

科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成24年5月25日現在

機関番号：14301

研究種目：基盤研究（B）

研究期間：2009～2011

課題番号：21370035

研究課題名（和文） 大規模遺伝子データセットに基づく西日本の淡水魚類相形成史の総合的解明

研究課題名（英文） Integrated study on the formation of the freshwater fish fauna in western Japan based on a large molecular data set

研究代表者

渡辺 勝敏（WATANABE KATSUTOSHI）

京都大学・大学院理学研究科・准教授

研究者番号：00324955

研究成果の概要（和文）：本研究は、西日本の純淡水魚類相の形成プロセスを、大規模な遺伝子データセットをもとに解明することを目指した。約20種の比較系統地理解析の結果、いくつかの主要な集団構造パターンが抽出され、特に琵琶湖固有種の起源について新たな理解を得ることができた。生態ニッチモデリングにより、最大海退期と海進期における各種の潜在分布とその変化パターンが推定された。自然および人為的遺伝交流下で生じる系統地理パターンをミトコンドリアDNA、および一部核DNAから明らかにし、動的な分布域形成への理解が深められた。

研究成果の概要（英文）：This study examined the formation of the strictly freshwater fish fauna in western Japan using a large genetic data set. A comparative phylogeographic/phylogenetic analysis of over 20 species revealed several major patterns in their population structures and led to a new understanding of the origin of the Lake Biwa endemic fauna. Based on ecological niche modeling, the potential distribution patterns of fish and their changes were inferred for presumed maximum regression and transgression periods. The phylogeographic patterns under natural/artificial secondary contact were clarified empirically in several cases, giving important insights into the dynamic distribution processes of freshwater fishes in western Japan.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2009年度	5,900,000	1,770,000	7,670,000
2010年度	4,900,000	1,470,000	6,370,000
2011年度	3,500,000	1,050,000	4,550,000
年度			
年度			
総計	14,300,000	4,290,000	18,590,000

研究分野：生物学

科研費の分科・細目：基礎生物学、生物多様性・分類

キーワード：遺伝的多様性・淡水魚・ミトコンドリアDNA・分布域形成・系統地理

1. 研究開始当初の背景

地域生物相・生物群集の成立や維持機構を明らかにすることは、生物多様性の動的な存在過程を理解するうえで必須である。そのためには、個々の種の分布域形成過程を明らか

にするとともに、生物相レベルの統合的な理解を目指す必要がある。

系統地理学 phylogeography は、種や近縁種の分布域形成史や人口学的歴史を、遺伝子系統樹や遺伝的多様性の地理的分布データ

に基づき明らかにする分子生態学分野である。しかし、ある地域の生物相レベルの歴史を復元するような、群集構成種全体にわたる系統地理パターンの比較研究は、膨大なデータの取得と解析を必要とすることなどを理由に、ほとんど行われてこなかった。

日本列島は中期中新世の列島形成期以来の地質学的変遷や海水準変動により、複雑な生物相形成の歴史を経ている。そのなかで、西日本は約 70 種からなる豊富な純淡水魚類相を擁し、それら純淡水魚は、移動分散能力の制限から、生物相形成史の研究の好材料とされてきた。しかし、先行研究による知見は、限られた研究対象や手法のために断片的であり、古典的な議論の枠組みから解き放たれていなかった。そのため、より網羅的で現代的な解析が、複雑な生物相形成史の科学的理解のために必須と考えられた。

一方、近年、遺伝子分析技術の進展や効率化が進むとともに、遺伝子データの解析手法も大きく発展してきた。また地理情報システム (GIS) データを用いた生態ニッチモデリング手法により、現在および過去・未来の潜在分布パターンを予測することも試みられるようになってきた。

2. 研究の目的

本研究は、遺伝子情報をベースとした生物相形成史の解明の可能性を押し広げるために、淡水魚類の種多様性のコア地域である西日本全体において、包括的な魚類相・分布変遷史の解明を行うことを目的とした。

