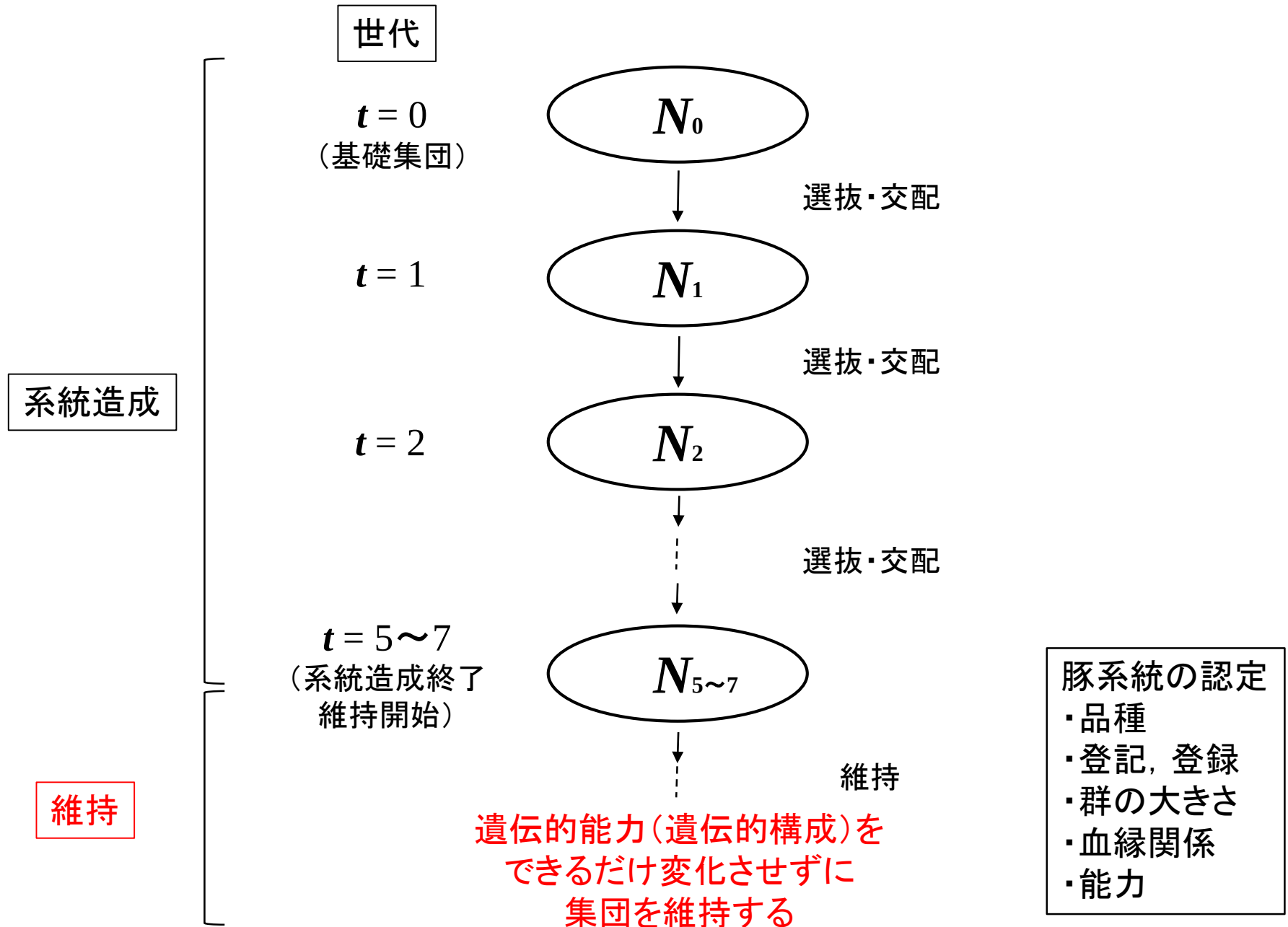


生物小集団の遺伝的構成の維持について

神戸大学大学院農学研究科
附属食資源教育研究センター
本多 健

ブタの系統造成と維持



ブタの系統造成と維持

●: + 遺伝子
○: - 遺伝子

世代

$t = 0$
(基礎集団)

50頭

●	×	30
○	×	70

選抜・交配

$t = 1$

50頭

●	×	40
○	×	60

選抜・交配

$t = 2$

50頭

●	×	50
○	×	50

選抜・交配

$t = 5 \sim 7$
(系統造成終了
維持開始)

