



# 集団遺伝学実習

Lab. Crop Evolution

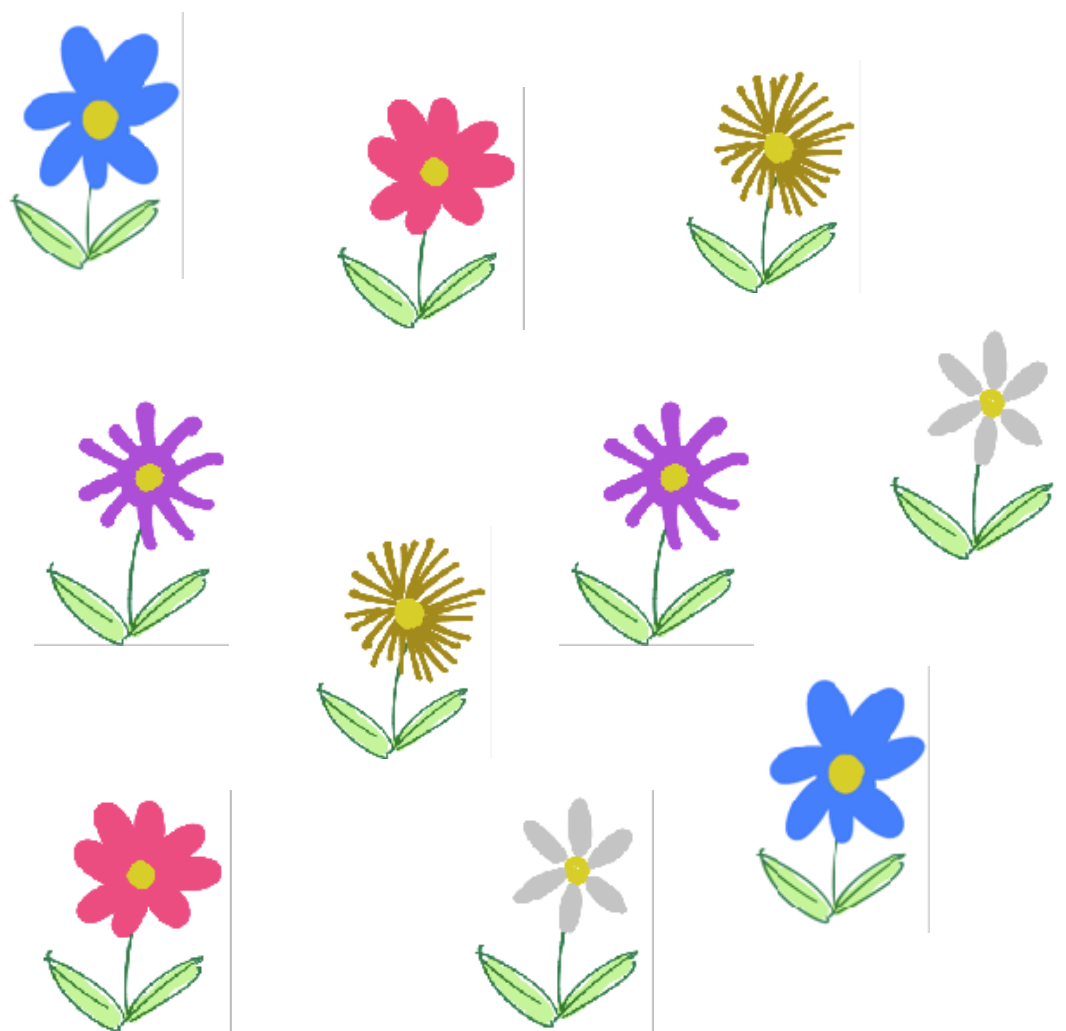


多様性とはなんだろうか？

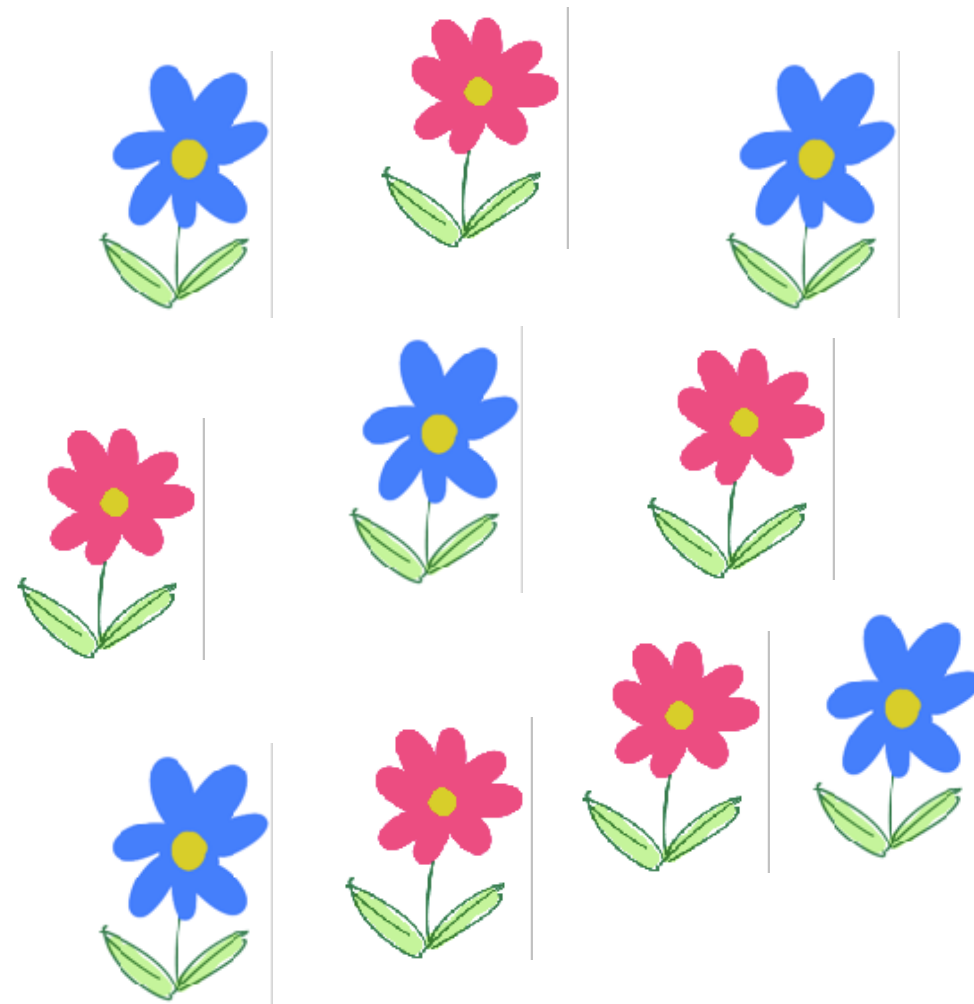


# どちらが多様だと思いますか？

A

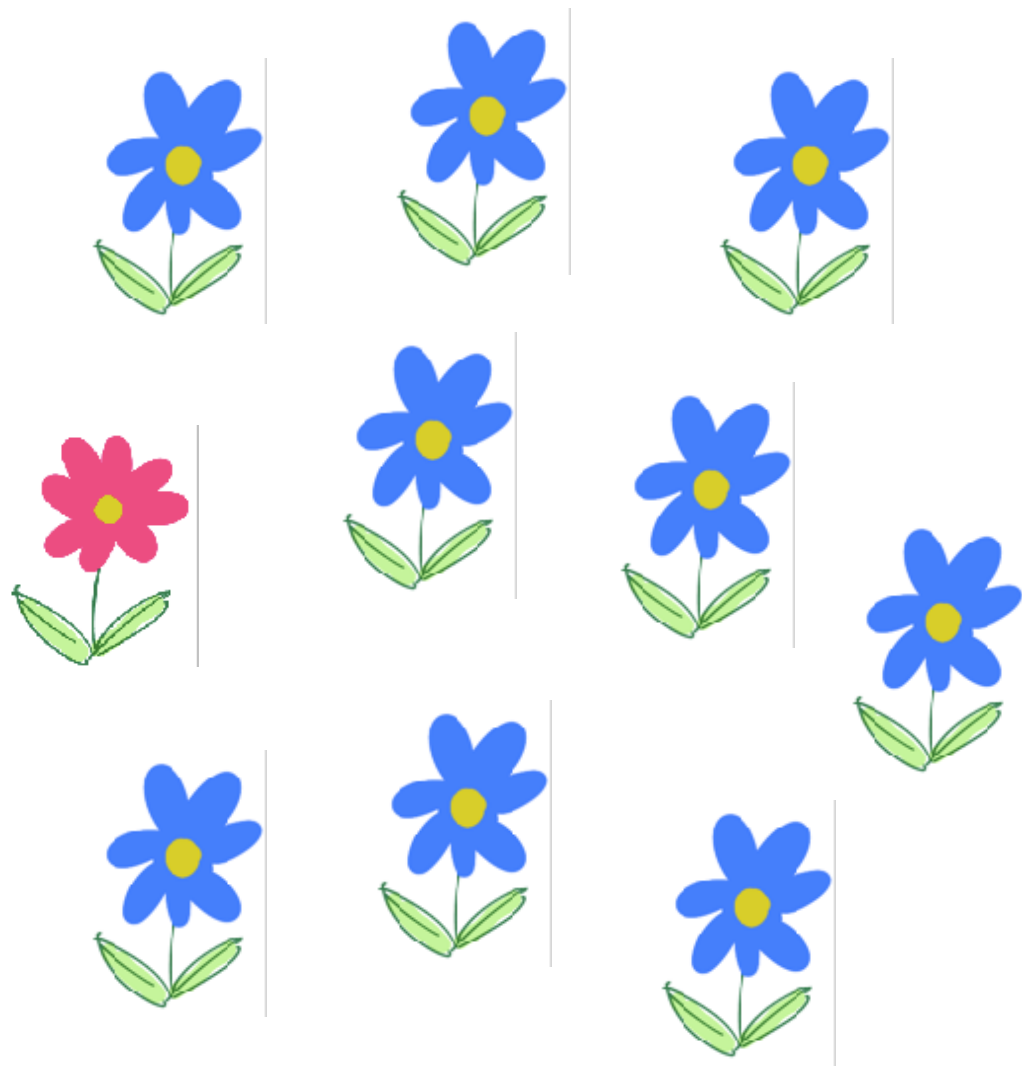


B

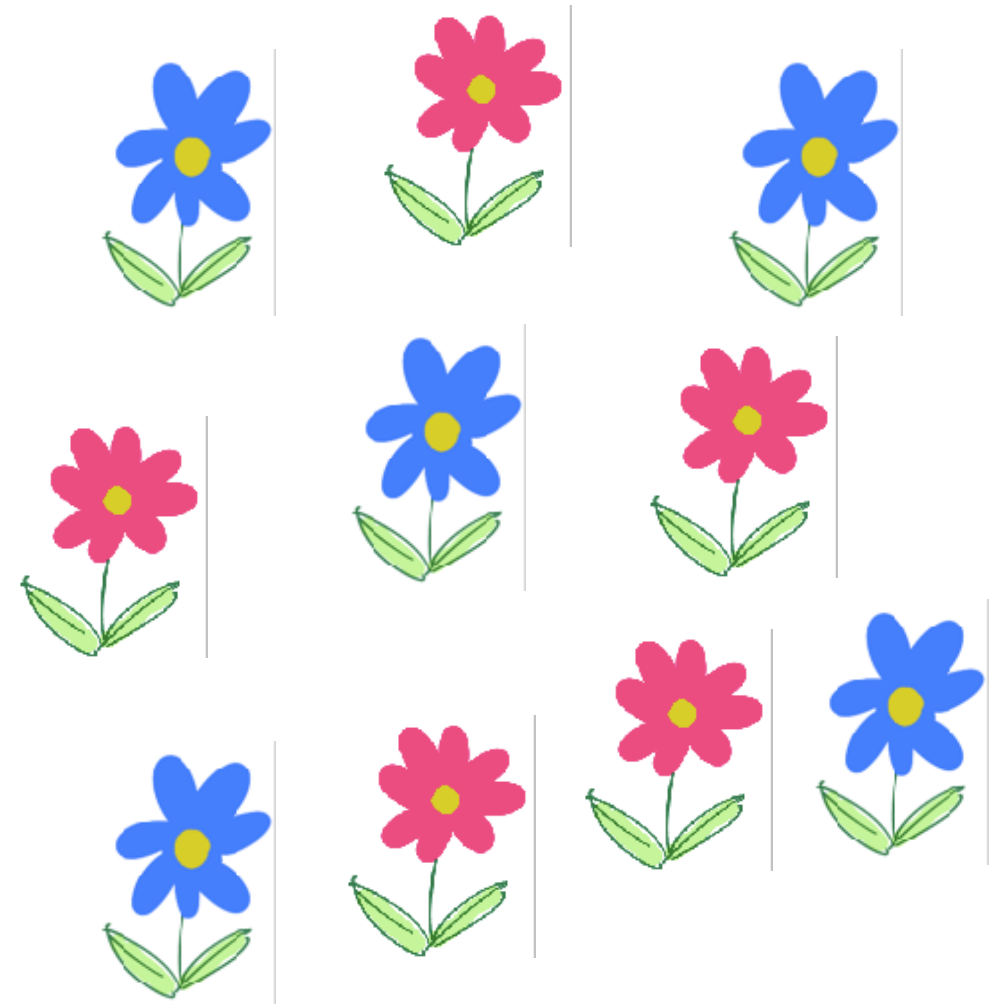


# どちらが多様だと思いますか？

A

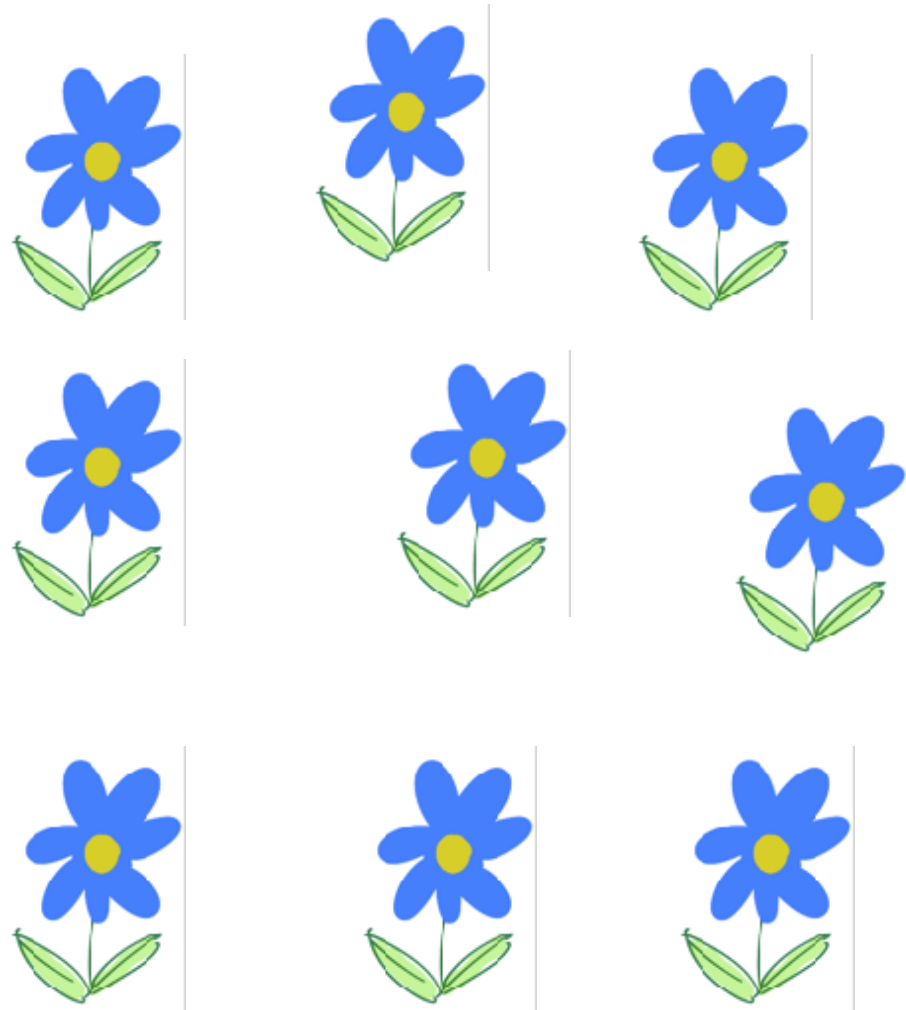