本研究は 3 年の研究期間に、次の 3 つを実現することを計画した。

(1) 西日本の主要な純淡水魚類 (約 20 種) に関する系統地理パターンの解明と比較。西日本のなかでもとりわけ多様性と固有性の高い琵琶湖の魚類相の起源にも着目する。

(2) 各魚種の現在の分布に基づく生態ニッチモデルの構築と古地理復元にに基づく過去の分布変遷の推定。

(3) 複数の DNA 標識と、国内外来種の分布拡大時の動態を“実験”として利用することによる、群集構成種の地理的分化・分布域拡大・二次的接触による相互作用といった動的歴史の復元と検証。

3. 研究の方法

本研究は、相互に関係する 3 つのアプローチを軸とした。(1) 主にミトコンドリア DNA (mtDNA) を用いた多種比較系統地理解析、(2) 生態ニッチモデリングによる現在および過去の潜在分布推定、(3) 自然および人為移植に伴う遺伝子分布拡大パターンの解析。

(1) 多種比較系統地理解析

西日本に広域分布する純淡水魚 5 科約 20

種 (群) を対象とした。これらには異なる分布パターンを示す種、すなわち「西日本に広く分布する種」、「瀬戸内西部で分布が欠落する種」、および「東部地域にしか生息しない種」が含まれる。

各種につき、多数地点、複数個体を対象に、mtDNA シトクロム *b* 遺伝子配列 (cytb、600-1, 100 bp ; 一部別領域) を標準標識に用いて分析を行った。マイクロサテライト DNA、AFLP を一部魚種に用いた。各種分子実験は常法を効率的に改善して行った。

得られた遺伝子配列は、ハプロタイプネットワークとして整理し、階層クレード分析、分岐年代推定、歴史人口学解析に供した。

上と重複して、琵琶湖固有種群 (15 種群) と近縁種について、mtDNA 約 4, 000 bp を用いた系統解析と分岐年代推定を行った。それらを含む琵琶湖産魚類約 40 種について、cytb 部分配列を用いて歴史人口学解析を行った。

(2) 現在および過去の潜在分布推定

現在の各魚種 (遺伝分析対象種を含む約 70 種群) の分布データと地形・気候条件に関する GIS データを用い、最大エントロピー法を用いた生態ニッチモデリングを行った。さらに最終間氷期から現世までの時間スケールを視野に入れ、海水準変動と気候変動情報を取り入れて過去の環境を復元し、現在の分布から得られた出現モデルを適用することによって、潜在的分布域変遷を推定した。

現在の各魚種の分布は、主要 3 島について、環境省の生物多様性情報データ、国土交通省の河川水辺の国勢調査データ、各種文献データ、およびわれわれの調査データから取得し、入念なスクリーニングを行った。

環境データとして、地形および気候について計 2~7 変数を選定し、データベースおよび GIS ソフトウェアにより、取得、算出した。古環境は複数のシナリオを検討し、最終的に 2 つのシナリオ、最大海退期と最大海進期を想定した。各シナリオ下での地形データは、海水準のみを変化させ、GIS ソフト上で算出した。気候はそれぞれ最終氷期、IPCC による温暖化進行 2080 年時点のものを対応させた。ニッチモデリングと潜在分布推定はソフトウェア Maxent3. 3 を用いて行った。

(3) 自然および人為移植に伴う遺伝子分布拡大パターンの解析

① 自然分布における二次的接触帯の分析

広域分布種の代表種としてオヤニラミ (ケツギョ科) を対象に、西日本のほぼ全域をカバーする 43 水系から計 250 個体の DNA 試料を得た。mtDNA (cytb) および核 DNA (AFLP ; 12 選択プライマーペア) を遺伝子標識に用い、樹形分析およびベイズ帰属性分析 (STRUCTURE2. 3. 3) により、集団構造 (地域

個体群の数と分布)を明らかにし、二次的接触帯での遺伝構造を分析した。

②外来種を用いた遺伝子分布拡大の解析

琵琶湖産アユ種苗の放流に混入して全国に広がったと考えられているハスとゼゼラ(コイ科)の国内移入集団、国内外からの移入が疑われるモツゴ(コイ科)、さらに人為移入が疑われるヨシノボリ類(ハゼ科)を対象に、mtDNA(cytb)の系統・多様性の分布パターンや交雑について分析し、遺伝子浸透などの進行プロセスを検証した。

