CCSBT 管理方式の仕様書

1. 緒言

CCSBT は、2011 年に、同委員会がみなみまぐろの全世界の TAC を設定するプロセスにおける指針となる管理方式(MP)、すなわち「バリ方式」を採択した。バリ方式は、ESC が 2012-2020 年の TAC を勧告するために使用されてきたところである。

2019年において、CCSBT は、本仕様書に記載する新たな MP、すなわち「ケープタウン方式」 (CTP) を採択した。

委員会及びそのメンバーの管理目標を達成するために漁獲水準の変更を勧告する際の基礎としての管理方式の開発及び実施において、CCSBT はまぐろ類RFMO の先駆者となってきた(ヒラリーら、2016年)。このアプローチを後押ししたのは、a) 資源の状態及び生産力にかかる大きな不確実性、b) こうした不確実性を解決するための最良のアプローチに関する見解の対立、c) 資源状態を評価するための代替的な手法、及び d) 科学的助言に基づき全世界のTAC を決定するための合意された基盤の欠如といった要因により、組織としての意思決定プロセスが正常に機能しなくなったことであった。

資源状況及び資源の生産力に関する不確実性の問題については、妥当な資源動態及び漁業動態の範囲をカプセル化した一連の個体群動態モデルの開発に合意することで対応された。この一連のモデルは CCSBT オペレーティング・モデル (OM) として知られるものである。SBT OM は、既存のデータセットへの追加データ、及び新たな一連のデータ (例えば科学航空目視調査 (2009年)、近縁遺伝子 (2013年)、遺伝子標識 (2019年))及び必要に応じた仮定の修正を反映するため、長年にわたって変更及び改良が施されてきた。SBT OM は、i) 定期的な資源状態の評価、及び ii) 候補管理方式のシミュレーション試験に使用されている。

科学的助言に基づきかつ委員会の目標に合致する形で全世界 TAC を決定する際に論争となった過去の問題点は、多岐にわたる候補管理方式の開発及び試験、2011年の「バリ方式」の選定及び実施、及び 2019年の「ケープタウン方式」を通じて解決されている。

CCSBT に対する科学的助言において、資源評価の役割と管理方式の役割は明確に異なっており、それぞれを簡潔に説明すると以下のとおりである。

資源状態の評価

CCSBT科学委員会は、バリ方式のメタルール・プロセスで当初規定されたとおり、3年ごとに「全面的な資源評価」を実施している。資源評価では、資源が再建しているのかどうか、再建計画上の目標(すなわち TRO₀の 30%)を達成するまでにどれ程の時間がかかるのか、また一般的に使用されるリファレンスポイントに対する現状の資源量及び漁獲死亡量に関する情報が提示される。資源評価の結果は、以下に対しては使用されない。

- MPの運用
- TACの勧告

TAC に関する助言のための MP の運用

管理方式は、委員会による決定に向けて ESC が勧告する全世界 TAC の計算に使用される。ケープタウン方式は、TAC の変更を勧告するため、入力データとして3つのモニタリングシリーズ、予め定義された解析及び意思決定ルールのみを使用する。 MP は詳細に規定され(2019 年の MSE プロセスで当初試験されたとおり)、委員会による選択の後は変更されない。

MPの運用は、SBT 資源評価とは独立している。MP は、以下の目的では使用 されない。

- 産卵親魚資源量の推定
- 再建目標が達成されたかどうかの推定

ケープタウン方式の技術的詳細、並びに MPへの入力モニタリングデータの 仕様、及び SBT 漁業における例外的状況に対応するために拡大委員会が採択 しているメタルール・プロセスについて、本文書の以下のセクションに示 す。

- 2. ケープタウン方式にかかる一般的説明
- 3. MPで使用される個体群動態モデル及び HCR の仕様
- 4. MP で使用される遺伝子標識放流資源量推定に関するデータ解析の仕様
- 5. MP で使用される近縁遺伝子標識再捕データに関する仕様
- 6. MP における標準化 CPUE の仕様
- 7. メタルール・プロセス

2. ケープタウン方式にかかる一般的説明

ケープタウン方式(CTP)は、遺伝子標識放流、CPUE 及び近縁遺伝子標識再捕(CKMR)のモニタリング計画から得られた入力データに基づく3つのコンポーネントから成る。遺伝子標識放流は加入量指数(2歳魚資源量)を、CPUE は日本はえ縄漁船により漁獲される年齢級の資源量指数を、及びCKMR は2つの産卵親魚資源量指数(親子ペアから得られる指数及び半きょうだいペアから得られる指数)並びに個体群のうち産卵親魚群の総死亡数に関する情報を提供するものである。

遺伝子標識放流コンポーネントでは、入力データは直近5年間の資源量推定値の加重平均である。ここで、重み付けは各年の(DNAの)一致件数に比例する。2020年のTAC決定では、3つの推定値(2016-2018年)のみが利用可能であった。遺伝子標識放流コンポーネントにおけるTAC変更変数は、直近の平均値が固定の下限値よりも低い場合は1より低くなり、直近の平均値が固定の上限値よりも高い場合は1より大きくなる。直近の平均値が上限値及び下限値の間にある場合、TAC乗数は1となる。欠落したデータ点は、加重平均の計算の際に重み付けがゼロとなる。

CPUE コンポーネントにおいても、TAC変更変数は固定された上限値及び下限値に基づいて計算される。CPUE コンポーネントでは、特定の標準化 CPUE タイムシリーズのうち直近 4 年間の平均値を使用する。この平均値が上下限値の間にある場合、全体的な TAC変更に対する寄与度はゼロである。この平均値が下限値より低い場合は TAC変更変数はマイナスとなり、上限値より高い場合は TAC変更変数はプラスとなる。MPは、TRO₀の 30% という現在の再建目標に近づく(近縁遺伝子コンポーネントで近似)に連れて反応性が低くなるように設計されている。すなわち、資源量を目標水準近くに維持しながらも将来的な TACの変動を最小化するため、勧告される TACの変更幅がより小さくなる。

