

## 量的形質の進化に関する個体群ベースモデル

山田聡美 高須夫悟 重定南奈子  
奈良女子大学 人間文化研究科 情報科学専攻

量的形質は一般的に、個々の関与が小さな複数の遺伝子座が関係して発現すると考えられる。本研究では形質の進化が個体群動態に及ぼす影響に注目する。個体群動態に影響を及ぼしうる量的形質が進化する場合であり、特に注目する形質が有性的に遺伝する場合を想定し、数理モデルによる解析を行う。

量的形質の遺伝に関してはいくつかの理論モデルが提出されているがその多くは理想的な状況の下で注目する量的形質に関する決定論的なダイナミクスに基づくものである。本研究では、複数遺伝子座が相加的に関与して量的形質が発現するという仮定の下で、確率論的な個体ベースモデルシミュレーションを行い、従来の決定論的なダイナミクスに基づくモデルとの比較を行う。

### A simulation study on adaptive dynamics of a quantitative trait

Satomi Yamada Fugo Takasu Nanako Sigesada

Division of Information and Computer Sciences, Nara Women's University

A heritable quantitative trait in general is an expression that results from accumulated small contributions of a certain number of genes at multiple loci. In this study, we analyze both the evolution of a quantitative trait and the consequence of it on the population dynamics. We assume a population where the trait in focus could be either the intrinsic growth rate or the carrying capacity and investigate how the evolution of the trait affects properties of the population dynamics.

Furthermore we are curious to know what difference emerges when compared with a realistic model based on stochastic individual-based model. We construct IBM and analyze it by simulation and then derive a deterministic dynamics corresponding to the IBM. The difference between the two models is discussed.

量的形質は一般的に、複数の遺伝子座が関係していると言われている。それぞれ個々の遺伝子座の関与は小さく、小さな効果が積み重なって形質が量的に発現すると考えられている。量的な変異の遺伝は、環境要因などの他の要因に比べて効果の小さい遺伝因子に支配されているため、量的な変異が常にそうとは限らないが、大抵は多数の遺伝子座上の遺伝子の違いに影響される。この量的形質の進化について、量的な形質が有性的に遺伝する場合に着目して考える。又、この量的形質の時間変化と同時に、個体群動態についても解析する。個体群動態とは、個体密度の時間変化のことである。これまで研究されてきた量的形質の進化モデルは形質の進化にのみ着目したもので、個体群動態を考慮したものは少ないため、今回は量的形質と個体群動態の2つに着目して解析を行う。

解析を行うモデルの遺伝様式は、

- 1) 各個体は複数の遺伝子座を持つとする
- 2) 各遺伝子座には2つの対立遺伝子 (0 or 1) が存在するとする
- 3) 個体の形質  $x$  は各遺伝子の1の総数によって決まる

という条件を基にするものとする。これを確率論的モデル (Individual Based Model) を用いてシミュレーションを行い、形質  $x$  の関数として個体の fitness  $R(x)$  が与えられた時、形質  $x$  の時間変化と個体群動態はどうなるかについて解析する。

この場合について、IBM に対応する、積分差分方程式を用いた決定論的モデルとの比較も行う。

決定論的モデルは、子供の形質は両親の中間値の周りに分布すると仮定すると、実際の遺伝メカニズムを考慮した場合、必ずしも正しくないと言われている。そこで、今回は、現実的な遺伝メカニズムを IBM でシミュレーションしておおまかな振る舞いを調べ、対応する決定論的モデルの仮定が成り立つかどうかを検証する。又、決定論的モデルの仮定が近似的に成り立つための条件 (遺伝子座の数、総個体数 etc) を探る事を目的として解析を行う。