以上から得られたmtDNAデータは、われわれが構築した遺伝的多様性データベースGEDIMAP(<http://gedimap.zool.kyoto-u.ac.jp>)に逐次登録を行い、公開している。

4. 研究成果

(1) 多種比較解析による西日本の淡水魚の系統地理パターン

①比較系統地理と隠蔽系統

いくつかの分布パターンに分類される西日本の純淡水魚類約20種の分析の結果、類似した分布パターンを示す種にも異なる系統地理パターンを示すものが含まれることが明らかになった。例えば、静岡・伊勢湾周辺域(最東部)から九州北部(最西部)にまで連続的または断続的に分布するもののなかには、最東部の集団が最初に分化した種(ゼゼラ、ヒガイ類など)と、最西部の集団が最初に分化した種(カワバタモロコなど)が含まれた。また、比較的広域にわたって明瞭な地理的分化を示さない種もみられた(スゴモロコ類など)。地域集団の地理的境界や階層クレード分析から推定された分布拡大パターンにも、種群間で多様性と共通性が見いだされた。地域的な大規模な種間交雑を伴うケースも見いだされた(カワヨシノボリ)。

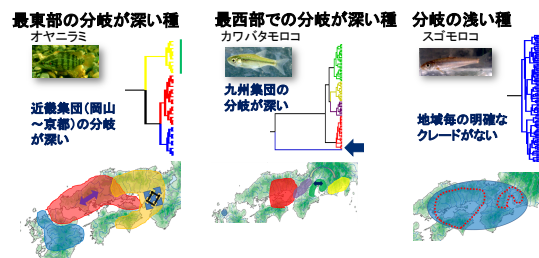


図 8 mtDNA 系統地理パターンの例。系統樹のクレードの色は分布図の色と対応する。

系統地理解析の過程で、いくつかの種において大きく遺伝的に分化した隠蔽系統の存在が明らかになった(ゼゼラ類、タモロコ、カワバタモロコ、ドンコなど)。このうちゼゼラの隠蔽系統が新種(ヨドゼゼラ)として記載されるなど、身近な淡水魚類の種多様性

の実態が未だ明らかでないことが詳らかとなった。遺伝的分析によって明らかになっている進化単位群を考慮すると、日本列島の淡水魚類の種・亜種数は少なくとも34%(約50群)増えると推定された。

②琵琶湖固有種の起源

琵琶湖固有種は従来、近縁種から古い時代に分化し、琵琶湖でのみ生き残った「遺存固有種」と琵琶湖のなかで周辺の近縁種から適応的に種分化した「初期固有種」に分けられると考えられてきた。近縁種を含む系統分析と分岐年代推定の結果、このような二分は困難であり、初期固有と考えられてきた琵琶湖適応種の多くが、必ずしも従来考えられてきたように現琵琶湖の形成後(40万年前)に現生近縁種の系統から種分化したわけではないことが明らかになった(ホンモロコ、イサザほか)。一方、周辺の近縁種・亜種と遺伝的分化が小さい、琵琶湖で急速に進化したと考えられるケースも見いだされた(スゴモロコ、ヒガイ類)。

歴史人口学解析(ベイズ・スカイラインプロット法等)から、起源の新旧にかかわらず、琵琶湖の固有種あるいは非固有種の現生集団は、現琵琶湖の出現後(主に10万年前以降)に、急速に集団を拡大・確立したと推定された。この結果は、琵琶湖という新規環境が、魚類相のプールとして多様性を維持する機能を果たしてきたこと、さらにこの時期に群集レベルで琵琶湖への侵入・適応現象が起こったことを示唆する。

(2) 現在および過去の潜在分布推定と変遷

2~7個の環境変数を用いた純淡水魚類約70種群の生態ニッチモデリングの結果、AUCが平均0.835~0.922の中程度に高い予測精度をもつ潜在分布モデルが得られた。