B



# どちらが多様だと思いますか？

A

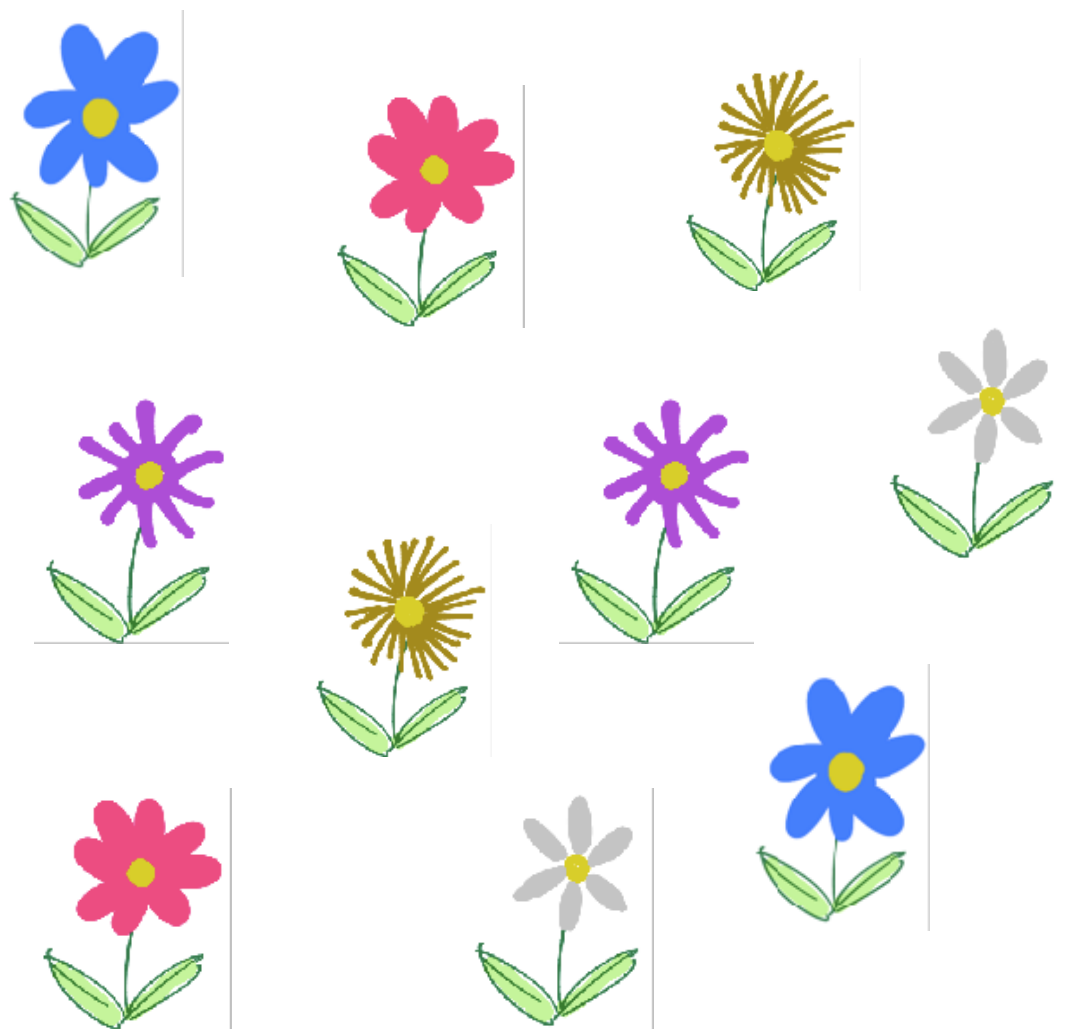


B

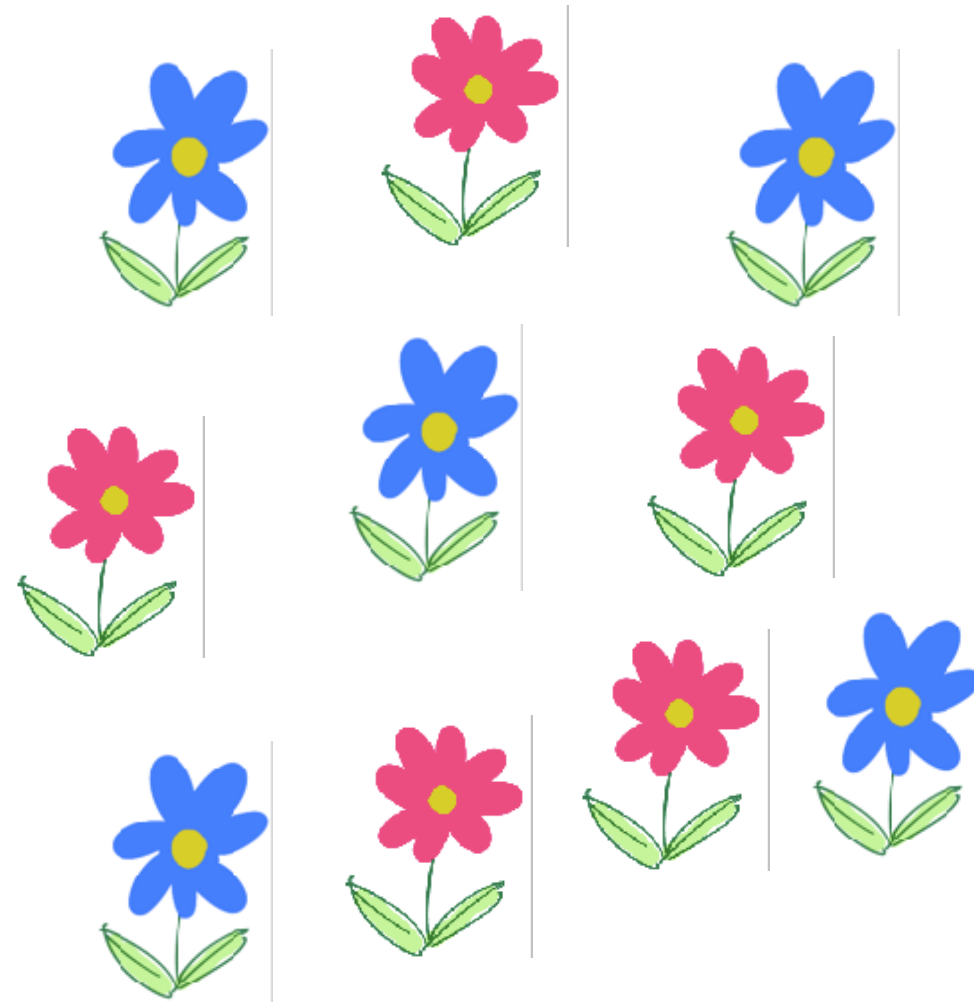


# どちらが多様だと思いますか？

A



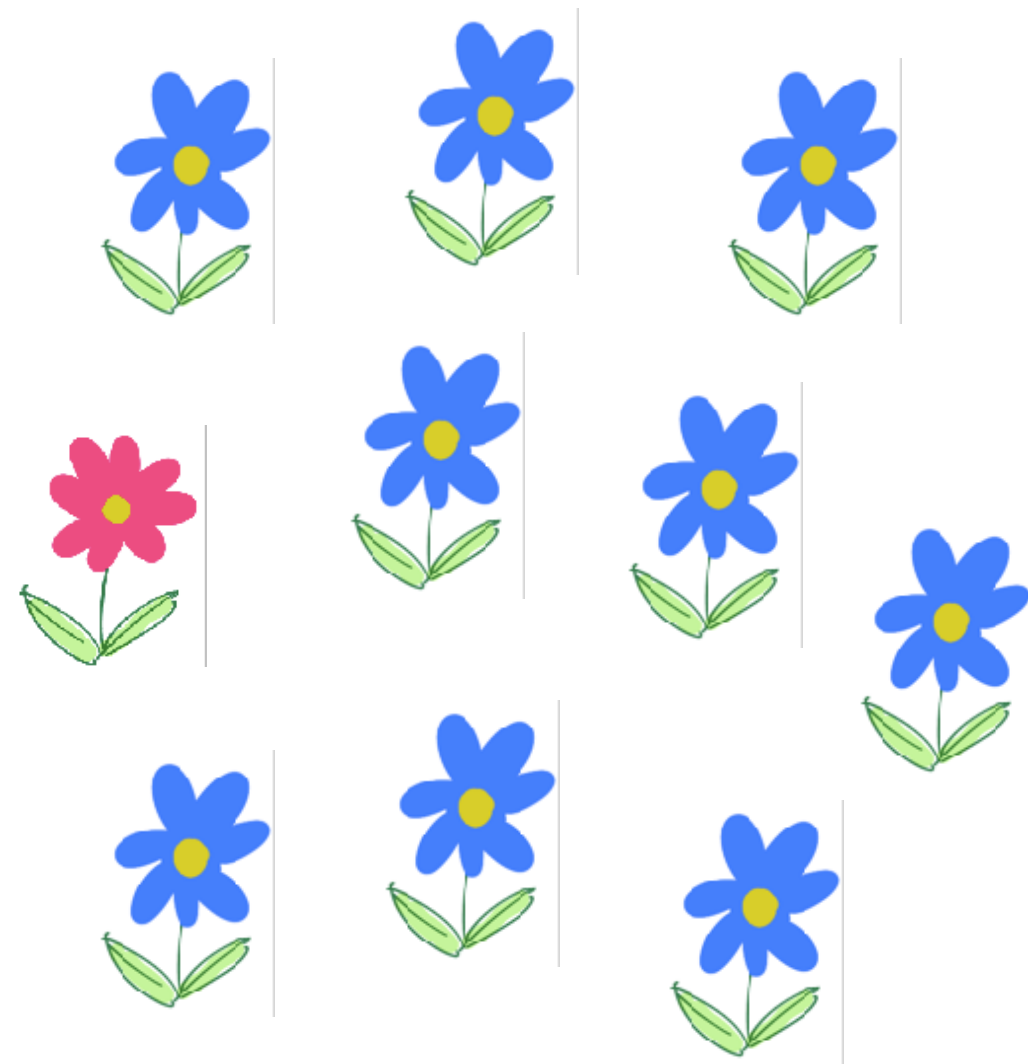
B



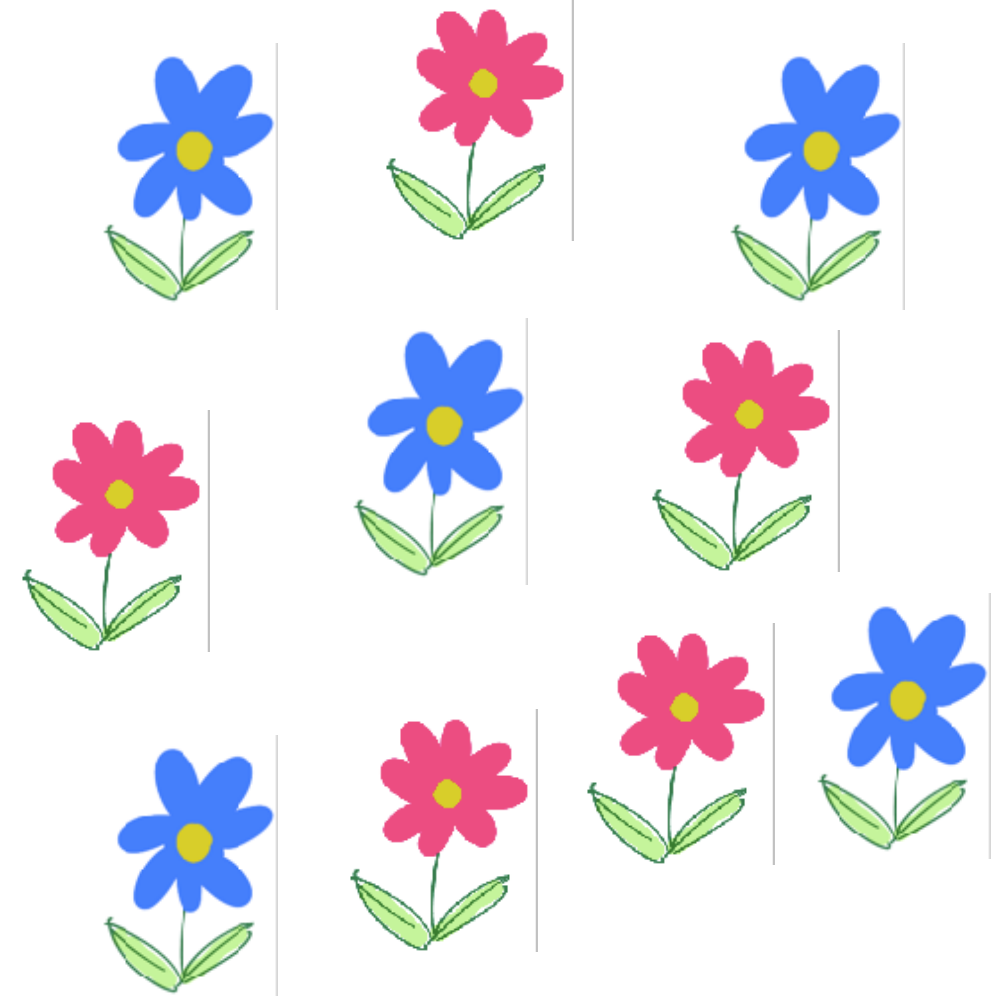
多様性は種類で決まる

# どちらが多様だと思いますか？

A