近縁遺伝子標識再捕(CKMR)による親子ペア及び半きょうだいペアデータは、成魚資源量のトレンドを提示するシンプルな資源量及び総成魚死亡量の個体群動態モデルで使用される。このトレンドは、2035年までに成魚資源量を再建するために必要となる基準成長率と比較される。成魚資源量のトレンドが基準成長率を上回っている場合、TAC変更変数はプラスとなり、これが基準成長率を下回っている場合、TAC変更変数はマイナスとなる。CTPにおいて、基準成長率は固定値ではなく、個体群動態モデルの中で計算される。また、このTAC変更変数は、資源再建が目標水準に近づくに連れて反応性が低くなっていく。

これら3つのコンポーネントの組み合わせにより、現行 TAC に対する唯一の乗数が導かれる(以下の技術的セクションを参照)。最終的な TAC 勧告は、最大で3,000トン、最小で100トンの変更幅に範囲内に制限される。

3. MP で使用される個体群動態モデル及びハーベスト・コントロール・ルール (HCR) の仕様

概要

ケープタウン方式(MP)では、ハーベスト・コントロール・ルール(HCR の)の3つのコンポーネントとして CPUE、遺伝子標識放流及び CKMR (POP 及び HSP) データを使用する。CKMR コンポーネントでは、CKMR データに簡素化した成魚個体群動態モデル(資源量及び総死亡量)を当てはめる。その上で、HCR には TRO の対数線形トレンドを用いる。HCR における遺伝子標識放流及び CPUE コンポーネントでは、TAC 勧告に変更が生じない範囲を形成する上限及び下限を定め、これらの限界値を上回る又は下回る場合に TAC を直線的に増加又は減少させる形で変更する。

成魚個体群動態モデル

成魚個体群動態モデルは以下のとおり定義される。

$$\begin{split} N_{y_{\min},a_{\min}} &= \bar{R} \exp \left(\xi_{y_{\min}} - \sigma_R^2 / 2 \right), \\ N_{y,a_{\min}} &= \bar{R} \exp \left(\epsilon_y - \sigma_R^2 / 2 \right), \\ \epsilon_y &= \rho \epsilon_{y-1} + \sqrt{1 - \rho^2} \xi_y, \\ \xi_y &\sim N(0,\sigma_R^2), \\ N_{y+1,a+1} &= N_{y,a} \exp \left(-Z_{y,a} \right) \quad a \in (a_{\min},a_{\max}), \\ N_{y+1,a_{\max}} &= N_{y,a_{\max}-1} \exp \left(-Z_{y,a_{\max}-1} \right) + N_{y,a_{\max}} \exp \left(-Z_{y,a_{\max}} \right), \\ Z_{y,a} &= Z_y \qquad a \leq 25, \\ Z_{y,a} &= Z_y + \frac{a-25}{a_{\max}-25} \left(Z_{a_{\max}} - Z_y \right) \qquad a \in [26,a_{\max}], \\ Z_y &= \frac{Z_{\max} e^{\chi_y} + Z_{\min}}{1 + e^{\chi_y}}, \\ \chi_{\text{init}} &\sim N(\mu_{\chi_{\text{init}}},\sigma_{\chi_{\text{init}}}^2), \\ \chi_{y+1} &= \chi_y + \zeta_y, \\ \zeta_y &\sim N(0,\sigma_\chi^2), \\ TRO_y &= \sum_{a} N_{y,a} \varphi_a \end{split}$$

本モデルにおける固定パラメータ及びセッティングは下表のとおりである。

Parameter	Value
a_{\min}	6
$a_{ m max}$	30
σ_r	0.25
ho	0.5
σ_χ	0.15
$Z_{ m min}$	0.05
$Z_{ m max}$	0.4
$Z_{a_{ m max}}$	0.5
$\mu_{\chi_{ ext{init}}}$	-1.38
$\sigma_{\chi_{ m init}}$	0.2
$q_{ m hsp}$	1

本モデルにおける推定パラメータは以下のとおりである。

- 1. 平均成魚加入量 \bar{R}
- 2. 成魚加入量の偏差 ϵν
- 3. Z_y (及び正規事前平均及び SD) のランダムウォークを「開始」する初期値 χ_{init} (正規事前平均及び SD を含む)
- 4. ランダムウォークの偏差 な

POPデータの尤度は OM で使用しているものと類似している。総再生産出力は以下により計算される。

$$TRO_y = \sum_{a=a_{\text{amin}}}^{a_{\text{max}}} N_{y,a} \varphi_a$$

及び若齢魚一成魚ペア $\{i,j\}$ を考慮する。ここで、それぞれ $z_i = \{c\}$ は若齢魚の共変量、cは該当するコホート(生年)、 $z_j = \{y,a\}$ は成魚の共変量、y及びaはサンプリングの年及び年齢である。ペアが POP である確率は以下により表される。

$$\mathbb{P}\left(K_{ij} = POP \mid z_i, z_j\right) = \mathbb{I}\left(c < y < c + a\right) \frac{2\varphi_{a-(y-c)}}{TRO_c}$$

この確率は、POPデータにおける二項分布の尤度を作成するために使用される。HSPデータに関しては、若齢魚-若齢魚ペアiとi′を比較する。ここで、重要な共変量はそれぞれの生年、コホートcである。HSPが確認される確率は以下のとおり定義される。

$$\mathbb{P}\left(K_{ii'} = HSP \mid z_i, z_{i'}\right) = \frac{4\pi^{\eta} q_{\text{hsp}}}{TRO_{c_{\text{max}}}} \left(\sum_{a} \gamma_{c_{\text{min}}, a} \left(\prod_{k=0}^{\delta-1} \exp\left(-Z_{c_{\text{min}}+k, a+k}\right)\right) \varphi_{a+\delta}\right),$$

$$\gamma_{y, a} = \frac{N_{y, a} \varphi_a}{TRO_y},$$

$$\{z_i, z_{i'}\} = \{c_i, c_{i'}\},$$

$$c_{\text{min}} = \min\{c_i, c_{i'}\},$$

$$c_{\text{max}} = \max\{c_i, c_{i'}\}$$

また、この確率は HSP データの二項分布の尤度の基礎となる。

ハーベスト・コントロール・ルール

改訂された MP の全体的な構造は以下のとおりである。

$$TAC_{y+1} = TAC_y \left(1 + \Delta_y^{\text{cpue}} + \Delta_y^{\text{ck}} \right) \times \Delta_y^{\text{gt}}, \tag{1}$$