種によって、最大海退シナリオ下で分布域が拡大するもの、あるいは大きく縮小するもの、また最大海進シナリオ下でも分布域が拡縮するものがあった。

現在限定型の分布を示す種の多くは、大きな水系が存在する濃尾平野、琵琶湖・淀川流域、瀬戸内中部、あるいは九州西北部に出現する。海退シナリオ下では、全体的に温帯性の魚種の分布確率が低下し、潜在分布が縮小または限定的になりやすかった。しかし上記の地域には、海退シナリオ下で大水域(湖沼)が生じ、相対的に分布確率が高い傾向が示された。これは古地形的な背景が現在の分布を保証した可能性を示す。

また現在の非分布地域で、潜在分布確率が高い場合が見られた。海退あるいは海進シナリオ下で示唆された過去の分布確率の低下や断続化が、これを説明できる場合があった。

今回の生態ニッチモデリングの実践、特に

古環境シナリオへの外挿において、気温の取り扱いが難しいことがわかった。これは、標高を介した他の変数との共線性や、気温への潜在的な適応の可能性のためと考えられる。しかし、複数のシナリオを比較することにより、魚種間の分布応答パターンの共通性と多様性を視覚化・定量化することができ、この新しいアプローチの有効性が示された。

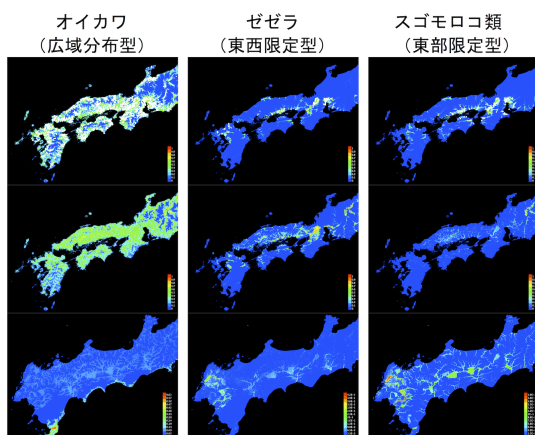


図 生態ニッチモデリングと古環境シナリオへの外挿例。上、現在の分布と環境データに基づく潜在分布推定図；中、最大海進シナリオ；下、最大海退シナリオ。暖色がより高い分布確率を示す。

(3) 自然および人為移植に伴う遺伝子分布拡大パターンの解析

①自然分布における二次的接触帯の分析

代表的な広域分布種であるオヤニラミについて、mtDNA と核 DNA (AFLP) データにより樹形分析とベイズ帰属性分析を行った結果、日本産オヤニラミは大きく 2 つのグループ（西グループ＝九州および瀬戸内海西部、東グループ＝瀬戸内海東部）に明瞭に分かれた。しかし、mtDNA と核 DNA で検出された東西の境界地域は異なっていた。相互単系統的な mtDNA の 2 グループの境界線は明瞭であり、岡山県の高梁川（西）と旭川（東）の間にあったが、AFLP ではより西の広島県（太田川など）に二次的接触帯が幅広く存在することを示唆した。つまり、mtDNA では西グループのみが出現する地域で核ゲノムは混合していた。一般に考えられるように半数性の mtDNA が核 DNA よりも浸透しやすいとすると、西グループは東進している過程にあり、mtDNA が核 DNA よりも先行してより東部にまで達していると考えられる。

AFLP 分析により西グループはさらに 4 つ、東グループは 2 つの地域集団に細分化していることが明らかになった。西日本西部において水系の隔離や局所絶滅と再移住の程度が大きかったことを示唆し、上記の東進もそのような動態の一面であると考えられる。

