

生物のデモグラフィー理論の歴史

History of fundamental theory in bio-demography

高田 壮則（北海道大学）

Takenori Takada (Hokkaido University)

Takada@ees.hokudai.ac.jp

生物のデモグラフィーの基礎理論の歴史は古く、20世紀初頭のアルフレッド・ロトカの研究の貢献が大きいと言われている。そのため、ロトカの名はマルサス係数を求めるために用いられる方程式（ロトカ・オイラー方程式）の中に残されている。この一世紀の間にその基礎理論は目覚ましい発展を遂げ、キャズウエルによって約 700 ページの大著、**Matrix Population Models (2001)**が著されるほどになった。この発展の歴史は大きく次の三つの時期に分かれている。

1. 原初的齢構成モデルの時代（主に人間・動物個体群の研究に用いられた）
2. レズリー行列モデルの時代（齢構成モデルではあるが、行列の形に整理された）
3. レフコビッチ行列モデルの時代（齢構成モデルを生育段階構成モデルに拡張した）

である。原初的齢構成モデルの時代は約四十年、レズリー行列の時代は約四半世紀続いたが、レフコビッチ行列の登場によって、1970年代以降一般的な理論に拡張されたため、観察によって年齢を同定できない生物に対しても応用されるようになった。というのも、生物の多くの種類で、生存率や繁殖率が個体の齢よりも個体のサイズや発達段階に強く依存する傾向があったからである。また、原初的齢構成モデルの時代に得られた公式が線形代数の文脈で再解釈されるようになった。レフコビッチ行列モデルの時代に線形代数の知見を十全に応用した結果、初期の二つの時代には用いられなかった新しい個体群統計量がいくつか提案され、生物の集団動態の解析のための様々なツールが登場した。例えば、感度解析、弾性度解析、状態間流れ解析、LTRE解析などがある。その過程で個体群統計量におけるいくつかの保存則も見出された。本講演では、その歴史的発展の経過を概説し、開発された個体群統計量などについて紹介するとともに、それらの個体群統計量を用いた研究成果を紹介する。さらに、今後迎えるはずの第四期の研究展望について議論したい。