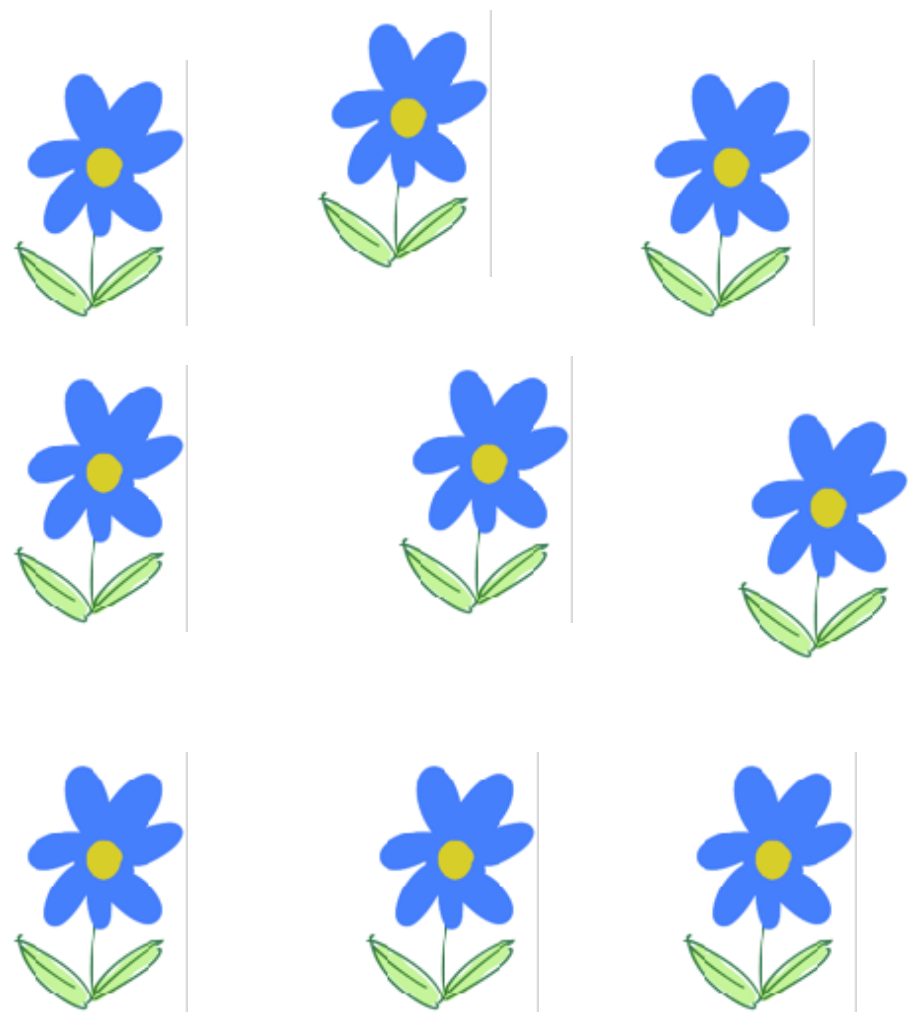
B



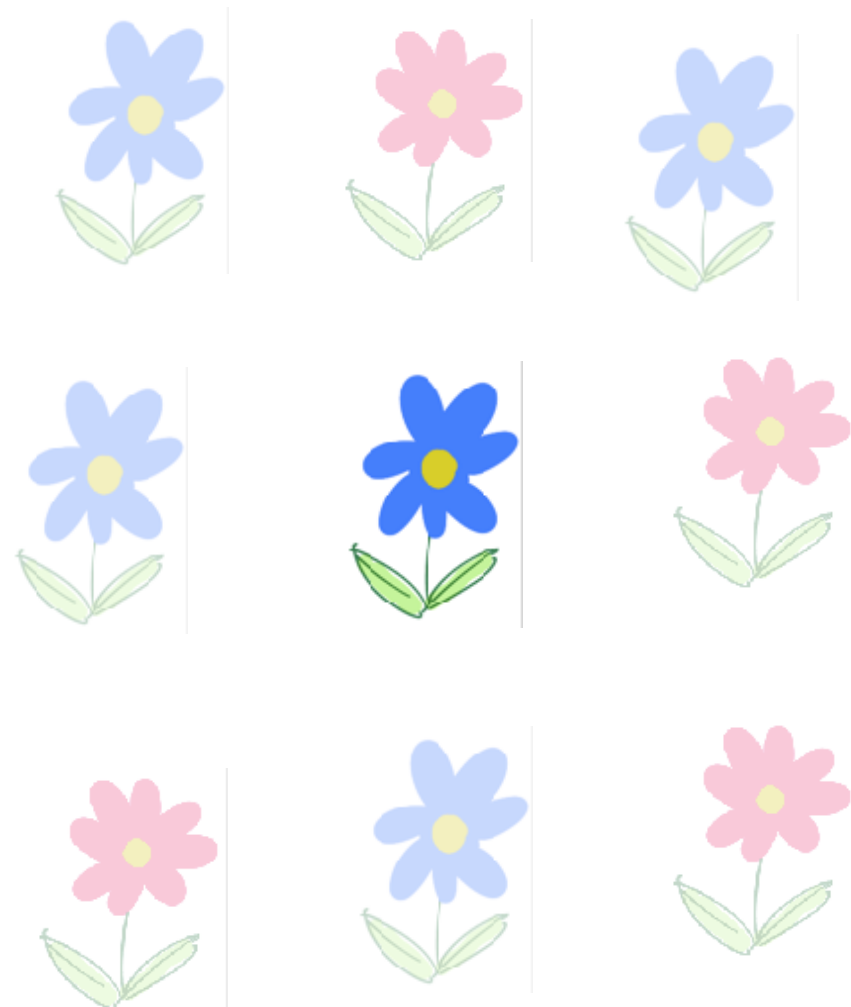
多様性は頻度でも決まる

# どちらが多様だと思いますか？

A



B



サンプル数は精度に影響する

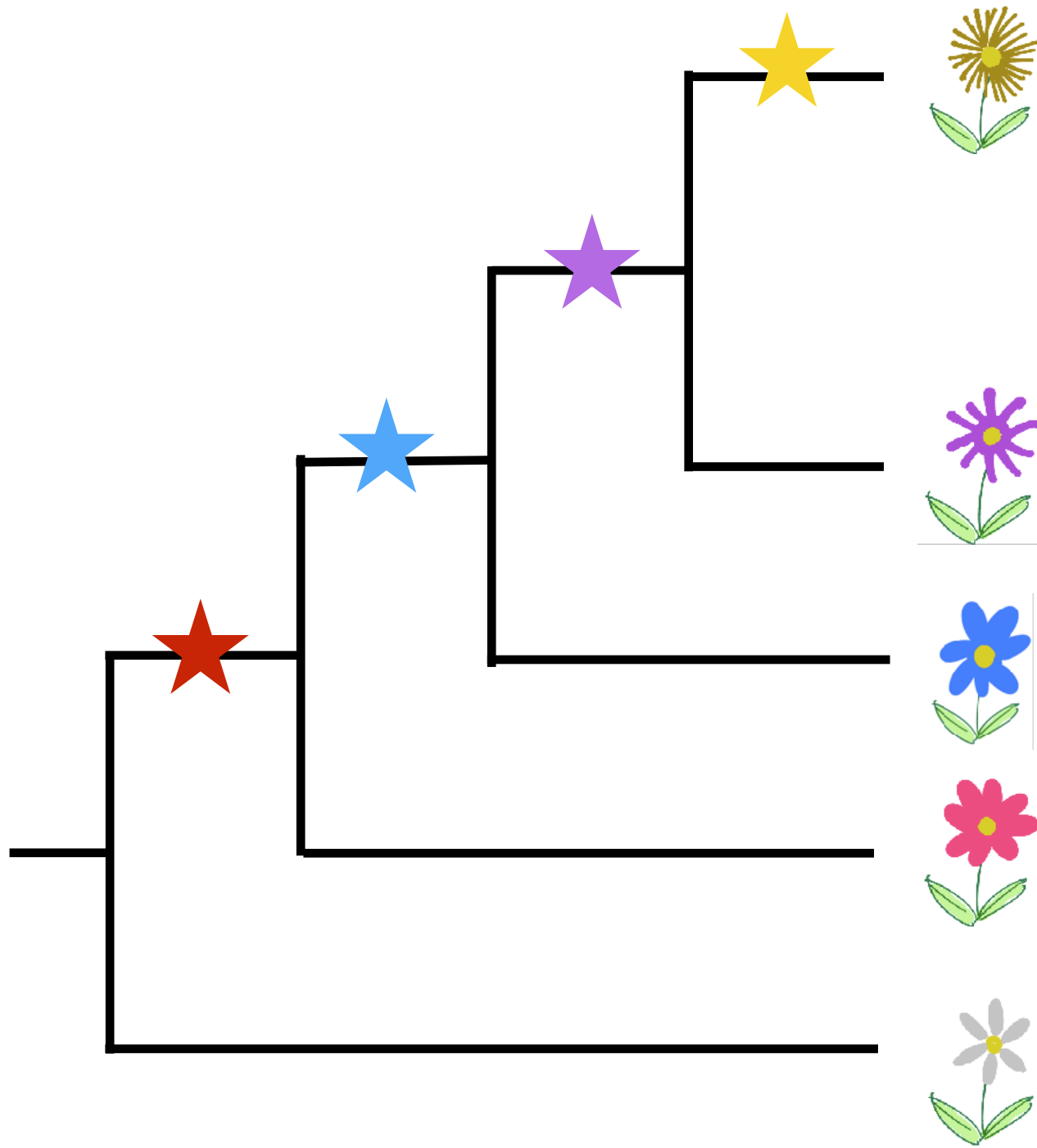


多様性とは種類と頻度によって決まる。

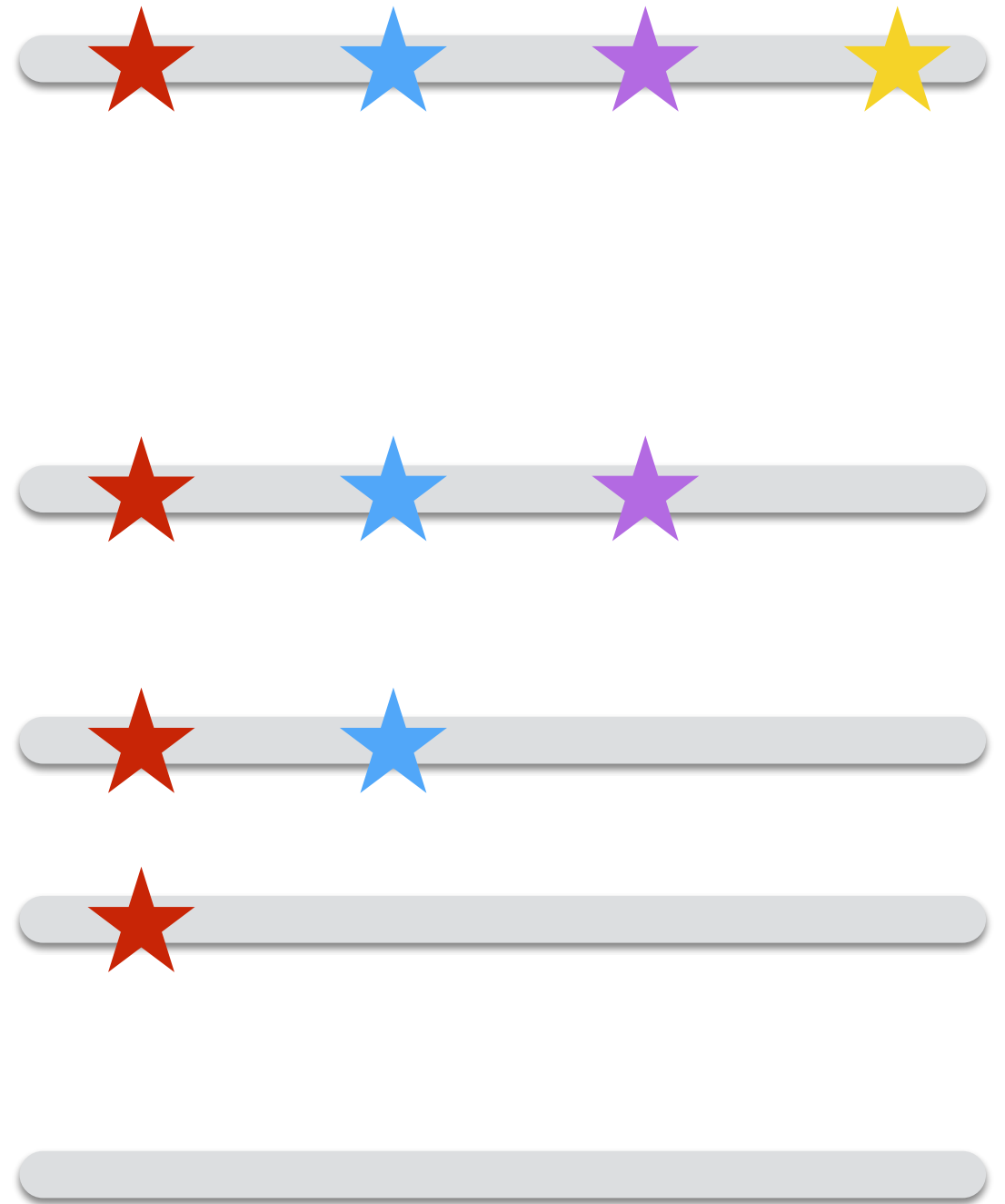
でも、ゲノム解析でどうやって種類や頻度を計るの？



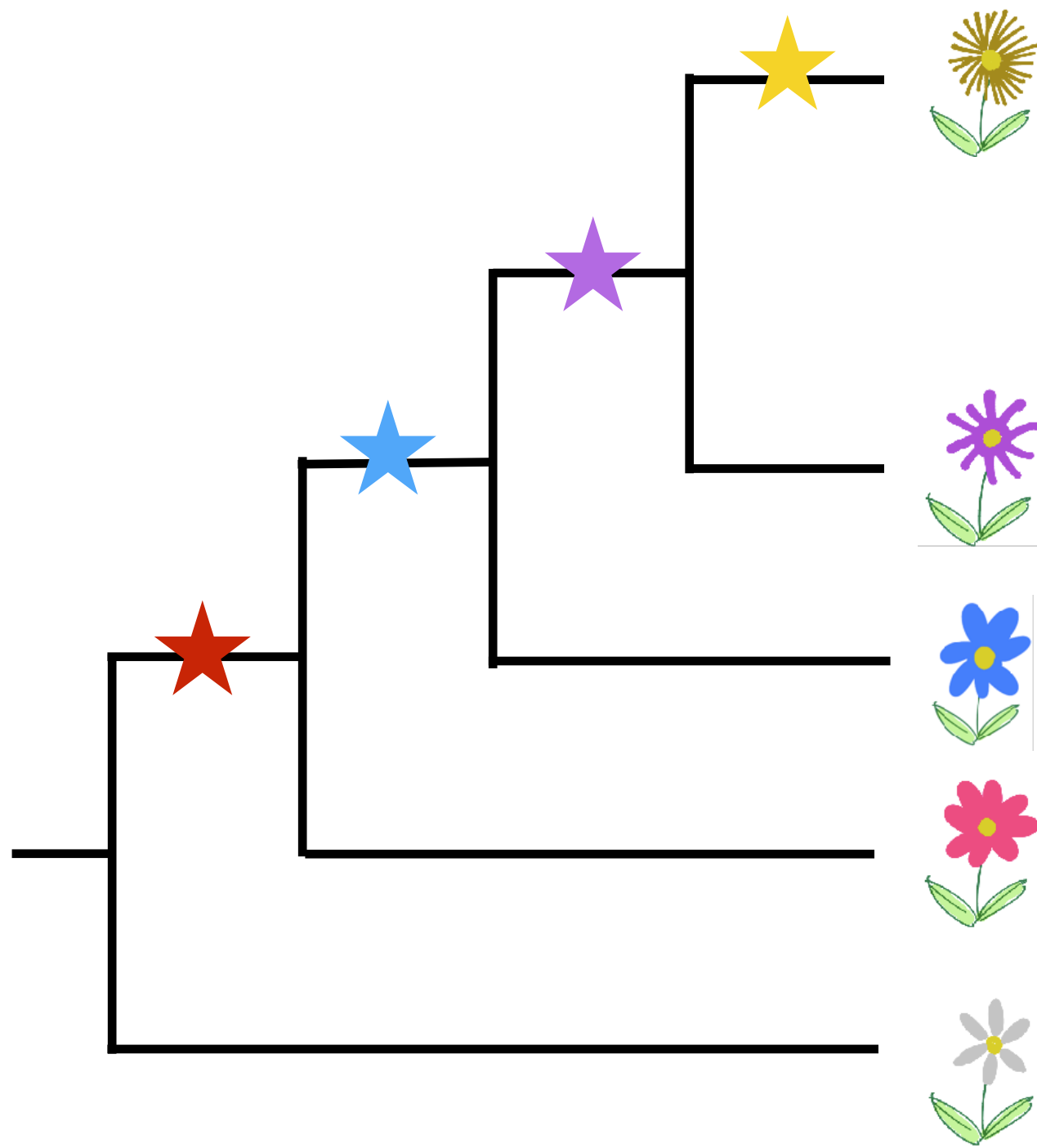