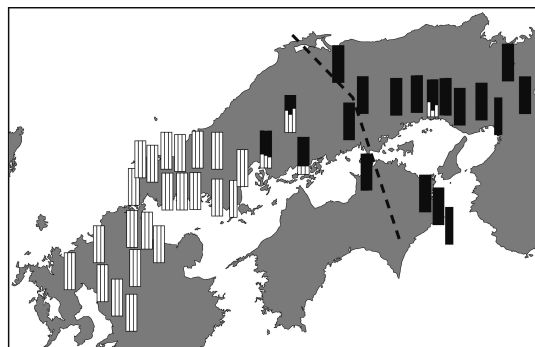


図 mtDNA (破線) および核 DNA (棒グラフ) によるオヤニラミの集団構造の差異。

オヤニラミの分析において、人為移入集団の起源地の特定、および自然分布域における移入による遺伝的攪乱の検出が高精度でなされることも明らかになった。

②外来種を用いた遺伝子分布拡大の解析

琵琶湖を原産とするハスとゼゼラの国内移入集団の解析から、両種とも原産地における遺伝的多様性は高いが、各移入集団の多様性は低く、さまざまなハプロタイプが地理的距離にかかわらずランダムに分布することが明らかになった。ただし、九州の有明海沿岸クリークのように連結性の高い環境では、同じハプロタイプが広く分布し、侵入後の分散によるものと推察された。

モツゴにおいては、国内外からの移植・移動が遺伝学的に明らかとなった。本種の移入集団はコイやフナ類などとともに移動する傾向が見られたが、おそらくその複雑性、多回数性から、かなり遺伝的攪乱が進み、移入遺伝子に明瞭な地理的パターンは見いだされなかった。

これまで北海道から九州まで広く自然分布すると考えられてきたトウヨシノボリの遺伝的集団構造を詳細に調べたところ、東海地方における本種は国内外来魚である可能性が示された。移入が疑われるトウヨシノボリ集団を精査したところ、在来の同属 3 種の mtDNA が、この移入集団に遺伝子浸透を起こしていた。そのような在来種の mtDNA をもつトウヨシノボリ移入集団が、もとは在来種が分布していたはずの複数の場所に、在来種と置き換わって生息することが明らかになった。トウヨシノボリは移植先で交雑を起こしながら、分布を拡大していると考えられ、淡水魚の自然集団でこれまで示唆されてきた交雑を伴う分布域形成のよいモデル系であると考えられる。

(4) まとめと展望

本研究の大規模な分子系統地理的アプローチにより、豊かな種多様性を擁する西日本の純淡水魚類の集団構造における共通性と

多様性を広く明らかにすることができた。ある地域における多数種の系統地理パターンを一望できるような比較研究はこれまで稀であり、西日本の生物多様性を歴史的視点から、より深く理解する認識基盤を得ることができたといえる。

そのなかで、各種における集団構造の形成過程や琵琶湖固有魚類相の成立過程が推定された。また隔離集団や別種間の二次的遺伝交流の実態やパターンを自然・人為移入集団の複数のケースにおいて明らかにすることができた。生態ニッチモデリングを適用した歴史的分布変遷に対するアプローチは、課題も残しながら、その有効性が示された。

氷河で覆われることなく、長い期間にわたり、変遷しながら維持されてきた生物相のダイナミクスを科学的に追求する上で、本プロジェクトによる総合研究は大きな成果をもたらしたといえる。今後、系統地理的基盤のもとで、地域生物相や種多様性の創成過程における適応進化や種間関係に関する課題を、ゲノム科学や群集生態学からのアプローチにより、さらに追求していくのが有意義である。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 13 件)