50頭

●	×	80
○	×	20

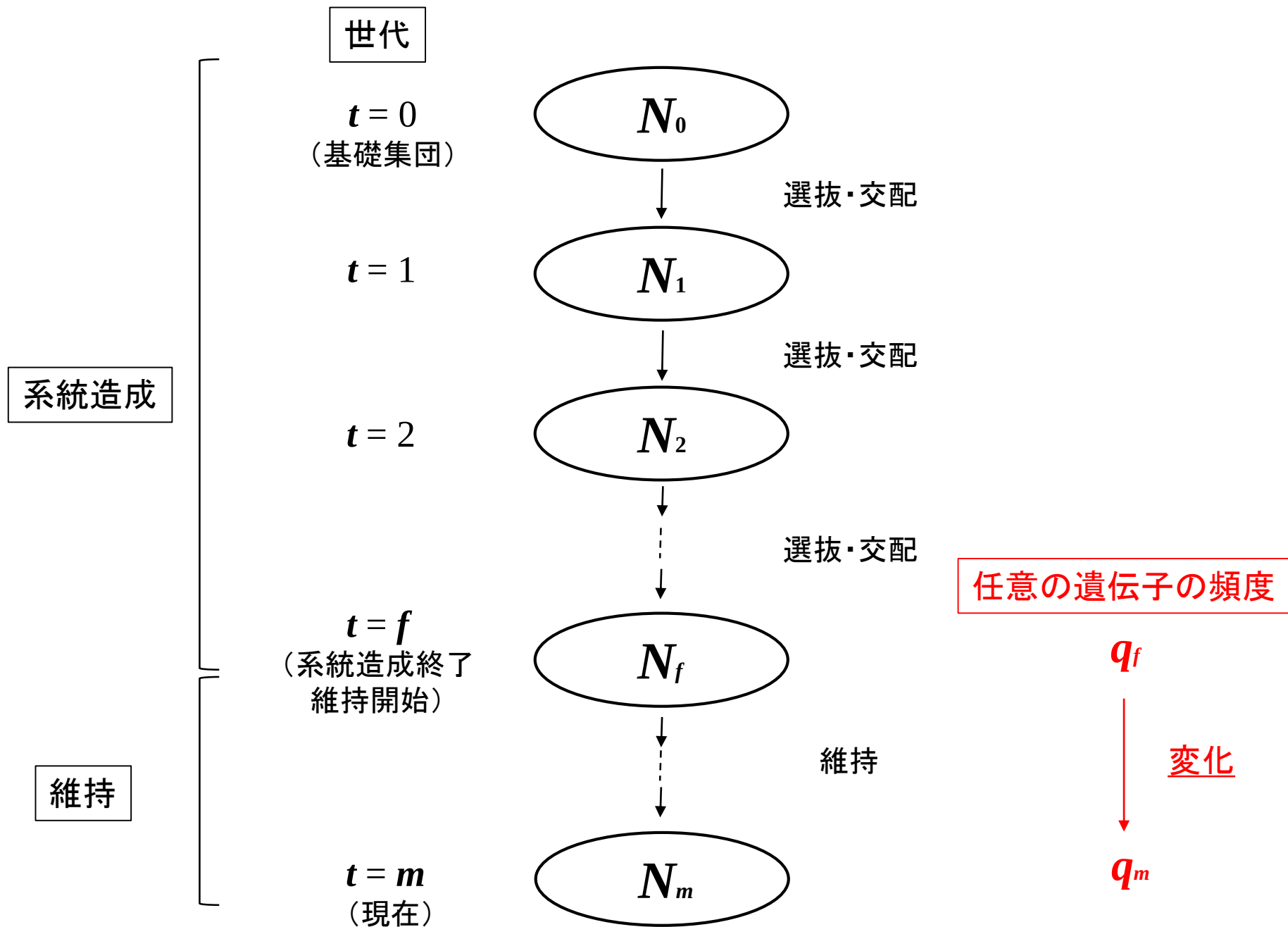
維持

●の頻度 = 0.8 ○の頻度 = 0.2
の構成をできるだけ変化させずに集団を維持する

系統造成

維持

ブタの系統造成と維持



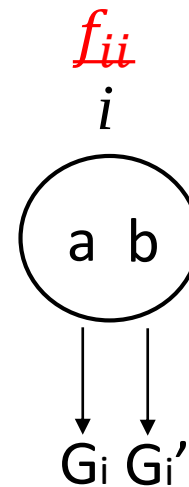
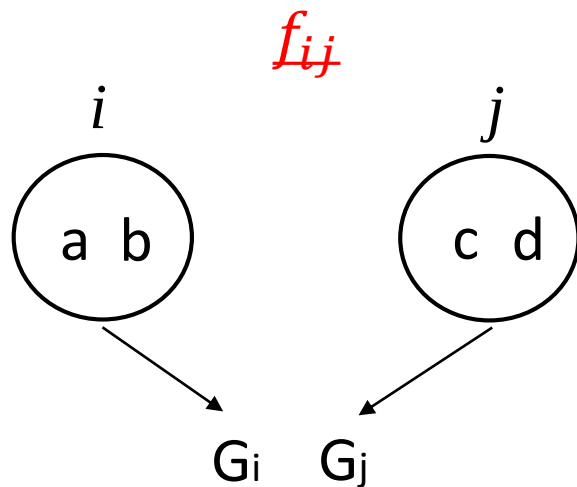
遺伝子頻度の変化量:

$$E \left[(q_m - q_f)^2 \right] = \frac{2N_f}{2N_f - 1} \left(\bar{f}_m - \frac{1}{2N_f} \right) q_f (1 - q_f)$$

ここで, $\bar{f}_m$ は現在の集団 ($t = m$) の平均共祖係数
(維持開始世代 ($t = f$) がベース)

共祖係数 (coancestry または kinship)