# 系統樹



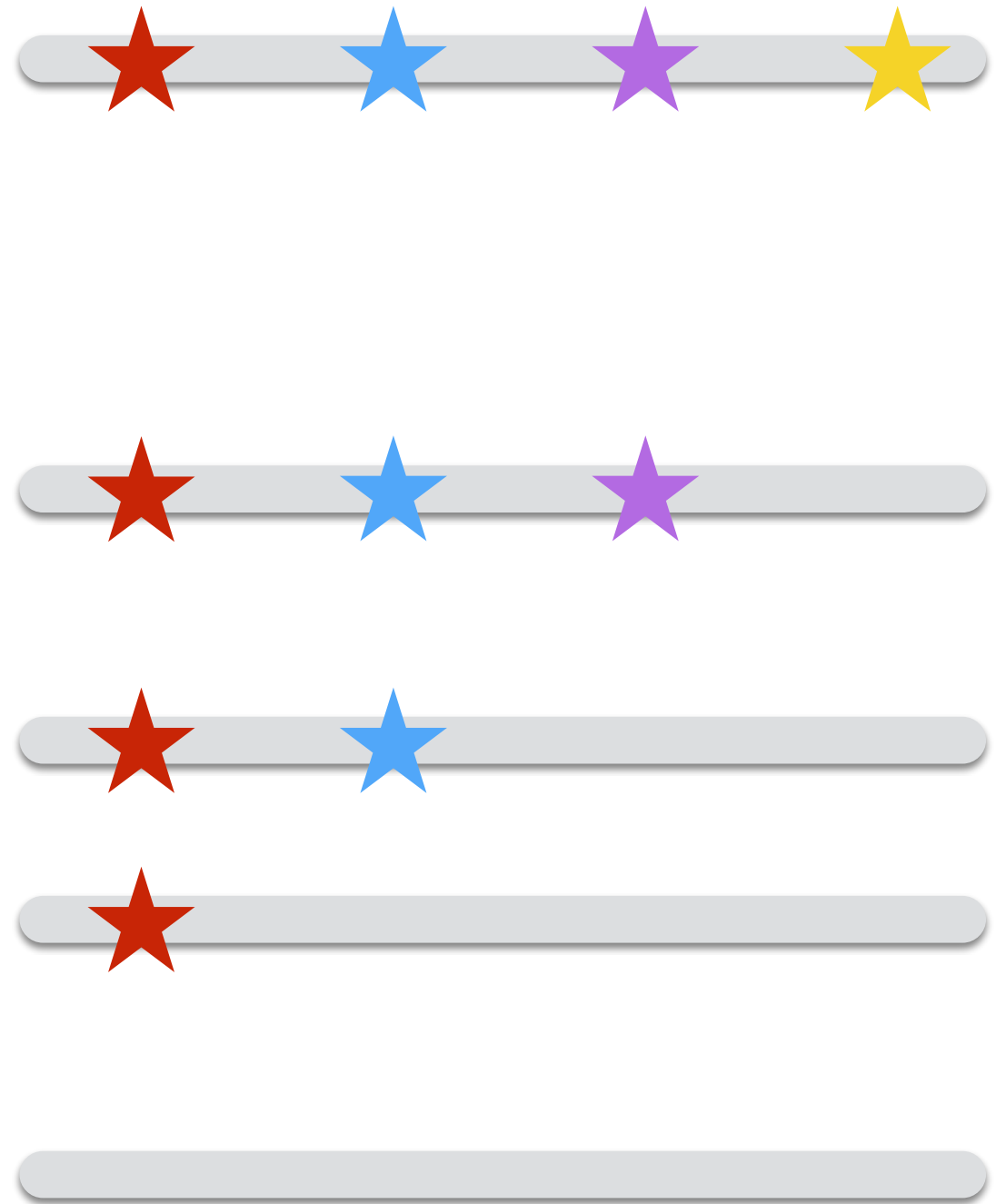
# ゲノム配列



## 系統樹

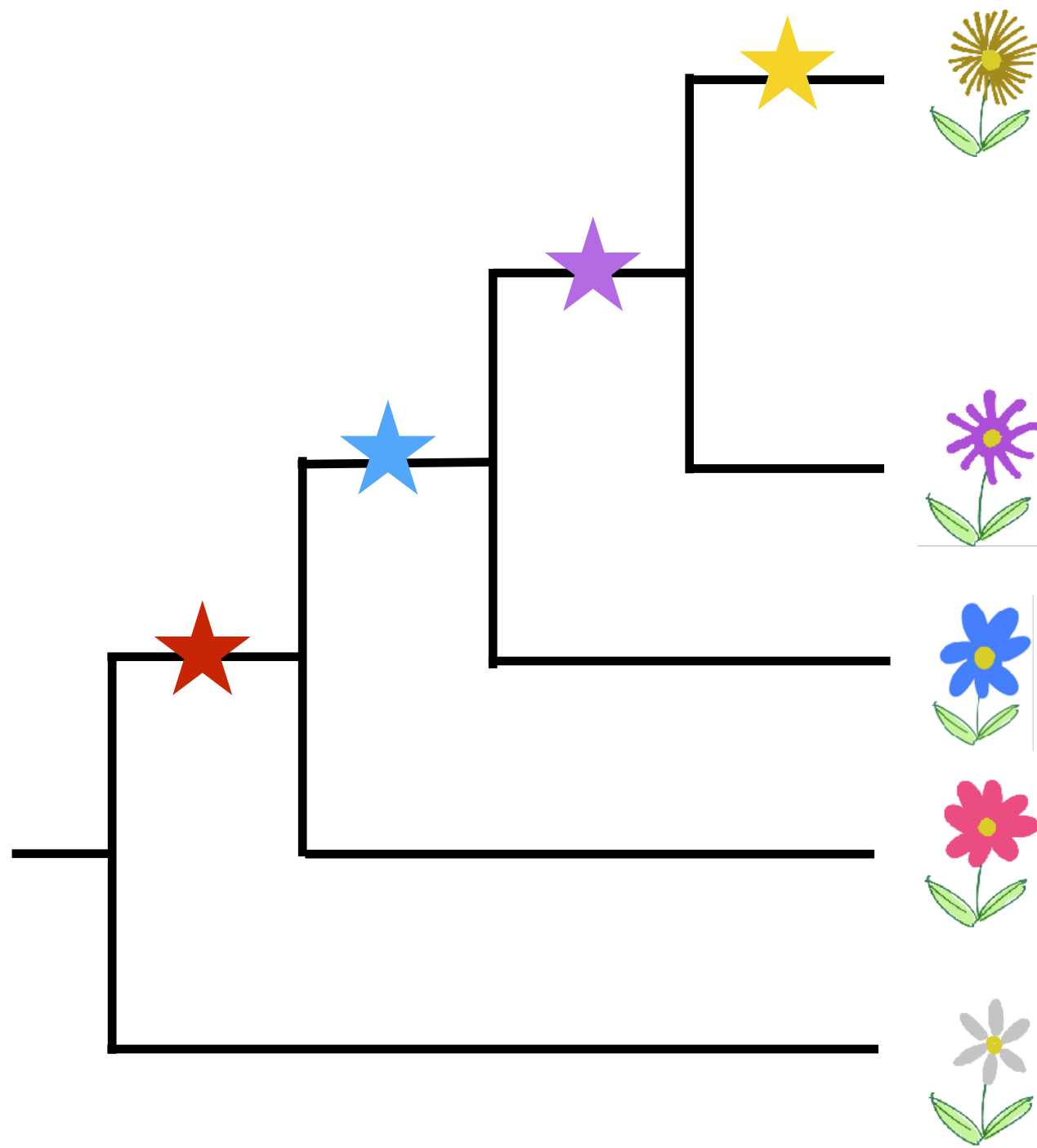


## ゲノム配列

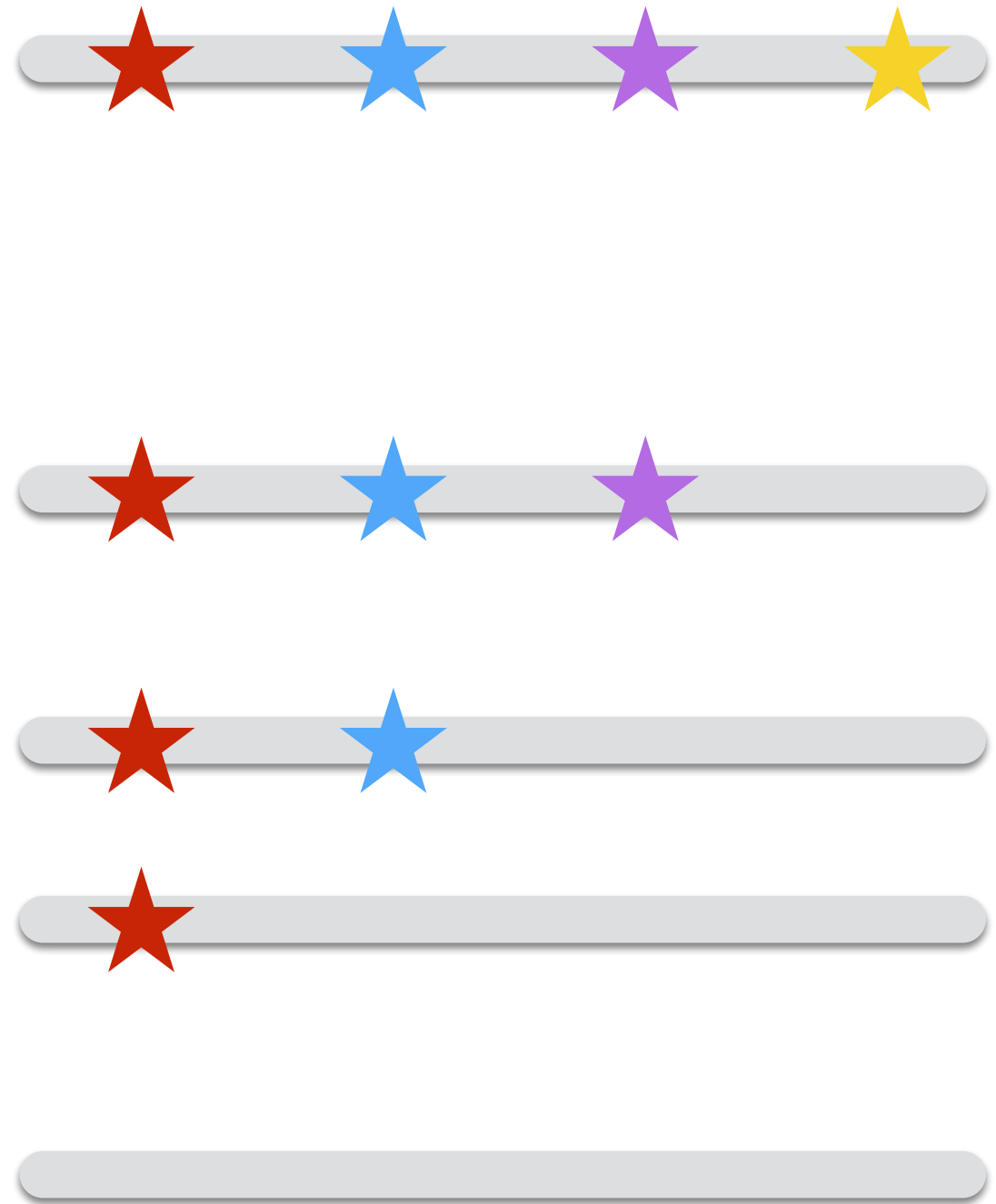


Q.  vs.  と  vs.  はどちらが遺伝的に遠い？

## 系統樹



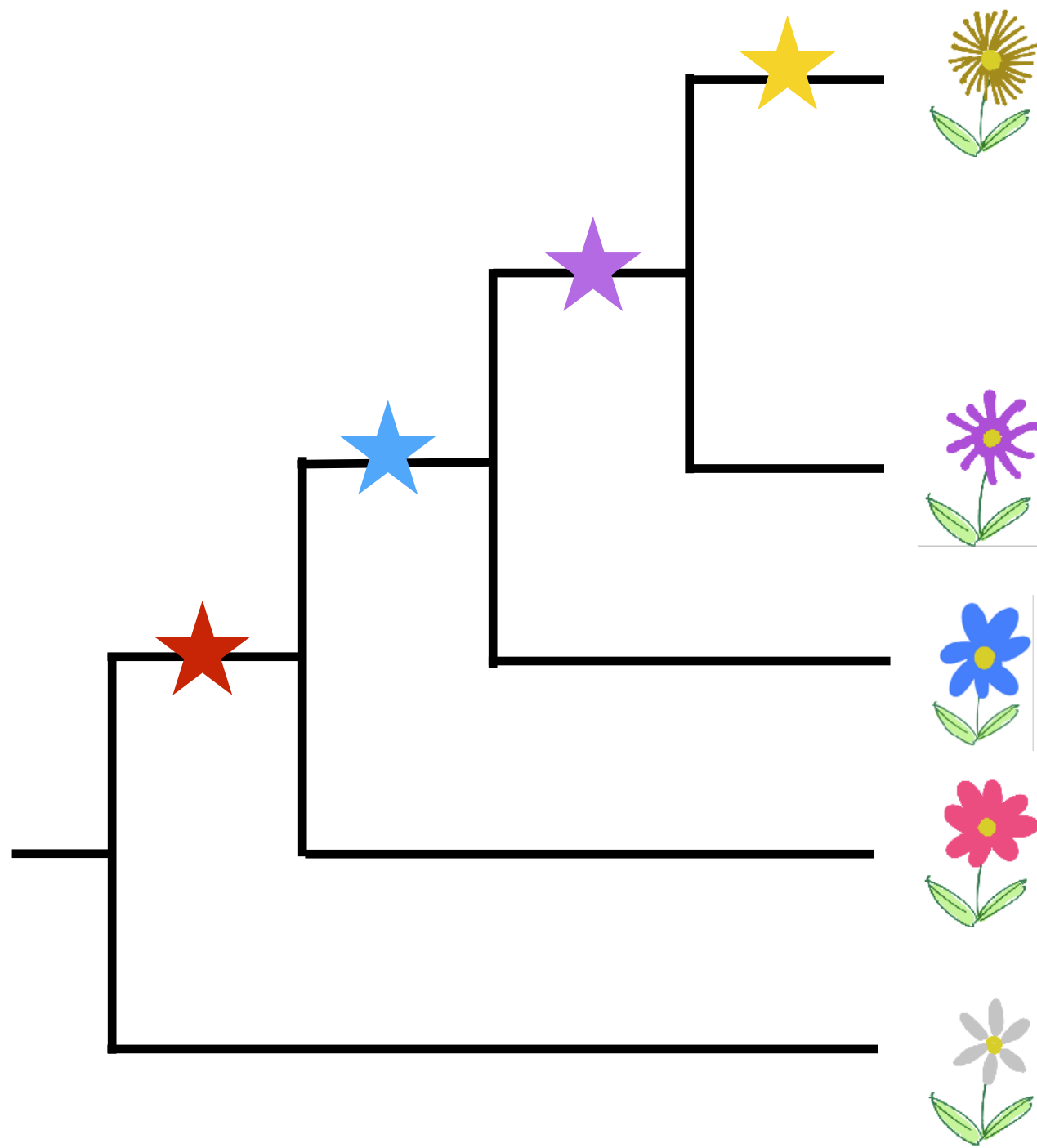
## ゲノム配列



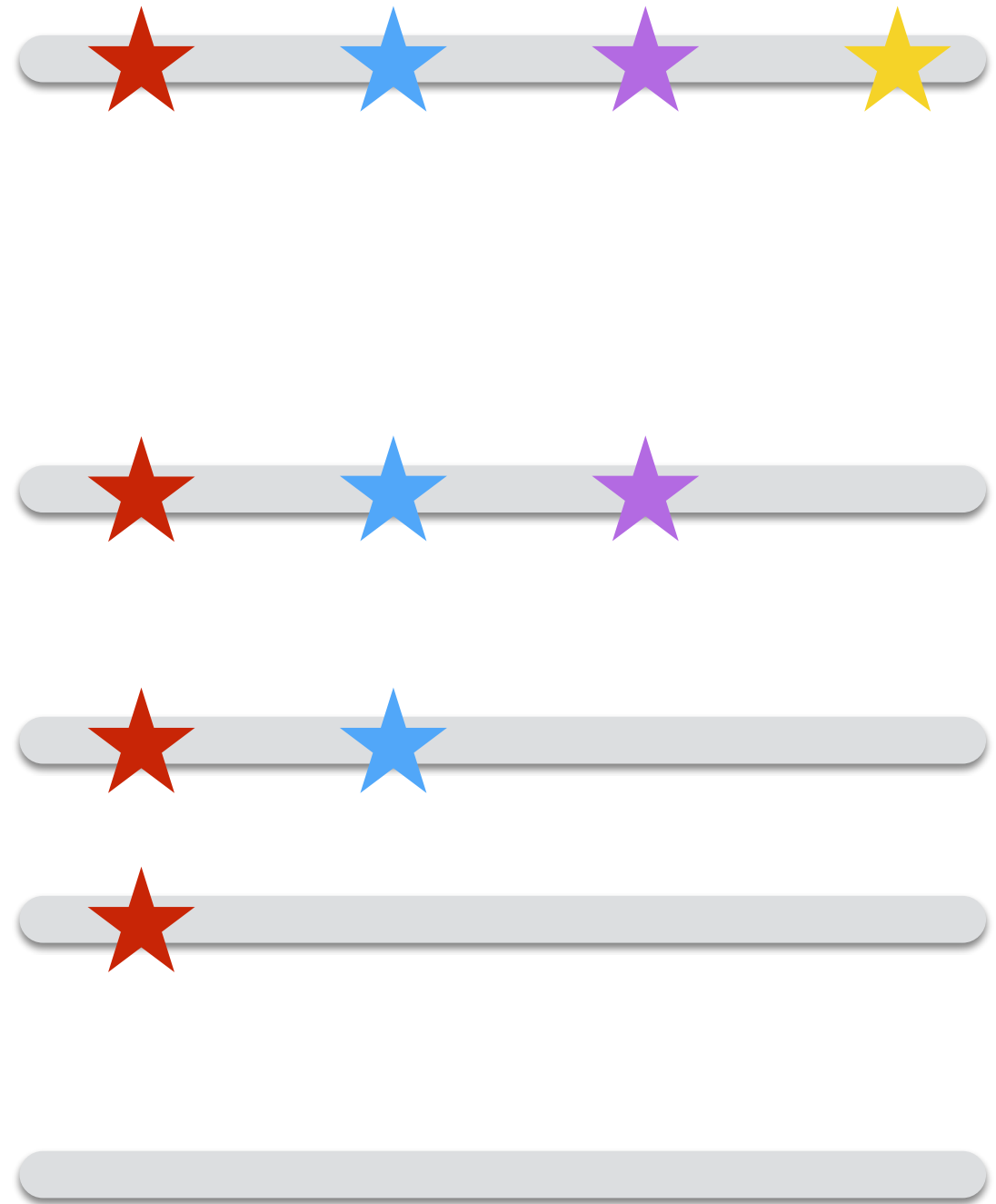