- ① Tabata, R. and K. Watanabe. In press. Hidden mitochondrial DNA divergence in the Lake Biwa endemic goby *Gymnogobius isaza*: implications for its evolutionary history. *Environmental Biology of Fishes*. (査読有)
- ② Kakioka, R., T. Kokita, R. Tabata, S. Mori and K. Watanabe. In press. The origins of limnetic forms and cryptic divergence in *Gnathopogon* fishes (Cyprinidae) in Japan. *Environmental Biology of Fishes*. (査読有)
- ③ Kuwahara, M., H. Takahashi, T. Kikko, S. Kurumi, K. Iguchi. 2012. Introgression of *Oncorhynchus masou* subsp. (Biwa salmon) genome into lake-run *O. m. ishikawae* (Amago salmon) introduced into Lake Biwa, Japan. *Ichthyological Research*, 59: 1-7. DOI: [10.1007/s10228-011-0270-y](https://doi.org/10.1007/s10228-011-0270-y) (査読有)
- ④ 向井貴彦・池谷幸樹・大仲知樹・古屋康則・高木雅紀・塚原幸治・寺町茂・吉村卓也. 2011. 岐阜県におけるスナヤツメ北方種と南方種の分布. *日本生物地理学会会報*, 66: 203-209. (査読有)
- ⑤ 向井貴彦・梅村啓太郎・高木雅紀. 2011. 岐阜県におけるカラドジョウの初記録と中国系ドジョウの侵入. *日本生物地理学会会報*, 66: 85-92. (査読有)
- ⑥ Komiya, T., S. Fujita and K. Watanabe. 2011. A novel resource polymorphism in fish, driven by differential bottom environments: an example from an ancient lake in Japan. *PLoS ONE*, 6:e17430. DOI: [10.1371/journal.pone.0017430](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0017430) (査読有)
- ⑦ Watanabe, K., S. Kawase, T. Mukai, R. Kakioka, J.-I. Miyazaki and K. Hosoya. 2010. Population divergence of *Biwia zezera* (Cyprinidae: Gobioninae) and the discovery of a cryptic species, based on mitochondrial and nuclear DNA sequence analyses. *Zoological Science*, 27: 647-655. DOI: [10.2108/zsj.27.647](https://doi.org/10.2108/zsj.27.647) (査読有)
- ⑧ Watanabe, K., Y. Kano, H. Takahashi, T. Mukai, R. Kakioka, K. Tominaga. 2010. GEDIMAP: a database of genetic diversity for Japanese freshwater fishes. *Ichthyological Research*, 57:107-109. DOI: [10.1007/s10228-009-0129-7](https://doi.org/10.1007/s10228-009-0129-7) (査読有)
- ⑨ Watanabe, K., N. Kanagawa, R. Kakioka, T. Itai, S. Mori. 2009. Genetic diversity and conservation units in wild and captive populations of endangered freshwater fishes: a case of *Hemigrammocyppris rasborella* in Shizuoka, Japan. *Ichthyological Research*, 56: 411-416. DOI: [10.1007/s10228-009-0107-0](https://doi.org/10.1007/s10228-009-0107-0) (査読有)
- ⑩ Watanabe, K. 2009. Faunal structure of Japanese freshwater fishes and its artificial disturbance. *Environmental Biology of Fishes*. DOI: [10.1007/s10641-010-9601-5](https://doi.org/10.1007/s10641-010-9601-5) (査読有)

[学会発表] (計 23 件)

- ① 渡辺勝敏・田畑諒一・富永浩史・高橋洋. 2011/10/1 日本産淡水魚類のDNA分類の試み. 第44回日本魚類学会年会, 弘前大学 (青森県).
- ② 田畑諒一・柿岡諒・小宮竹史・富永浩史・渡辺勝敏. 2011/10/1. 日本列島の淡水魚類の進化・多様性形成に果たした琵琶湖の役割. 第44回日本魚類学会年会, 弘前大学 (青森県).
- ③ 向井貴彦. 2011/9/30-10/1. 岐阜県長良