共祖係数: 異なる2個体 (i と j) の間の血縁関係の強さを表す尺度 (f_{ij})
または
ある個体 (i) の自身の血縁の高まりを表す尺度 (f_{ii})



$$f_{ij} = \Pr(G_i \text{ と } G_j \text{ が同祖的})$$

$$= \Pr(G_i \text{ と } G_j \text{ が同じ遺伝子のコピー})$$

$$f_{ii} = \Pr(G_i \text{ と } G_i' \text{ が同祖的})$$

$$= \Pr(G_i \text{ と } G_i' \text{ が同じ遺伝子のコピー})$$

$$(F_i = 2f_{ii} - 1)$$

遺伝子頻度の変化量:

$$E \left[(q_m - q_f)^2 \right] = \frac{2N_f}{2N_f - 1} \left(\bar{f}_m - \frac{1}{2N_f} \right) q_f (1 - q_f)$$

ここで, $\bar{f}_m$ は現在の集団 ($t = m$) の平均共祖係数
(維持開始世代 ($t = f$) がベース)

平均共祖係数

$$\begin{array}{c} N_m \text{行} \\ \left(\begin{array}{cccc} f_{11} & f_{12} & \cdots & f_{1N_m} \\ f_{21} & f_{22} & \cdots & f_{2N_m} \\ \vdots & \vdots & & \vdots \\ f_{N_m 1} & f_{N_m 2} & \cdots & f_{N_m N_m} \end{array} \right) \\ N_m \text{列} \end{array} \longrightarrow \bar{f}_m = \frac{1}{N_m^2} \sum_{i=1}^{N_m} \sum_{j=1}^{N_m} f_{ij}$$

遺伝子頻度の変化量:

$$E \left[(q_m - q_f)^2 \right] = \frac{2N_f}{2N_f - 1} \left(\bar{f}_m - \frac{1}{2N_f} \right) q_f (1 - q_f)$$

ここで, $\bar{f}_m$ は現在の集団 ($t = m$) の平均共祖係数
(維持開始世代 ($t = f$) がベース)

→ 遺伝子頻度の変化を最小にするには $\bar{f}_m$ を最小にすればよい

(Saura et al. 2008 (Conserv Biol 22))

→ MC (Minimum Coancestry) 法

MC法を改良できないか？

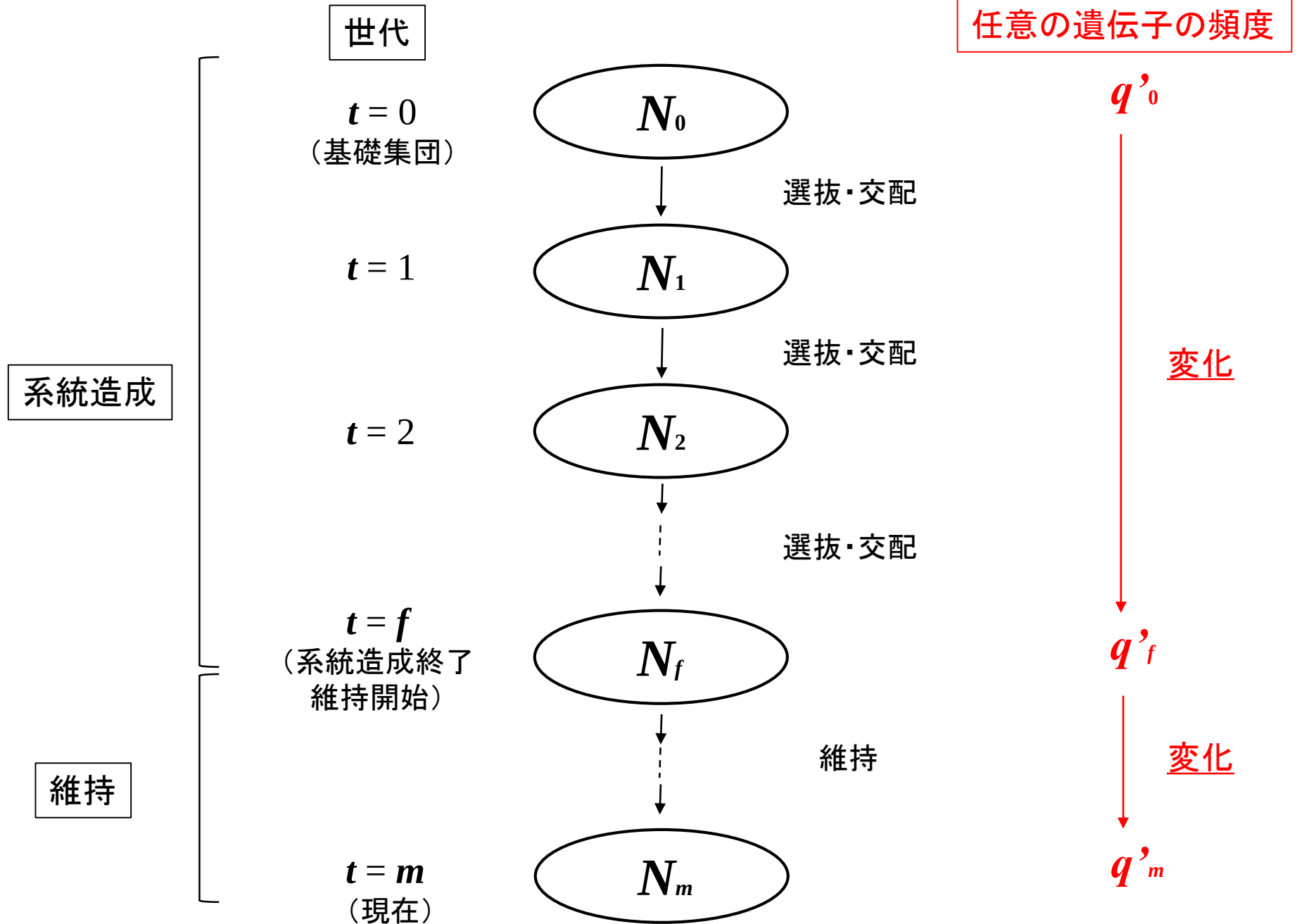
$$E \left[(q_m - q_f)^2 \right] = \frac{2N_f}{2N_f - 1} \left(\bar{f}_m - \frac{1}{2N_f} \right) q_f (1 - q_f)$$