Q.  vs.  と  vs.  はどちらが遺伝的に遠い？

A.  vs. 

## 系統樹

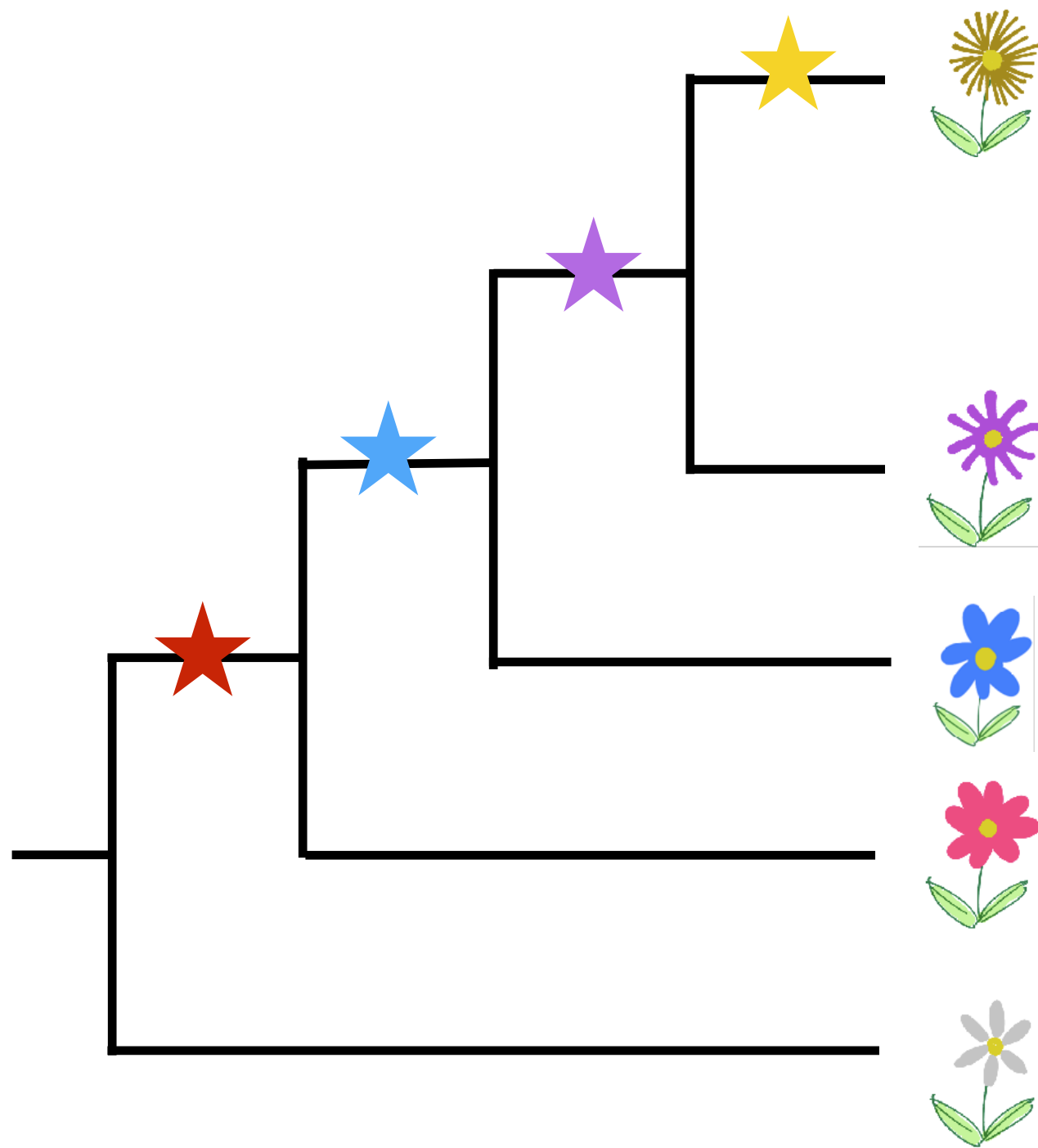


## ゲノム配列

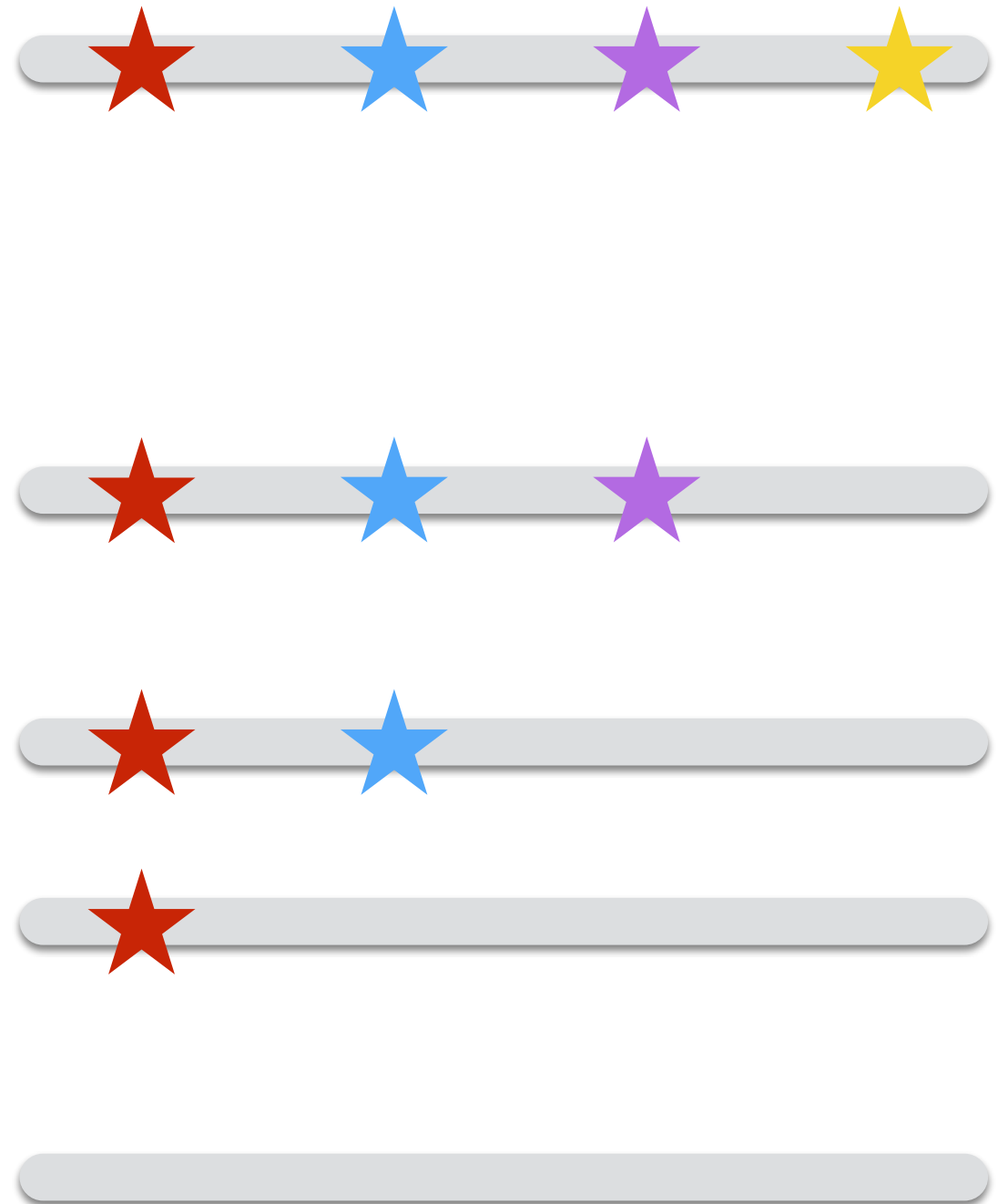


Q. 遺伝的な遠さをどう計りましたか？

## 系統樹



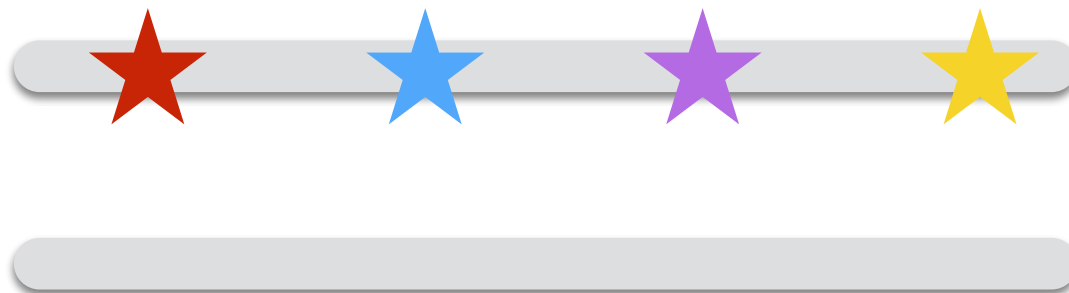
## ゲノム配列



Q. 遺伝的な遠さをどう計りましたか？

A. segregating site