- 川におけるヨシノボリ類の mtDNA 系統と色斑的特徴の不一致. 第 44 回日本魚類学会年会, 弘前大学 (青森県).
- ④ Watanabe, K. 2011/7/10. The origin of the endemic fish fauna in Lake Biwa: A molecular genetic approach. The 5th International Symposium of the Biodiversity and Evolution Global COE project, Kyoto University (Kyoto).
- ⑤ 田畑諒一・富永浩史・柿岡諒・小宮竹史・向井貴彦・高橋洋・張廖年鴻・渡辺勝敏. 2011/3/11. 周瀬戸内地域を中心とした西日本における淡水魚類の比較系統地理. 日本生態学会第 58 回全国大会, 札幌コンベンションセンター (北海道).
- ⑥ 田畑諒一・小宮竹史・柿岡諒・渡辺勝敏. 2010/9/25. 分子遺伝学的解析による琵琶湖産固有魚種の起源に関する考察. 第 43 回日本魚類学会年会, 三重県文化センター (三重県).
- ⑦ 柿岡諒・小北智之・森誠一・渡辺勝敏. 2010/9/24. 日本産タモロコ属魚類の遺伝的分化と集団構造. 第 43 回日本魚類学会年会, 三重県文化センター (三重県).
- ⑧ 高橋洋・杉田智彰・渡辺勝敏. 2010/9/24-25. mtDNA および AFLP マーカーに基づくオヤニラミの系統地理分析. 第 43 回日本魚類学会年会三重県文化センター (三重県).
- ⑨ Tominaga, K. and K. Watanabe. 2010/9/11-12. Modeling of distribution and hybridization patterns of *Pseudogobio* species complex (Cyprinidae) in the secondary contact area. The 4th International Symposium of the Biodiversity and Evolution Global COE project. Kyoto University (Kyoto).
- ⑩ Jang-Liaw, N.-H., K. Tominaga, C.-G. Zhang, Y.-H. Zhao, J. Nakajima, N. Onikura, S.-R. Jeon and K. Watanabe. 2010/7/31-8/3. Genetic variation and population history of the gudgeon *Abbottina rivularis* in Japan and adjacent areas. International Symposium on Biodiversity Sciences (ISBDS2010): Genome, Evolution and Environment. Nagoya City University (Nagoya).
- ⑪ 田畑諒一・柿岡諒・富永浩史・小宮竹史・渡辺勝敏. 2010/3/17. 琵琶湖産魚類の比較人口学解析. 第 57 回日本生態学会大会, 東京大学 (東京都).
- ⑫ Kakioka, R. and K. Watanabe. 2009/11/23-25. Genetic and morphological analyses of the gudgeon, *Squalidus chankaensis*: consequences of past and present colonizations. International Conference on Evolutionary Ecology of Fishes Diversification, Adaptation and Speciation. Berlin, Germany.
- ⑬ 渡辺勝敏・富永浩史. 2009/10/10. 日本産淡水魚類の種多様性および地域魚類相の均質化. 第 42 回日本魚類学会年会, 東京海洋大学 (東京都).
- ⑭ 向井貴彦・小西繭・渡辺勝敏・武内陽佑・中島淳・河口洋一・鬼倉徳雄・高田啓介. 2009/10/10-11. 日本産モツゴにおける mtDNA の地理的変異. 第 42 回日本魚類学会年会, 東京海洋大学 (東京都).
- ⑮ 早川明里・高村健二・中島淳・河口洋一・鬼倉徳雄・向井貴彦. 2009/10/10. 日本列島におけるオイカワの系統地理. 第 42 回日本魚類学会年会, 東京海洋大学 (東京都).
- [図書] (計 3 件)
- ① 向井貴彦. 2012. 長良川の魚たちは今? : 河川における生物多様性の現状. 小見山章・荒井聡・加藤正吾 (編). 岐阜から生物多様性を考える. 岐阜新聞社, pp. 42-57.
- ② 渡辺勝敏・高橋洋 (編著). 2010. 淡水魚地理の自然史—多様性と分化をめぐる—. 北海道大学出版会, 228 pp.
- [その他]
ホームページ
淡水魚遺伝的多様性データベース GEDIMAP:
<http://gedimap.zool.kyoto-u.ac.jp/>
6. 研究組織
- (1) 研究代表者
渡辺 勝敏 (WATANABE KATSUTOSHI)
京都大学・大学院理学研究科・准教授
研究者番号: 00324955
- (2) 研究分担者
向井 貴彦 (MUKAI TAKAHIKO)
岐阜大学・地域科学部・准教授
研究者番号: 80377697
- 高橋 洋 (TAKAHASHI HIROSHI)
独立行政法人水産大学校・生物生産学科・助教
研究者番号: 90399650