ここで, $\bar{f}_m$ は 現在の集団 ($t = m$) の平均共祖係数
(維持開始世代 ($t = f$) がベース)



維持開始世代 ($t = f$) 以前の血統情報を利用すれば
遺伝的構成の変化をより効果的に抑制できないか？

MC法を改良できないか？



遺伝子頻度の変化量:

$$E \left[(q'_m - q'_f)^2 \right] = \frac{2N_0}{2N_0 - 1} (\bar{f}'_f + \bar{f}'_m - 2\bar{f}'_{fm}) q'_0 (1 - q'_0)$$

ここで, $\bar{f}'_f$ は世代 $t = f$ の集団の平均共祖係数

$\bar{f}'_m$ は世代 $t = m$ の集団の平均共祖係数

$\bar{f}'_{fm}$ は世代 $t = f$ と m の集団の間の平均共祖係数

(すべて世代 $t = 0$ がベース)

$\bar{f}'_f + \bar{f}'_m - 2\bar{f}'_{fm}$ は Nei's minimum distance (d_m) $\times 2$

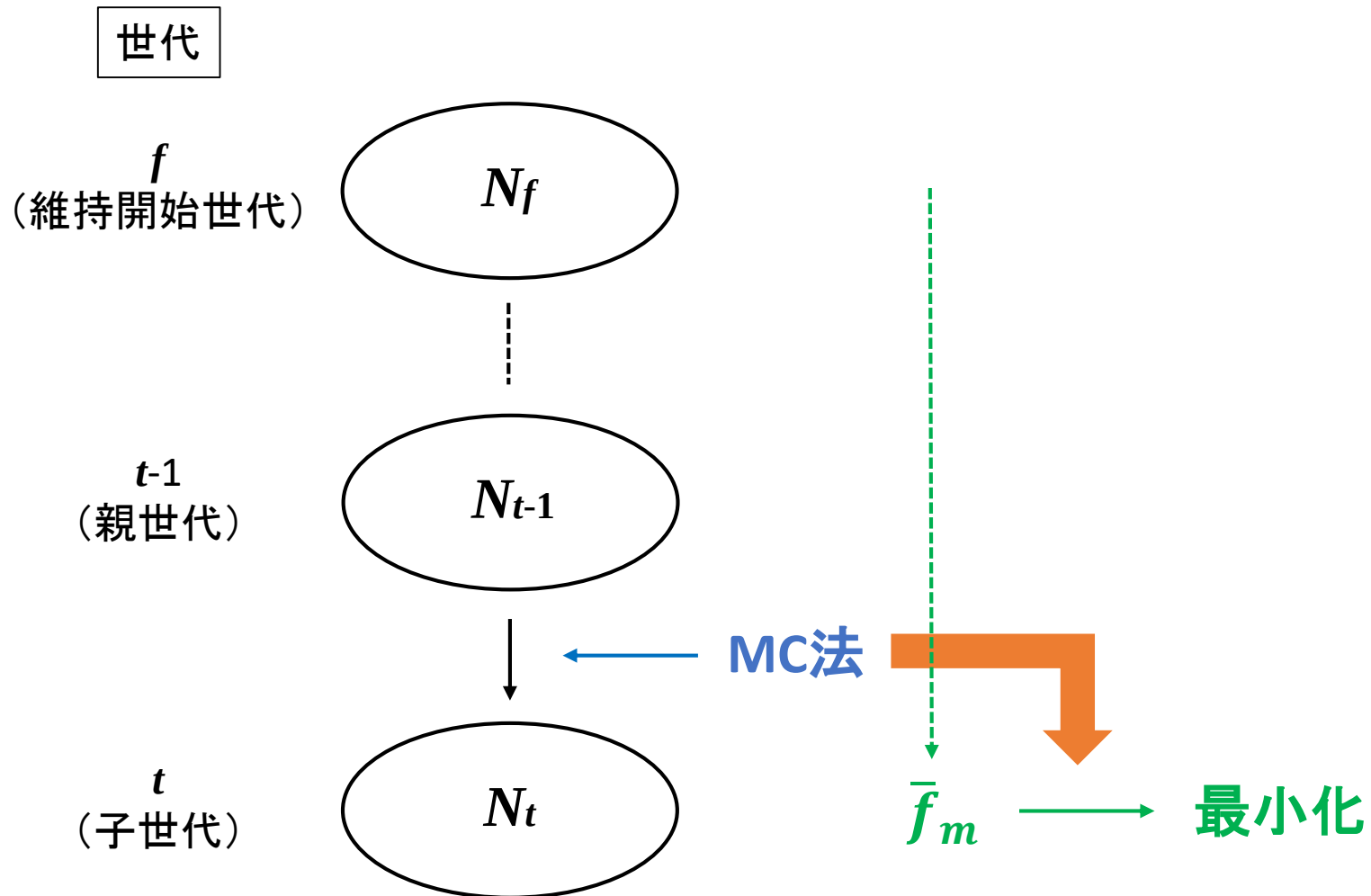
→ 遺伝子頻度の変化を最小にするには d_m を最小にすればよい

→ MD (Minimum Distance) 法

3つの遺伝的管理法(MC法, MD法およびEQ法)