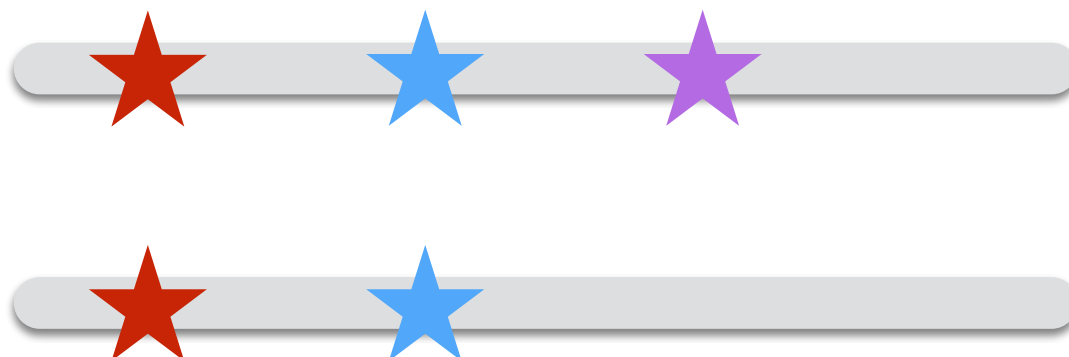
例 1)



segregating site

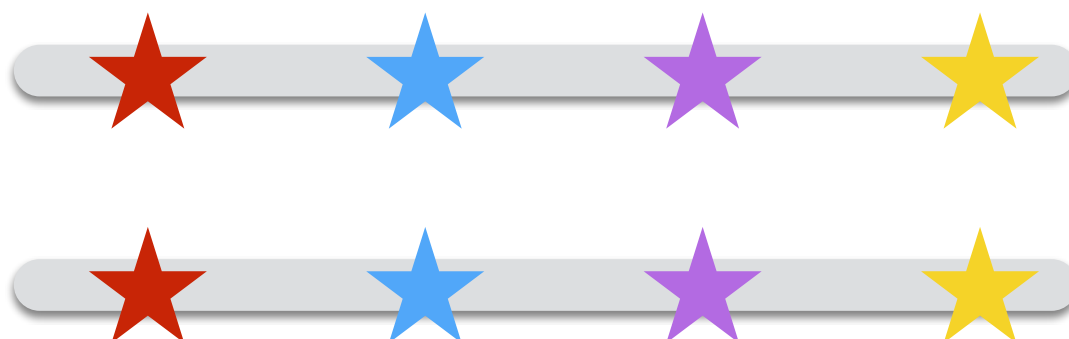
$$S = 4$$

例 2)



$$S = 1$$

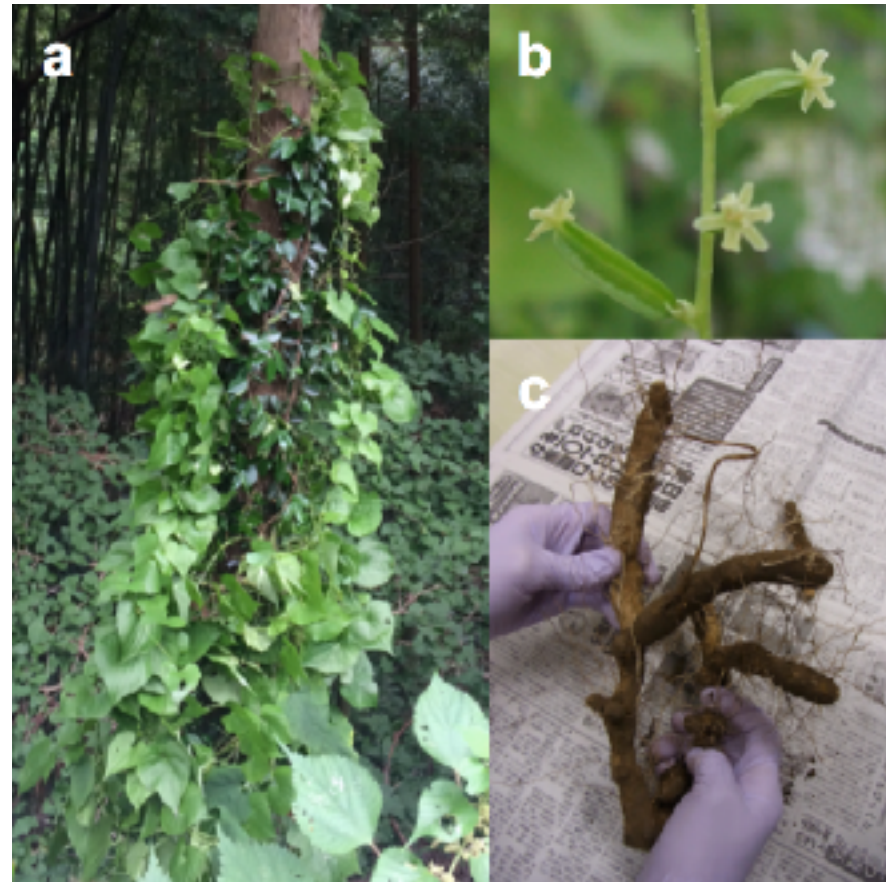
例 3)



$$S = 0$$

# 実際に計算してみましょう

*Dioscorea tokoro*



S2 = ?

*Dioscorea sylvatica*



S1 = ?

*Dioscorea elephantipes*



