めた。一方、親樹から子樹が生み出される Neyman-Scott 型モデルに対して、空間相関関数を拡張して、第 n 世代目の子孫に対する空間相関関数を理論的に導いた。これを用いて第 n 世代目の Moran の I 統計量 $I_n(r)$ も同様に求めた。そして、これらを樹林データに適用することによって、近隣個体が必ずしも遺伝的に近いわけ (近親的) ではないこと等の新知見が得られた。島谷氏はまた、生物種の多様性を表す指標として空間統計学で知られる Simpson の指数を、空間相関関数と組み合わせることによって距離の関数となる推定量を提案した。この推定量を実験林のデータに適用することによって、例えば、「間引き」の効果を客観的に評価することができた。島谷氏は更に遺伝型レベルでの多様性についても新しい推定量を提案し、それによって新知見を得ている。

以上の通り、島谷氏は空間統計学において従来から知られている指標に新しい意味を加え、推定量に発展させることによって、従来の方法では得られなかった結果を導き出した。島谷氏の提案している空間点過程の統計方法の独創的な応用とこれによる興味ある新知見の輩出は、益々データが増大し、豊富になっている集団遺伝学や分子生態学の分野における研究の発展方向の一展望を示したものと見える。

以上により数物科学研究科の課程博士の学位を授与するに十分であると判断した。