- ① **MC法**: 次世代(世代 t)を生産する際に,
次世代の**平均共祖係数**($\bar{f}_m$)が最小化されるように
各親(世代 $t-1$)が残す子の数を決定する

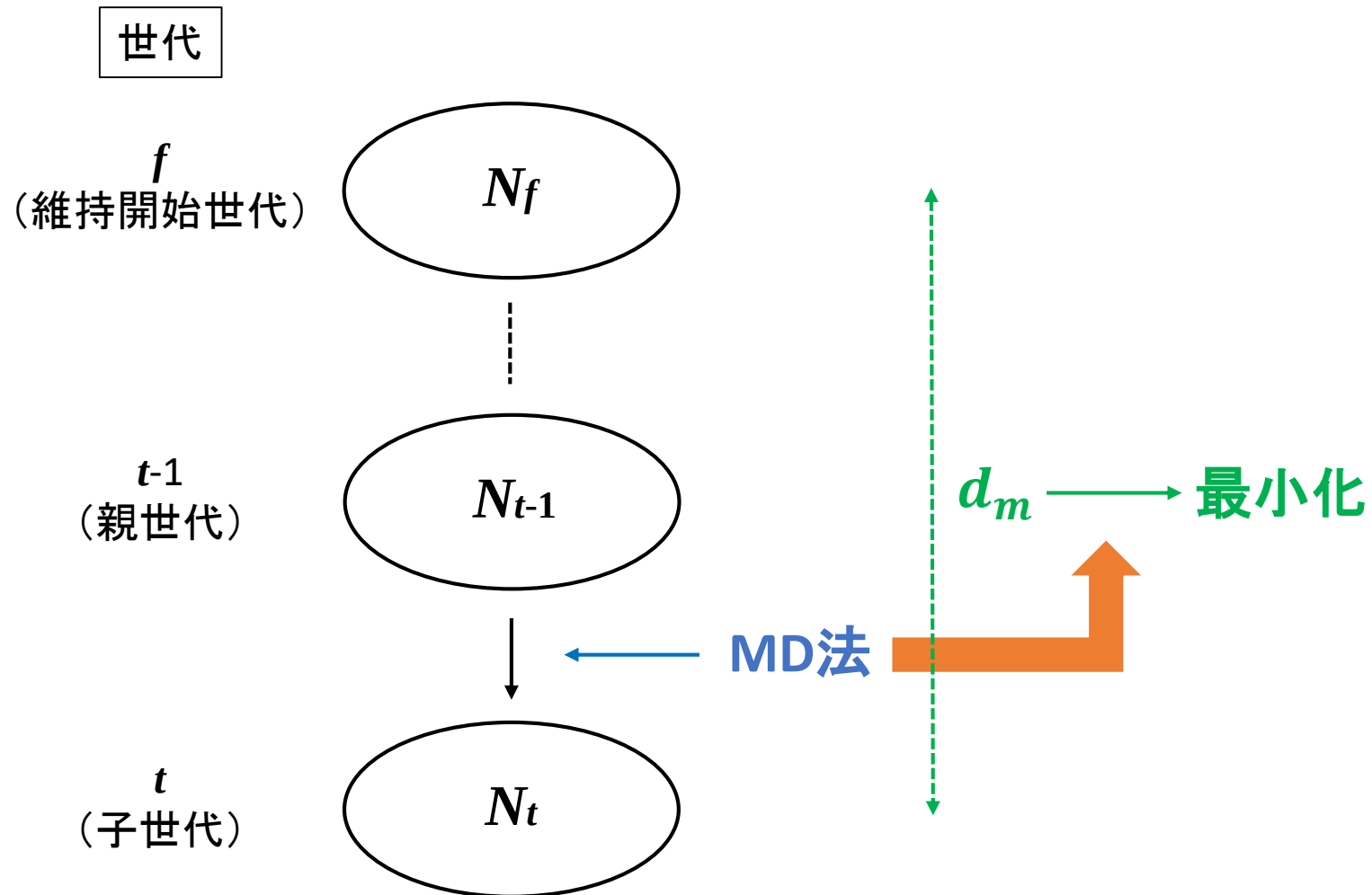
(既存の手法)



3つの遺伝的管理法(MC法, MD法およびEQ法)

- ② **MD法**: 次世代(世代 t)を生産する際に,
次世代(世代 t)と維持開始世代の間の**最小遺伝距離**(d_m)が最小化されるように
各親(世代 $t-1$)が残す子の数を決定する

(本研究の提案)