HCR の関数式の詳細に入る前に、いくつかの有益な変数について概括する。

- I_y^{ck} : MP 個体群動態モデルから推定された TRO の(体長 t^{ck} の)移動平均(必要な時にシグナルに引きずられ過ぎないよう、モデルによる前方 4 年間の予測結果を用いて、現在年から予測されたもの)
- Ĩ: 2003 年から 2014 年までの推定 TRO の平均値(相対的再建基準に関する参照期間)
- γ: 我々が達成したい TRO 再建水準に見合う数量
- $\eta = I_y^{ck}/(\gamma \tilde{I}) 1$:負から正への移行、すなわち TRO の再建が達成され MP の反応性の遷移が起こるポイントを示す(すなわち CPUE と CKMR のシグナルのみが能動的反応から受動的に変化する)変数

HCR における CPUE の部分については、密度依存ゲインパラメータを用いた。

$$k^{\text{cpue}}(\eta) = w_1^{\text{cpue}} \left(1 - \left(1 + e^{-2\kappa\eta} \right)^{-1} \right) + w_2^{\text{cpue}} \left(1 + e^{-2\kappa\eta} \right)^{-1}$$

これは、ヘヴィサイドの階段関数のロジスティック関数近似 $H[\eta]$ ($H[\eta < 0] = 0$, $H[\eta \ge 0] = 1$)を利用している。 $\kappa = 20$ としているので、 η を踏まえた 2 つの ゲインパラメータの間の遷移は $\delta = 1$ の \pm 5% 以内で発生する。したがって、 CPUE 乗数は以下のとおり定義される。

$$\Delta_y^{\text{cpue}} = k^{\text{cpue}}(\eta) \left(\delta_y^{\text{cpue}} - 1 \right)$$

また、 δ_y^{cpue} は、実際には HCR における遺伝子標識放流部分の数式と非常に類似している。

$$\begin{split} \delta_y^{\text{cpue}} &= \left(\frac{\bar{I}_{\text{cpue}}}{I_{\text{low}}}\right)^{\alpha_1} & \forall \bar{I}_{\text{cpue}} \leq I_{\text{low}}, \\ \delta_y^{\text{cpue}} &= 1 & \forall \bar{I}_{\text{cpue}} \in \left(I_{\text{low}}, I_{\text{high}}\right), \\ \delta_y^{\text{cpue}} &= \left(\frac{\bar{I}_{\text{cpue}}}{I_{\text{high}}}\right)^{\beta_1} & \forall \bar{I}_{\text{cpue}} \geq I_{\text{high}}, \end{split}$$

ここで、 \bar{I}_{cpue} は LL1 CPUE の(4 年間の)移動平均であり、 \bar{I}_{low} 及び \bar{I}_{high} は CPUE 値の上限及び下限のしきい値であり、 α_1 及び β_1 はしきい値の範囲の上又は下での非対称的な応答を可能にするものである。

HCR の CKMR 部分では、目標水準の下では TRO の増加率を最小化するよう 試みるとともに、これの達成後は TRO を同水準に維持しようとしている。ま た、HCR にこうした挙動を取り入れるため、HCR が TAC 増加から TAC 減少 に移行する際の対数線形成長率にいくらかの密度依存性を取り込んでいる。

$$\begin{split} & \Delta_y^{\text{ck}} = k^{\text{ck}}(\eta) \left(\lambda^{\text{ck}} - \tilde{\lambda}(\eta) \right), \\ & k^{\text{ck}}(\eta) = k_1^{\text{ck}} \left(1 - \left(1 + e^{-2\kappa\eta} \right)^{-1} \right) + k_2^{\text{ck}} \left(1 + e^{-2\kappa\eta} \right)^{-1}, \\ & \tilde{\lambda}(\eta) = \lambda_{\min} \left(1 - \left(1 + e^{-2\kappa\eta} \right)^{-1} \right) \end{split}$$

対数線形トレンド λ^{ck} が TAC 減少を支持する局面から TAC 増加に移行する際のしきい値の水準は、基本的に $\lambda_{min}>0$ から始まり、推定 TRO が目標水準に近づくに連れて急速にゼロまで減少する(CPUE トレンドの項と類似)。これは、目標を下回る全ての軌道において再建を最低水準とすることを奨励し、目標を上回った場合は現状維持を選好するよう確保するためである。

遺伝子標識放流データから得られた直近の平均2歳魚資源量を計算するため、荷重移動平均手法を検討した。

$$\bar{N}_{y,2} = \sum_{i=y-1-\tau^{\text{gt}}}^{y-2} \omega_i \hat{N}_{i,2}$$

ここで、 ω_i は GT 推定値 $N_{i,2}$ を作成するために使用される一致件数に対する荷重比である(基本的に逆分散荷重である)。計算の際、推定値が利用可能になる年と計算と実際に参照している年との間の 2 年間のズレが考慮される。 HCR における GT 部分の乗数は以下のとおりである。

$$\begin{split} & \Delta_y^{\text{gt}} = \left(\frac{\bar{N}_{y,2}}{N_{\text{low}}}\right)^{\alpha} & \text{if} \quad \bar{N}_{y,2} \leq N_{\text{low}}, \\ & \Delta_y^{\text{gt}} = 1 & \text{if} \quad \bar{N}_{y,2} \in (N_{\text{low}}, N_{\text{high}}), \\ & \Delta_y^{\text{gt}} = \left(\frac{\bar{N}_{y,2}}{N_{\text{high}}}\right)^{\beta} & \text{if} \quad \bar{N}_{y,2} \geq N_{\text{high}} \end{split}$$

制限水準 N_{low} と上限 N_{high} によって TAC 増加が許可されるかどうかが決定される。採択された MP の HCR に関するパラメータ値の詳細は表 2 のとおりである。

Parameter	Value
$ au^{ m cpue}$	4
$w_1^{ m cpue}$	0.9
$w_2^{ m cpue}$	0.005
$I_{ m low}$	0.45
$I_{ m high}$	1.42
$ \alpha_1 $	1
β_1	1
$ au^{ m gt}$	5
$N_{ m low}$	1e+6
$N_{ m high}$	2.6e + 6
α	1.5
β	0.25
$ au^{ m ck}$	3
$ au^{ m ck} \ k_1^{ m ck}$	1.25
$k_2^{ m ck}$	0.05
$\bar{\gamma}$	1.5
λ_{\min}	0.001
κ	20