S3 = ?

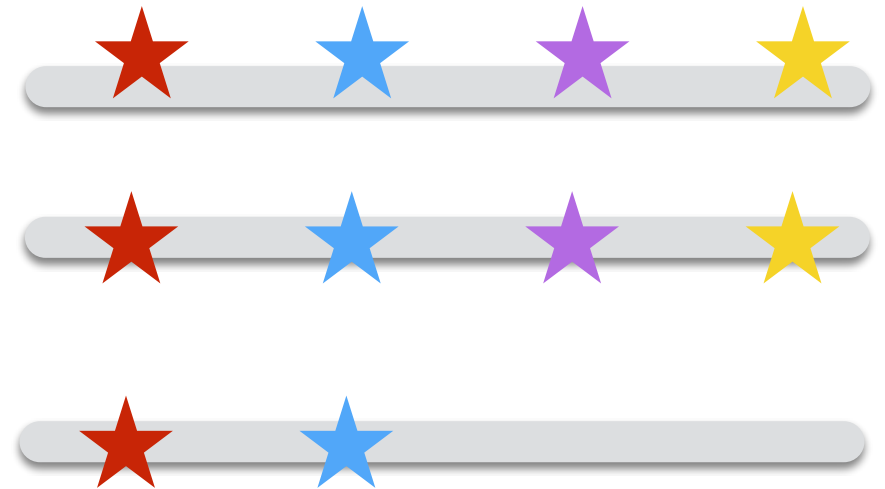


# どちらが多様でしょうか？

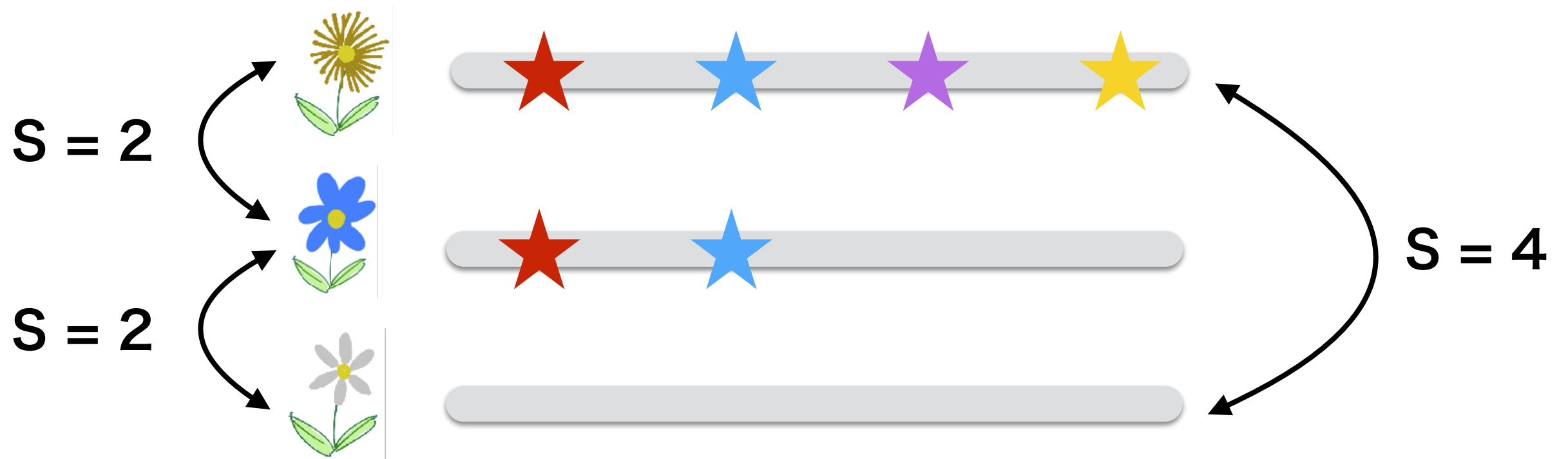
A



B



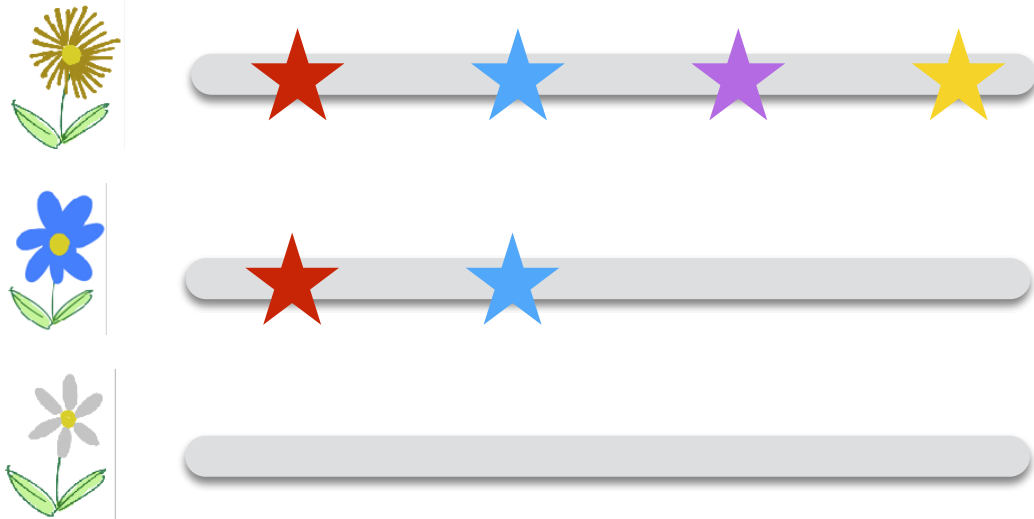
# 多様性の評価（方法1）



$$\pi = \frac{(\text{全ての組み合わせの} S \text{の総和})}{(\text{配列の組み合わせ})} = \frac{2 + 2 + 4}{3} = \frac{8}{3}$$