3つの遺伝的管理法(MC法, MD法およびEQ法)

- ③ **EQ法**: 次世代を生産する際に,
各親(世代 $t-1$)が次世代(世代 t)に残す子の数をできるだけ等しくそろえる
(家系サイズの分散を最小化する)

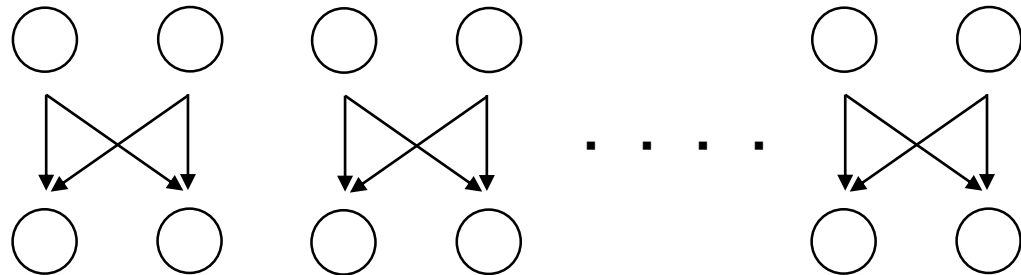
(既存の手法)

ex.

世代

$t-1$
(親世代)

t
(子世代)



