

空間構造を持つ集団の系図学

小中弘幸 佐藤一憲
静岡大学理工学研究科

Kingman (1982) によって定式化された sampling theory はさまざまな形で発展してきた．近年では Griffiths (1991) が遺伝的組換えのモデルについて，Hudson ら (1988) が自然選択の働く機構について，それぞれ解析を行っている．また，Krone & Neuhauser (1997) は Biased voter model を用いて genealogical process を定義し直したし，Rannala (1996) や Wakeley (1998) は地理的構造を持つ集団のプロセスを island model を用いて解析している．

本研究では，格子モデルを用いて，集団の地理的構造を導入したモデルの解析を行う．

半数体の個体はそれぞれ遺伝子 A_1 または A_2 をもち，格子上に配置される．各個体の置換率を次のようにきめる．

$$\begin{aligned} A_1 &\rightarrow A_2 \quad \text{at rate} \quad \lambda_2 \times n(2) \\ A_2 &\rightarrow A_1 \quad \text{at rate} \quad \lambda_1 \times n(1) \end{aligned}$$

ただし， $n(1), n(2)$ は当該サイトの周りにいる A_1, A_2 遺伝子の個数である．また，個体は子孫を残すときあるレートで突然変異を起こす．このプロセスが定常状態に達したとき，ランダムに n 個の遺伝子をサンプルし，時間を逆の方向にたどるという方法を用いて解析する (dual process) ．次のような量に興味がある．

- (1) 祖先 (Ultimate Ancestor) に到達するまでの待ち時間 T_{UA} の期待値
- (2) ランダムに選んだ 2 つのサンプルの最も近い共通祖先
(Most Recent Common Ancestor = MRCA) に関して
同じ祖先をもつ (identity by descent = IBD) 確率
- (3) 突然変異数の期待値

などを計算する．