表 2: CTP における HCR の固定パラメータ値

4. MP で使用される遺伝子標識放流資源量推定に関するデータ解析の仕様

CCSBT遺伝子標識放流計画は、ケープタウン方式での使用を目的として、標識装着を行った年の2歳級群の絶対資源量の推定値と確認された(DNAの)一致件数(再捕数)を提供するものである。2016年から開始されている毎年の計画の内容は設計研究(Preeceら、2015年)で説明されたとおりであり、CSIROが策定した標識装着及び動物の取扱いに関するプロトコル(Bradfordら、2009年)に従って実施されている。

SBTの遺伝子標識放流には、多数の2歳魚SBTからの極小組織サンプル採取 (Bradford ら、2015)による「標識装着」と、生きたままでの魚の放流が含まれる。物理的な標識は使用されない。個体群全体の中で標識装着された魚が非標識魚と混合する時間を確保できるよう(Polacheck ら、2006年; Bassonら、2012年)、1年後の蓄養場での収穫時に3歳魚の漁獲物から2回目の組織サンプル収集を行う。これら2セットの組織サンプルについて遺伝子型判定を行い、DNAが一致するサンプルを(特異的なDNAフィンガープリントを用いて)確認することができるよう、これらを比較する。DNAが一致することは、標識装着して放流された魚が再捕されたことを示す。資源量推定値は、放流セットと収穫セットのサンプル数と、確認されたDNAの一致件数から計算される。

遺伝子型判定解析には、遺伝子型判定情報が不完全又は不十分な(シーケンスの結果が良いにも関わらず SNPマーカーが少なすぎる)魚を除外するためのフィルタリングが含まれる。解析に含まれるサンプルは、遺伝子型判定コーリングの59マーカーのうち少なくとも30マーカーを有し、かつ総カウント数が20以上でなければならない(Preeceら、2019年)。また、放流及び収穫の対象となる体長のレンジから外れている魚も全て除外される。2歳魚の体長レンジは尾叉長75-85 cmで、3歳魚は尾叉長98-109 cmである。これらの体長レンジは定期的にレビューされる(Preeceら、2019年; クリアら、2019年)。

最初の組織サンプルの収集(「標識装着」)から資源量推定値の計算までのプロセスには約2年を要する。

標識装着時のコホートの資源量推定値は以下により求められる。

(1) N = T *S/R

ここで、T は標識装着されたコホートの魚の個体数、R は収穫時サンプリングにおいて「再捕」された標識装着魚の個体数すなわち「一致」した件数、及び S は収穫時サンプリング数である。方程式 (1) は、ピーターセン(又はリンカーン・ピーターセン)資源量推定法と呼ばれることが多い(Seber ら、1982年)。再捕がポアソン過程を示すと仮定すると、資源量推定値の変動係数(CV)は以下により近似することができる。

(2) $CV = \operatorname{sqrt}(N/(T*S))$ = $\operatorname{sqrt}(1/R)$ ケープタウン方式に使用されるのは、各年の資源量推定値及び一致件数のみである(表 1、影付きとなっていない列)。これらのデータは、CCSBTデータ交換の一環として毎年提出される。表 1 のデータは、2020 年の MP の運用において使用可能な 3 年間(2016-2018 年)の遺伝子標識放流の結果である。

表1:標識装着年の2歳魚の絶対的資源量推定値を提供する2016-2018年の遺伝子標識放流計画の結果。影付きとなっていない列は、ケープタウン方式で使用されるデータであることを示す。

YEAR	COHORT AGE	N RELEASES	N HARVEST	N MATCHES	ABUNDANCE ESTIMATE (MILLIONS)	CV
2016	2	2952	15389	20	2.27	0.224
2017	2	6480	11932	67	1.15	0.122
2018	2	6295	11980	66	1.14	0.123

参考文献

- Basson, M., Hobday, A.J., Eveson, J.P., Patterson, T.A. (2012) Spatial Interactions among Juvenile Southern Bluefin Tuna at the Global Scale: A Large Scale Archival Tag Experiment. FRDC Report 2003/002.
- Bradford RW, Hill P, Davies C, and Grewe P. 2015. A new tool in the toolbox for large-scale, high throughput fisheries mark-recapture studies using genetic identification. Marine and Freshwater Research http://dx.doi.org/10.1071/MF14423
- Bradford RW, Hobday AJ, Evans K, and Lansdell M. (2009). CMAR code of practice for tagging marine animals. CSIRO Marine and Atmospheric Research Paper 028. CSIRO, Hobart Report 2003/002.
- Clear N, Eveson P, Krusic-Golub K. (2019). Update on SBT direct ageing using vertebrae, providing information on length classes targeted for gene tagging. CCSBT-ESC/1909/11, Twenty Fourth Meeting of the Scientific Committee, Cape Town, South Africa, 2-7 September 2019.
- Polacheck, T., Eveson, J.P., Laslett, G.M. (2006) Estimation of mortality rates from tagging data for pelagic fisheries: analysis and experimental design. Final Report for FRDC Project No. 2002/015. Available at: http://frdc.com.au/research/Documents/Final_reports/2002-015-DLD.pdf
- Preece A, Eveson JP, Davies C, Grewe P, Hillary R and Bravington M. (2015). Report on gene-tagging design study. CCSBT-ESC/1509/18.
- Preece AL, Eveson JP, Bradford RW, Grewe PM, Aulich J, Clear NP, Lansdell M, Cooper S, Hartog J. (2019) Report on the gene-tagging juvenile abundance monitoring program: 2016-2019. CSIRO, Australia. CCSBT-ESC/1909/10.

Seber, G.A.F. (1982) The Estimation of Animal Abundance and Related Parameters, 2nd ed. Charles Griffin, London.