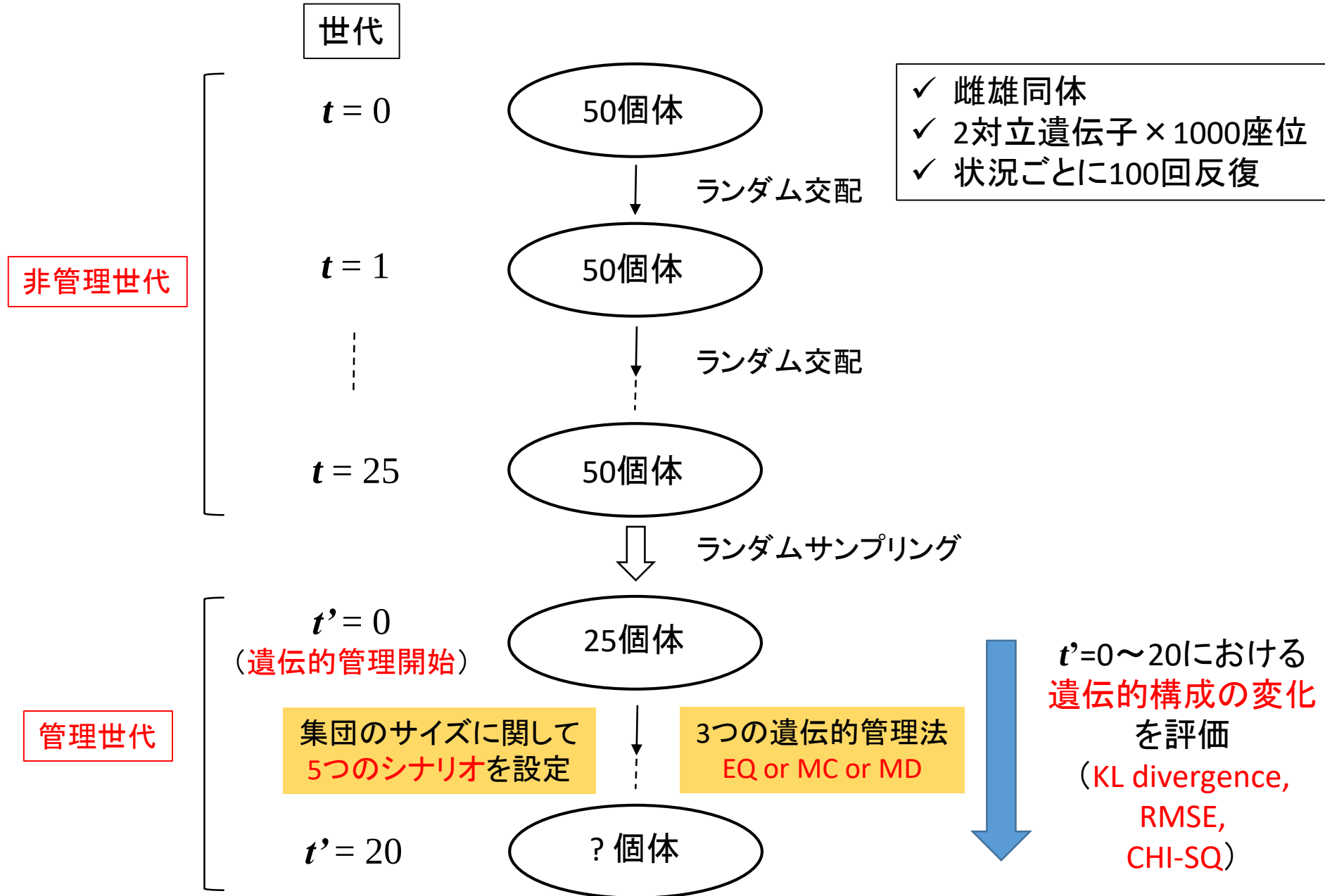
集団の有効な大きさ(N_e)の公式

$$N_e = \frac{4N - 2}{2 + \sigma_k^2}$$

N = 集団のサイズ

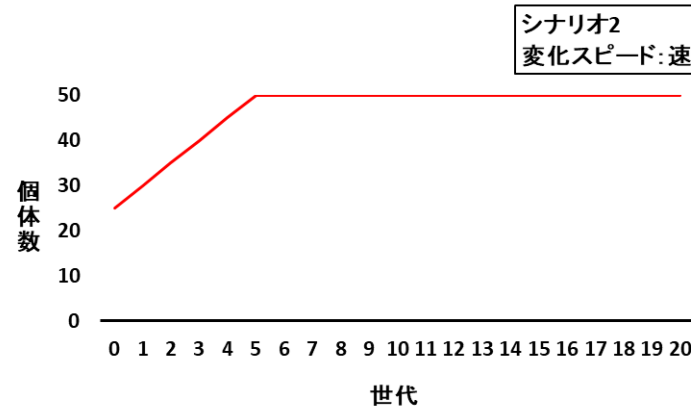
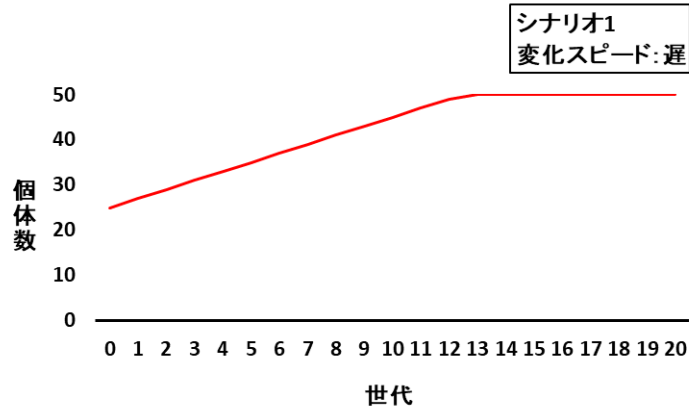
σ_k^2 = 家系サイズの分散

EQ法 vs MC法 vs MD法 (コンピュータ・シミュレーションによる比較)

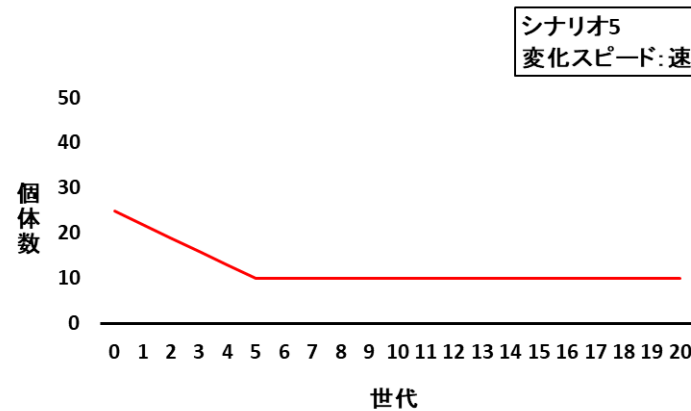
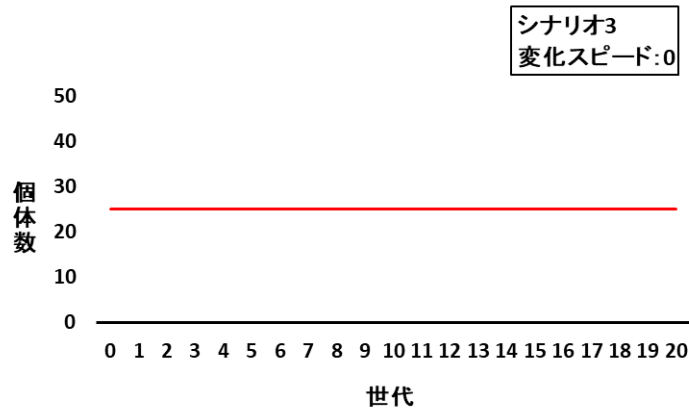


集団サイズに関する5つのシナリオ

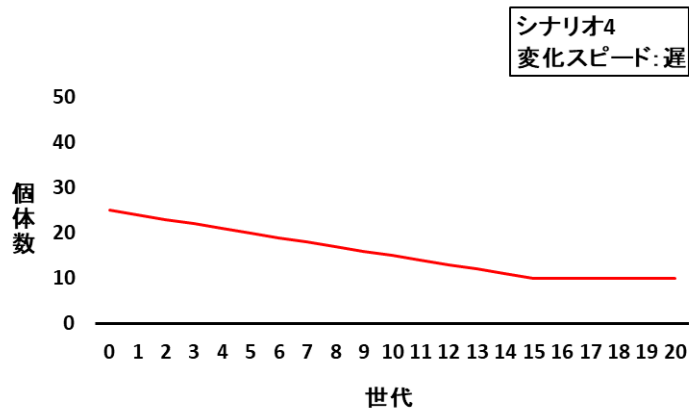
増加



一定



減少



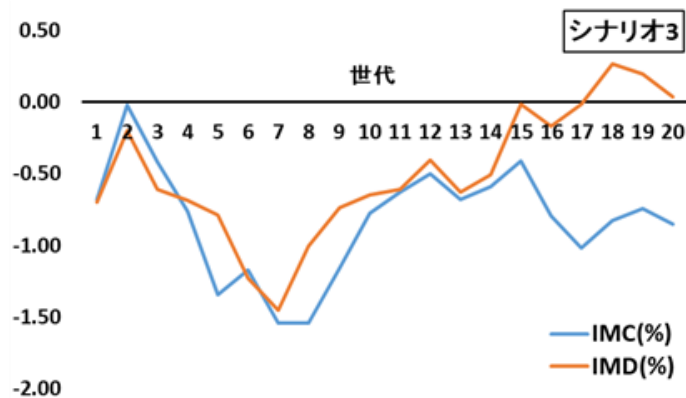
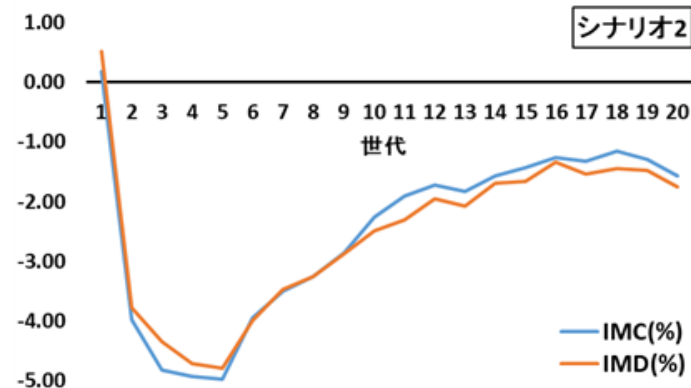
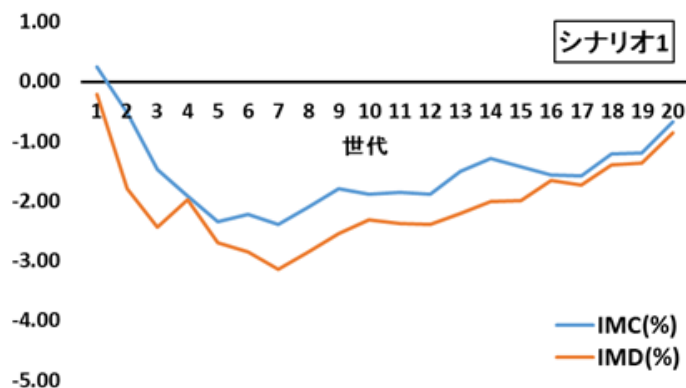
MC法とMD法はEQ法と何%異なるか？

$$\text{IMC} = \frac{\text{KLの平均値(MC法)} - \text{KLの平均値(EQ法)}}{\text{KLの平均値(EQ法)}} \times 100 (\%)$$

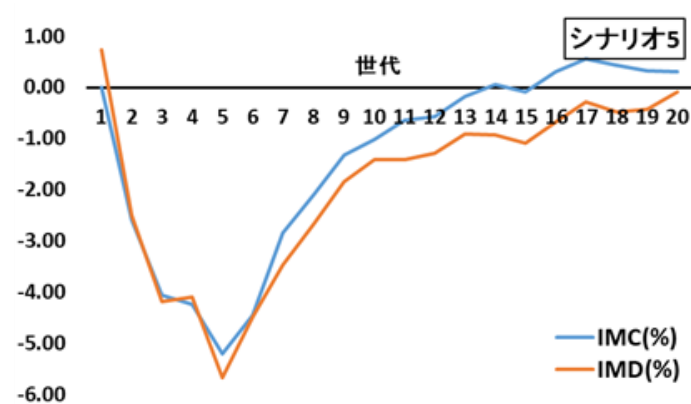
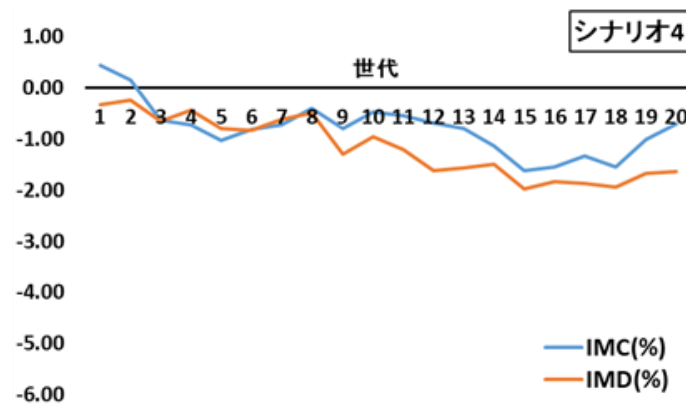
$$\text{IMD} = \frac{\text{KLの平均値(MD法)} - \text{KLの平均値(EQ法)}}{\text{KLの平均値(EQ法)}} \times 100 (\%)$$

IMCおよびIMDは小さい方が好ましい

シミュレーション結果



(IMCおよびIMDは小さい方が好ましい)



シミュレーション結果(統計学的検定の結果)

○ および $\Delta \rightarrow$ MD法が有意に優れている

● および ▲ → MC法が有意に優れている

[illegible]

まとめ

- ✓ MD法は, とくに集団サイズが減少するとき, わずかであるがMC法を改良する
- ✓ より現実的なシミュレーションによる比較が必要
- ✓ 遺伝的多様性(ヘテロ接合性)の維持も勘案した理論的検討を行いたい