5. MP で使用される近縁遺伝子標識再捕データの仕様

近縁遺伝子標識再捕法(CKMR)では、成魚資源量を推定するとともに成魚資源に関する人工統計学的推定を行うため、多数の魚のサンプルの中から近親の魚(親子ペア(POP)又は半きょうだいペア(HSP))を特定するために近代的な遺伝的手法を用いる(Bravington ら、2016年)。SBTに関するCKMR計画の一環として、2006年以降の毎年、インドネシア産卵海域の成魚及びオーストラリア大湾の若齢魚(3歳魚)から遺伝子サンプルが収集されてきた(Davies ら、2018年)。これらの近縁ペアを確認するための多数の比較作業によって更新された各年のPOP数及びHSP数がCCSBTデータ交換を通じて提供されている。ケープタウン方式では、これらのデータセットは繁殖成魚の資源量指数を提供するための個体群動態モデルで使用され、その上でTACの変更に使用されることとなる(ヒラリーら、2019年)。

インドネシアでは、ベノア漁港において、各産卵期のはえ縄漁獲物を処理する際に全サイズの SBT 成魚から組織サンプルが収集されている。オーストラリアでは、毎年 6-7月の収穫時にポートリンカーンのまぐろ処理施設において SBT 若齢魚から組織サンプルが収集されている。ここでは、3 歳魚からのサンプル収集が確保されるよう、尾叉長 98-109 cm のレンジにある魚からサンプルが収集される。いずれのサンプリング地でも、サンプル収集は収穫シーズン全体を通して可能な限り均等になるように実施されている。

遺伝子型判定に向けて、選択された組織サンプルから DNA が抽出される。 「DArTcap」と呼ばれる遺伝子型判定シーケンスを行うため、抽出した DNA の保存プレートはキャンベラに所在する Diversity Arrays Technology (DArT) に 送付され、シーケンシング完了後のデータはホバートの CSIRO に提出され る。これらのデータは、DArTcap シーケンシングデータ向けに CSIRO が特別 に開発した非常に高度なアルゴリズムによる、データセット中の各魚及び遺 伝子座の遺伝子型コーリング(すなわち対立遺伝子のペアの存在を推定する こと)に使用される。また、各遺伝子座(近縁関係の確認に使用される最大 1,500 までの遺伝子座) ごとに遺伝子型判定のエラー率が推定される。これは HSPの特定において重要となる。遺伝子型コーリングの信頼性が低かった魚 を除外した最終的な近縁関係確認データセットを提供するため、遺伝子型判 定データに対して一連のクオリティコントロール(QC)処理が適用される。 OC 処理はプログラムの過程で進化してきた(また引き続き進化していく可能 性がある)ため、近縁関係確認に使用される抽出サンプルサイズは変化する 可能性があることに留意されたい。表 1 に 2020 年の解析で使用されたサンプ ルサイズを示した。

POP は、Weighted-PSeudo-EXclusion (WPSEX) statistic と呼ばれる modified Mendelian-exclusion statistic 手法を用いて、遺伝子型判定が行われた魚から全ての成魚—若齢魚ペアを特定する(Bravington ら、2017年の別添 B を参照)。2020年の解析で得られた POP 数について、若齢魚の生年及び成魚の捕獲年による内訳を表 2 に示した(この表には、遺伝子型判定法を 2015年に

DArTcap シーケンシングに変更する前の、マイクロサテライトを用いて確認された POP が含まれていることに留意されたい)。

HSP は、pseudo-log-odds-ratio (PLOD) statistic を用いて、遺伝子型判定が行わ れた魚から全ての若齢魚ペアを特定する。PLOD 統計は、HSP である場合と HSPではない場合とを比較し、観察された遺伝子型を有する魚のペアの相対 確率を測定するものである(Bravingtonら、2017年の別添Cを参照)。POP を特定する WPSEX 統計とは異なり、PLOD 統計は HSP と無関係/関係性が 低い魚との間に明確な区別を示さない(Farleyら、2019年の図3及び4を参 照)。このため、HSPの偽陽性数を最小化しつつも推定値が十分正確となる のに十分な数を維持できるような PLOD のより低いカットオフ値を決定する べく、HSPと無関係/関係性の低いペアに関する PLOD 分布の理論的平均及 び近似分散が用いられる。偽陽性が少なくなるよう確保したことの当然の帰 結として、一定数の偽陽性が存在することとなる。偽陽性率は HSP に関する 想定 PLOD 分布を用いて推定され、そしてこれはモデリングの中で許容され ている (Bravington ら、2017年)。 HSP の PLOD 値とより関連の強い魚 (す なわち全きょうだいペア)の PLOD 値との間の区別は明確であることに留意 されたい。2020年の解析で確認された信頼性の高い HSP 数について、きょう だいの生年による内訳を表3に示した。

表1: クオリティコントロールチェックを経た、2020年の近縁関係確認解析に利用可能な魚のサンプル数。成魚に関しては、記載年に終了した漁期(すなわち、2005/06年漁期に収集されたサンプルは2006年と表記)においてインドネシアで収集されたサンプル数を示す。

Year	Adults	Juveniles				
2006	0	1317				
2007	0	1325				
2008	0	1356				
2009	0	1347				
2010	972	1315				
2011	958	963				
2012	536	876				
2013	959	903				
2014	922	899				
2015	0	953				
2016	951	854				
2017	971	948				
2018	700	777				
Total	6969	13,833				

表 2:2020 年の解析で特定された POP 数(マイクロサテライトを用いて特定した POP 数を含む。Bravington ら、2016 年を参照)の若齢魚生年(行)及び成魚漁獲年(列)別内訳。 注)更新されたデータセット全体のクオリティコントロール及び再解析を行っているため、特定された POP の正確な件数及び実施された比較の総数は各年の解析間で異なる場合がある。

	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2016	2017	2018
2002	0	0	0	0	0	NA						
2003	0	5	1	2	0	0	0	1	0	1	0	0
2004	0	2	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0
2005	1	4	5	4	1	0	0	1	2	0	0	0
2006	NA	4	3	2	0	0	0	0	0	0	0	0
2007	NA	NA	3	4	1	3	2	0	2	0	1	0
2008	NA	NA	NA	NA	0	1	1	1	0	0	0	2
2009	NA	NA	NA	NA	0	1	1	1	0	0	0	0
2010	NA	NA	NA	NA	0	0	1	4	0	2	0	0
2011	NA	NA	NA	NA	0	0	1	2	1	2	0	0
2012	NA	NA	NA	NA	0	0	0	1	1	0	0	1
2013	NA	NA	NA	NA	0	0	0	0	0	1	1	3
2014	NA	NA	NA	NA	0	0	0	0	0	0	1	0
2015	NA	NA	NA	NA	0	0	0	0	0	1	0	0

表3:2020年の解析で特定された HSP 数の若齢きょうだい (行) 及び高齢きょうだい (列) による内訳。

注)更新されたデータセット全体のクオリティコントロール及び再解析を行っているため、特定された POP の正確な件数及び実施された比較の総数は各年の解析間で異なる場合がある。

	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
2003	2	4	2	1	0	0	1	0	0	2	0	2	1
2004		6	3	6	2	2	1	0	0	2	0	0	0
2005			5	3	3	3	0	5	1	1	0	2	0
2006				8	4	1	3	5	3	0	1	1	1
2007					3	3	2	2	2	2	2	1	2
2008						5	1	1	2	3	0	1	0
2009							1	2	1	0	0	0	0
2010								2	1	2	1	0	1
2011									3	2	1	0	3
2012										3	2	1	1
2013											2	4	1
2014												2	2
2015													4

参考文献

- Bravington M, Eveson P, Grewe P, Davies C. 2015. SBT Close-Kin Mark-Recapture: options for the medium term. CCSBT-ESC/1509/19.
- Bravington MV, Grewe PM, Davies CR. 2016. Absolute abundance of southern bluefin tuna estimated by close-kin mark-recapture. Nature Communications 7:13162.
- Bravington MV, Eveson JP, Grewe PM, Davies CR. 2017. SBT close-kin mark-recapture with parent-offspring and half-sibling pairs: update on genotyping,

kin-finding and model development. CCSBT-ESC/1709/12.

https://doi.org:10.1038/ncomms13162

- Davies CR, Bravington MV, Grewe PD, Eveson JP, Lansdell M, Hill P, Aulich J. 2018. Close-kin project report. CCSBT-ESC/1809/14.
- Farley J, Eveson P, Bravington M, Grewe P. 2019. Update on the SBT close-kin tissue sampling, processing and kin finding. CCSBT-ESC/1909/08.
- Hillary R, Preece A, Davies C. 2019. Performance of a revised candidate MP using all 3 data sources. CCSBT-ESC/1909/16.

6. MP における標準化 CPUE の仕様

使用されるデータ

MPで使用される CPUE データセットは、日本、オーストラリア(1990 年代の即時漁獲情報調査計画(RTMP))及びニュージーランド(NZ)用船における投縄別の解像度でのはえ縄漁獲量データ及び漁獲努力量データに基づくものである。4歳以上のみなみまぐろ(SBT)が CPUE データセットに使用されている。データセットの最新年については、その時点で利用可能な RTMPを主とする日本のデータから、CPUE(1000 鈎針当たりの SBT 個体数)を計算する。このデータセットから、一定の条件を満たしたコア船のセットが選択される。これらの条件とは、CCSBT 統計海区(海区)4-9、月 4-9、 x (ある年の上位の SBT の漁獲量)=52、y (上位だった年の数)=3 である。

各年のデータセットは、以下によりさらに補正される。

- 南緯50度以南での操業記録を削除する。
- 毎区5での操業を海区4に、及び海区6の操業を海区7に統合する。
- 極端に高い CPUE 値(120 超)を示した操業を削除する。

次に、投縄別データは、標準化される前に月別の5度区画に集計される。集計されたデータ区画で、漁獲努力量がほとんどない区画(10,000 鈎針未満)は削除される。

CPUE 標準化

重み付けがされていない CPUE

集計 CPUE データセットは、次の一般化線形モデル (GLM) ¹を用いて標準化される。

 $log(CPUE+const) = Intercept + Year + Month + Area + Lat5 + BET_CPUE + YFT_CPUE + (Month*Area) + (Year*Lat5) + (Year*Area) + Error$ (1)

ここで、

Area は、CCSBT 統計海区 Lat5 は、5 度区画の緯度 BET_CPUE は、めばちの CPUE YFT_CPUE は、きはだの CPUE

const 西田・辻(1998年)の平均ノミナル CPUE の 10% として

の定数 0.2

「現状では、将来の年において関連する区画の1つのデータが欠落している場合に、相互作用を固定している本セクション及び以降のセクションでのGLMにおいて従うべき手順の仕様はない。

海区の重み付け

以下に記載する海区別に重み付けした CPUE 指数を得るため、1 度区画の解像度に基づいて SBT 分布域を計算した。海区の指数は、赤道沿いの1 度区画の海区サイズを1 と定義した上で、その他の異なる緯度線に沿った1 度区画の海域サイズを、赤道沿いの平方面積の比率として決定する形で計算された。コンスタントスクエア (CS) ²に関する海区の指数は、全年 (1969 から現在まで)を通じて操業が行われた1 度区画の単純な和集合で、四半期、月、統計海区及び緯度 (5 度区画)の各組合せで計算される。ヴァリアブルスクエア (VS)の海区の指数は、漁獲が行われた1 度区画の和であり、年・四半期・月・統計海区及び緯度の各組合せで計算される。VS の区画は、操業が行われた月だけが操業があった区画としてカウントされる。海区の指数の計算にかかるさらなる詳細は西田 (1996 年)に記載されている。

海区に重み付けをした CPUE

上記 (1) に基づく CPUE 標準化で得られた推定パラメータを用いて、以下の式によりコンスタントスクエア (CS) 及びヴァリアブルスクエア (VS) のCPUE 資源量指数を計算する。

$$CS_{4+,y} = \sum_{m} \sum_{a} \sum_{l} (AI_{CS})_{(yy\text{-present})} [exp(Intercept + Year + Month + Area + Lat5 + BET_CPUE + YFT_CPUE + (Month*Area) + (Year*Lat5) + (Year*Area) + \sigma^2/2) - 0.2]$$

$$(2)$$

$$VS_{4+,y} = \sum_{m} \sum_{a} \sum_{l} (AI_{VS})_{ymal} [exp(Intercept + Year + Month + Area + Lat5 + BET_CPUE + YFT_CPUE + (Month*Area) + (Year*Lat5) + (Year*Area) + \sigma^2/2) - 0.2]$$
(3)

 $CS_{4+,y}$ は、4歳+及び y番目の年の CS 資源量指数

*VS*_{4+,y} は、4歳+及び y 番目の年の VS 資源量指数

(AIcs)_(yy-present) は、CS モデルの yy 年 - 現在までの期間(標準化の期間に

よって yy は 1969年又は 1986年) の海区の指数

 $(AI_{VS})_{ymal}$ は、VSモデルの y番目の年、m番目の月、a番目の SBT統

計海区、1番目の緯度の海区の指数

σ は、GLM 解析における平均平方誤差

その後、次の式により w0.5 及び w0.8(B-ratio proxy 及び geostat proxy)の CPUE 資源量指数が計算される(著者なし、2001a)。

$$I_{y,a} = wCS_{y,a} + (1 - w)VS_{y,a}$$
 where $w = 0.5$ or 0.8 (4)

最終的な CPUE 入力シリーズは、w0.5 シリーズと w0.8 シリーズの算術平均である。

 $^{^2}$ コンスタントスクエア及びヴァリアブルスクエアの CPUE の解釈の説明については、著者なし(2001b)を参照。

データの補正

主にRTMPデータから生成された直近年の推定CPUE値は、直近3年のログブックデータを用いた「ログブックに基づくCPUE/RTMPに基づくCPUE」の比率の平均を用いて補正される。

1986年から直近年までの期間の海区で重み付けされた CPUE シリーズは、この後、西田・辻(1998年)で記載された次の GLM(式 5)を用いて、5 度区 画で月別に海区 4-9 及び 4 月から 9 月までの全船(すなわちコア船とその他漁船の両方)の 1969 年から 2008 年までの過去の CPUE シリーズに対して較正される。

$$log(CPUE+const) = Intercept + Year + Quarter + Month + Area + Lat5 + (Quarter*Area) + (Year*Quarter) + (Year*Area) + Error$$
(5)

ここで、

const

は平均ノミナル CPUEの10%

モニタリングのための CPUE シリーズ

資源状況及びMPの実施状況のモニタリングを目的として、次の2つの追加的CPUEシリーズが使用される予定である。

- (1) 上述の手続きと同様。ただし、5 度区画の集計データではなく、投縄別レベルで行う。
- (2) 上述の手続きと同様。ただし、以下に記載するよりシンプルな GLM を用いる。

log(CPUE+0.2) = Intercept + Year + Month + Area + Lat5 + (Month*Area) + Error (6)

管理方式に入力される過去の CPUE シリーズ

MPで使用される CPUE シリーズは、ベースとなる CPUE シリーズ(w0.5 及び w0.8)の平均値であり、1989-2005 年における LL 過剰漁獲ケース 1 に関して調整されたものである。過剰漁獲補正は、MP 試験で使用したベースケースのオペレーティング・モデルと同じ仮定、すなわち(i) 無報告漁獲量の25% は LL1報告漁獲努力量に起因する、及び (ii) LL 過剰漁獲はサブ船団(ただしオーストラリアの合弁船及びニュージーランドの用船を除く)、海域及び月の中でノミナル漁獲量の割合に応じて配分されるとの仮定(すなわち 2009 年 OMMP 会合報告書別紙 4 のオプション A)に基づいている。2009 年には、1985-2005 年に関して婁及び日高が提示したケース 1 のマーケット推定値に一致する LL1 過剰漁獲の範囲(2005 年の未報告漁獲量は 2004 年の未報告漁獲量と同量として設定)は、漁獲から市場流通までのタイムラグを考慮した新たな方程式を用いて再推定された(出典:2009 年 OMMP と会合報告書別紙 4)。

漁獲量及び CPUE 乗数の推定値は表 2 のとおりである。CPUE 漁獲量の一部分(オーストラリア合弁船及びニュージーランド用船団に由来するもの)は過剰漁獲による影響を受けないので、CPUE の乗数は厳密には 0.25 ではない。MPへの入力として使用される過去の CPUE シリーズは、次の式を用いて計算される。

 $CPUE = (w0.5 + w0.8)/2 * (1 + (Catch_multiplier - 1) * CPUE_multiplier)$

表 2:LL CPUE ケース 1 調整に関する年別 CPUE 乗数及び漁獲量乗数

	CPUE	Catch
	multiplier	multiplier
Year	S=0.25-A	Case 1
1983	0.25	1
1984	0.25	1
1985	0.25	1
1986	0.25	1
1987	0.25	1
1988	0.25	1
1989	0.244	1.28
1990	0.249	1.8
1991	0.25	1.53
1992	0.275	1.24
1993	0.273	1.62
1994	0.266	2.66
1995	0.247	2.14
1996	0.25	2.2
1997	0.246	2.6
1998	0.247	1.82
1999	0.248	1.77
2000	0.247	2.13
2001	0.248	2.16
2002	0.249	2.13
2003	0.249	1.92
2004	0.248	1.75
2005	0.249	1.69
2006	0	1

参考文献

- Anonymous. 2001a. Report of the Fifth Meeting of the Commission for the Conservation of Southern Bluefin Tuna, Scientific Committee. 19-14 March 2001, Tokyo, Japan.
- Anonymous. 2001b. Report of the SC to CCSBT on the Scientific Research Program. Attachment D in Report of the Fifth Meeting of the Commission for the Conservation of Southern Bluefin Tuna, Scientific Committee. 19-14 March 2001, Tokyo, Japan.
- Nishida, T. 1996. Estimation of abundance indices for southern bluefin tuna (Thunnus maccoyii) based on the coarse scale Japanese longline fisheries data. Paper submitted to the Commission for the Conservation of Southern Bluefin Tuna, Scientific Meeting. CCSBT/SC/96/12. 26 pp.
- Nishida, T. and S. Tsuji. 1998. Estimation of abundance indices of southern bluefin tuna (Thunnus maccoyii) based on the coarse scale Japanese longline fisheries data (1969-97). Paper submitted to the Commission for the Conservation of Southern Bluefin Tuna, Scientific Meeting. CCSBT/SC/9807/13.27 pp.
- Parma, A. (2009). Catch and CPUE scenarios. Attachment 4, Report of the CCSBT Operating Model and Management Procedure Technical Meeting, 13 17 July 2009, Seattle, USA.

7. ケープタウン方式におけるメタルール

序文

メタルールは、管理方式(MP)の実施における一連の慣例と考えることができる。これには、MPが算出した総漁獲量(TAC)の適用はきわめてリスクが高い又は不適切と見なされるような例外的状況が発生した場合にどうするべきかを予め規定した「ルール」が含まれる。メタルールは、微小な調整やMPから算出されたTACに「あれこれ手を加える」メカニズムではない。例外的な状況を極めて具体的に定義して、全ての可能性を網羅することは難しい。その代わりに、例外的な状況が存在するかどうか、及びこうした状況から惹起される影響がMPにより助言されたTACの修正を必要とするほどに重大であるかどうかを判断するプロセスを下記に記載する。例外的状況に関する規定を発動する必要性は、ESCに提出されレビューされた情報に基づいて、ESCによってのみ評価されるべきである。

この文書で示す例は、全て例証であり、完全又は網羅的なリストではない。

例外的な状況が存在するかどうかを判断するプロセス

毎年 ESC は、

- 資源及び漁業指標並びに資源及び漁業に関連するその他のデータ又は 情報をレビューする。
- MPへの入力が影響を受けているかどうかを検討及び精査する。
- 個体群動態が MP 試験で用いられたもの(2019年の OM リファレンス セット)と大きく異なる可能性があるかどうかを検討する。
- 漁業又は漁業操業が大きく変化したかどうかを検討する。
- 直近の漁獲及びその他の死亡量が MP による勧告 TAC を上回っている かどうかを検討する。

上述のレビューに基づき、例外的な状況を示す証拠があるかどうかを判断する。

例外的な状況の可能性として以下のケースを含むが、これらに限定されない。

- 遺伝子標識放流による若齢魚資源量の推定値が、MPの試験(すなわち 2019年のOMリファレンスセット)の範囲(予測における95%確率区間)³外にある。
- CPUEの結果が、MPの試験範囲外にある。

³「範囲」とは、MPの試験に使用されたオペレーティングモデル(すなわち 2019 年 OM)のリファレンスセット(「グリッド」)の下で、該当する測定値の将来予測の 95 % 確率区間を指す。

- 既存の MP の試験に使用されたオペレーティングモデルに相当な影響 があると考えられる個体群動態に関する知見に大幅な向上または新規 の知見が得られた。
- MPの入力データの欠如⁴により、MPを利用して(すなわち MPが試験 された方法と一環した形で)TACの算出ができない。

3年ごと(MPが新しいTACを算出する年と重ならない)にESCは、

- 資源の詳細評価を実施する。
- 資源評価、指標及びその他の関連情報に基づいて、例外的な状況の証拠があるかどうかを判断する(例外的な状況の例として、資源評価の結果が、MPの評価で、オペレーティングモデルのリファレンスセットの下で計算されシミュレートされた資源の軌道の範囲から大きく外れている場合が考えられる)。

6年ごと(MPが新しいTACを算出する年と重ならない)にESCは、

- MPのパフォーマンスをレビューする。
- レビューに基づいて、再建目標を達成するために MP が順調に作動しているか、又は新しい MP が必要かどうかを判断する。

仮に、ESC が例外的な状況の証拠はない、又は十分な証拠はないと結論付け たならば、ESC は、

例外的な状況が存在しないことを拡大委員会に報告する。

仮に、ESC が例外的な状況が存在すると合意したならば、 ESC は、

「行動のプロセス」に従う。

行動のプロセス

例外的な状況が存在すると判断された場合は、ESC は同年に次のことを実行する。

- 例外的状況の重大性(例えば CPUE がどの程度大きく「範囲から外れている」か)について検討し、可能な場合は、これが MP のパフォーマンスに及ぼす可能性がある影響を精査する。
- TAC の変更が必要と考えられる場合は、行動のガイドラインに従う (下記参照)。
- 必要とされる行動についての助言をまとめる(例えば、「例外的な状況」の重大性及び影響は軽度であると見なされた場合の助言は、TACを直ちに変更するのではなく、MPのレビュー又は周辺データを収集して次回のESCでレビューするということもあり得る)。

⁴遺伝子標識放流データがない年は、5年間の荷重平均において重み付けがゼロとなる。

• 例外的な状況が存在することを拡大委員会に報告し、取るべき行動に ついて助言する。

行動のガイドライン

TACが高すぎることに伴うリスクがある場合、以下のような TAC 変更を検討する。

- a) MPで算出された TAC を上限とする。
- b) 重大性に応じて、TACにx%の変更を加える。

TAC が低すぎることに伴うリスクがある場合、以下のような TAC 変更を検討する。

- a) MPで算出されたTACを最小とする。
- b) 重大性に応じて、TACにx%の変更を加える。

資源評価の更新及び指標のレビューが直ちに実施され、その評価から得られた将来予測に基づいて、上記で言及したx%の値を選択する。

拡大委員会は次のことを実行する。

- ESC からの助言を検討する。
- 行動を決定する。

メタルール実施の例

科学航空目視調査のタイムシリーズのうち、2012年の非常に低いデータ点は、バリ方式の試験に使用された予測範囲の境界線上にあることが確認された(なお、この指数はケープタウン方式では使用されていない)。ESCは、加入量に関して利用可能なデータ、解析結果及び追加情報を検討した。バリ方式は低加入量シナリオに対する頑健性を示していたことを踏まえ、ESCは、委員会に対し、当該年のTACに対する行動は不要であるものの、次回ESCにおいて環境及び漁業データのさらなる解析について検討すべきことを勧告した。

他の年にも例外的状況(ネガティブなものとポジティブなものの両方)が確認されたが、ESC はバリ方式により算出された TAC を変更するための行動を勧告したことはない。むしろ ESC は、追加的な情報の収集(例えば航空目視調査の停止後の遺伝子標識放流の導入)又はメタルール・プロセスにおける代替的な行動(例えば新たな MP の開発)を勧告し、委員会はこれらの勧告を採択してきたところである。

メタルールのフローチャート

図1:メタルール・プロセスの フローチャート