# どちらが多様でしょうか？

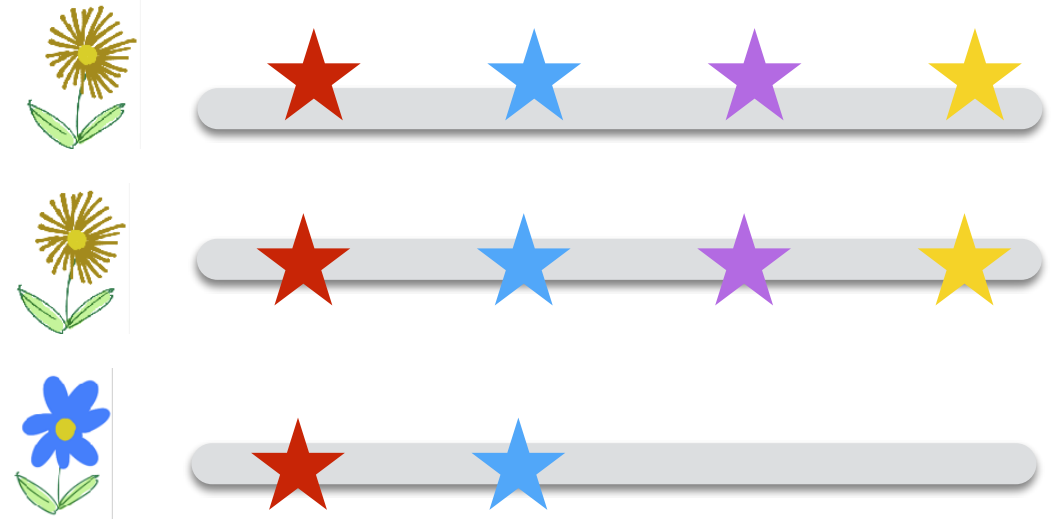
A



$$\frac{2 + 2 + 4}{3} = \frac{8}{3}$$

>

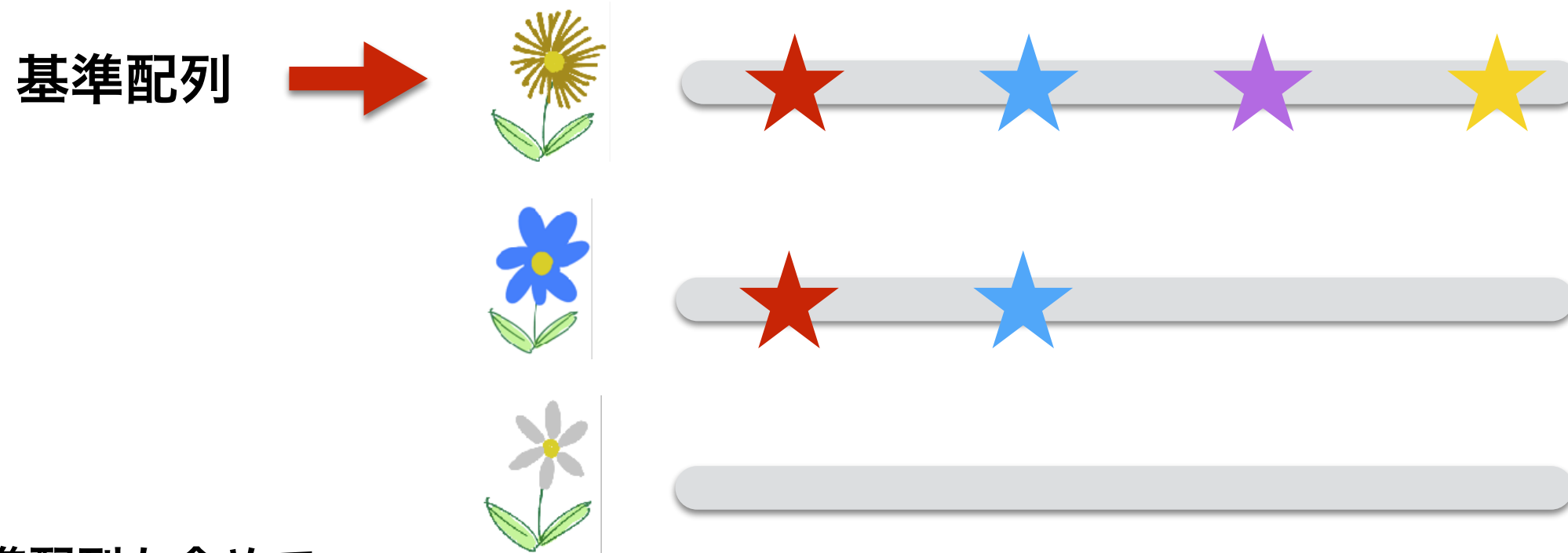
B



$$\frac{0 + 2 + 2}{3} = \frac{4}{3}$$

# 多様性の評価（方法2）

＊ 方法1 と方法2 は同じ結果を示します。



(1) 基準配列も含めて

基準と同じ

基準と違う

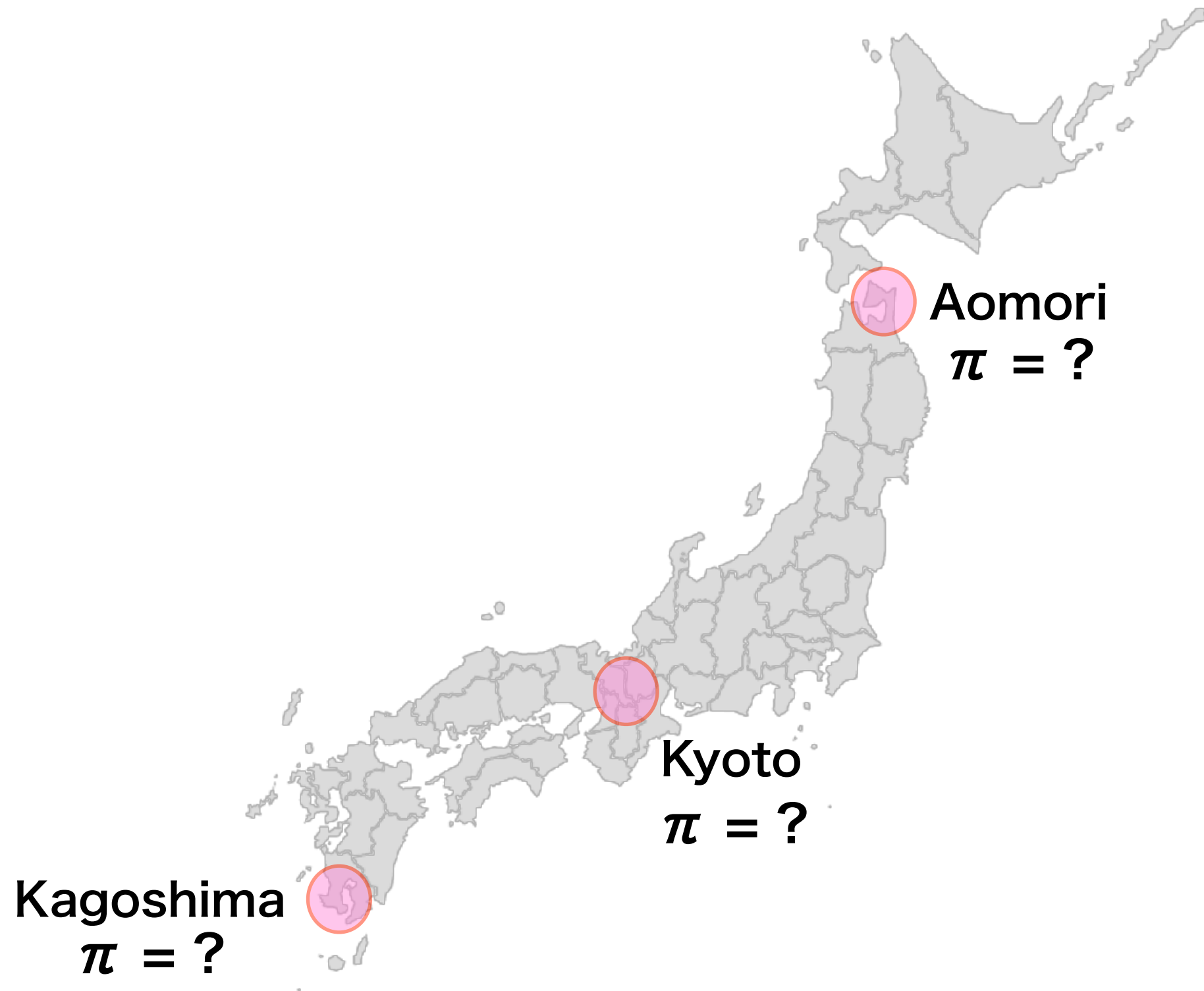
(2) (基準と同じ) × (基準と違う)

$$\begin{array}{|c|} \hline 2 \\ \times \\ 1 \\ \hline 2 \\ \hline \end{array} + \begin{array}{|c|} \hline 2 \\ \times \\ 1 \\ \hline 2 \\ \hline \end{array} + \begin{array}{|c|} \hline 1 \\ \times \\ 2 \\ \hline 2 \\ \hline \end{array} + \begin{array}{|c|} \hline 1 \\ \times \\ 2 \\ \hline 2 \\ \hline \end{array} = 8$$

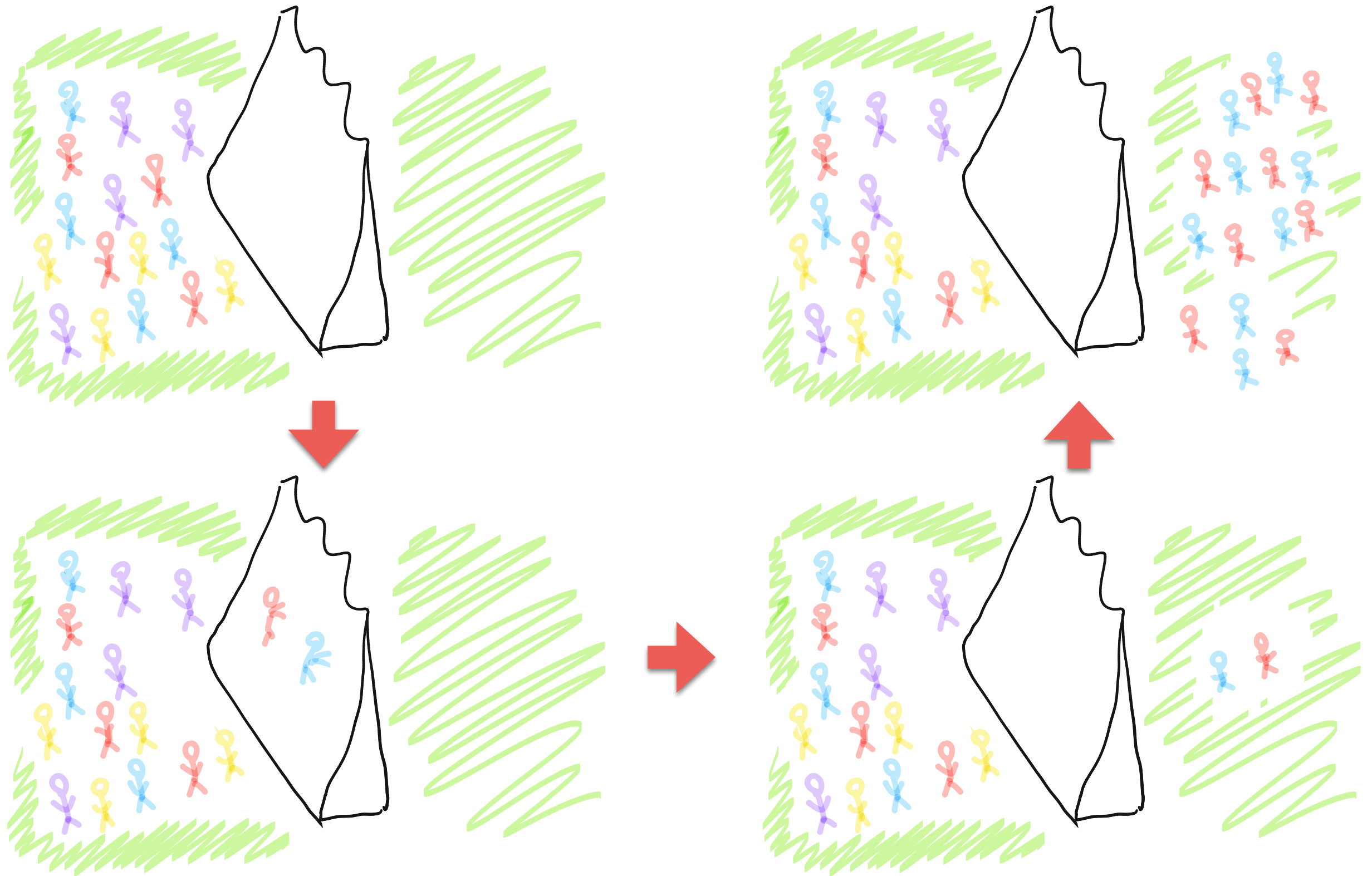
(3) 配列の総組み合わせで割る

$$8 / {}_3C_2 = 8/3$$

# 実際に計算してみましょう



# ボトルネック効果とは

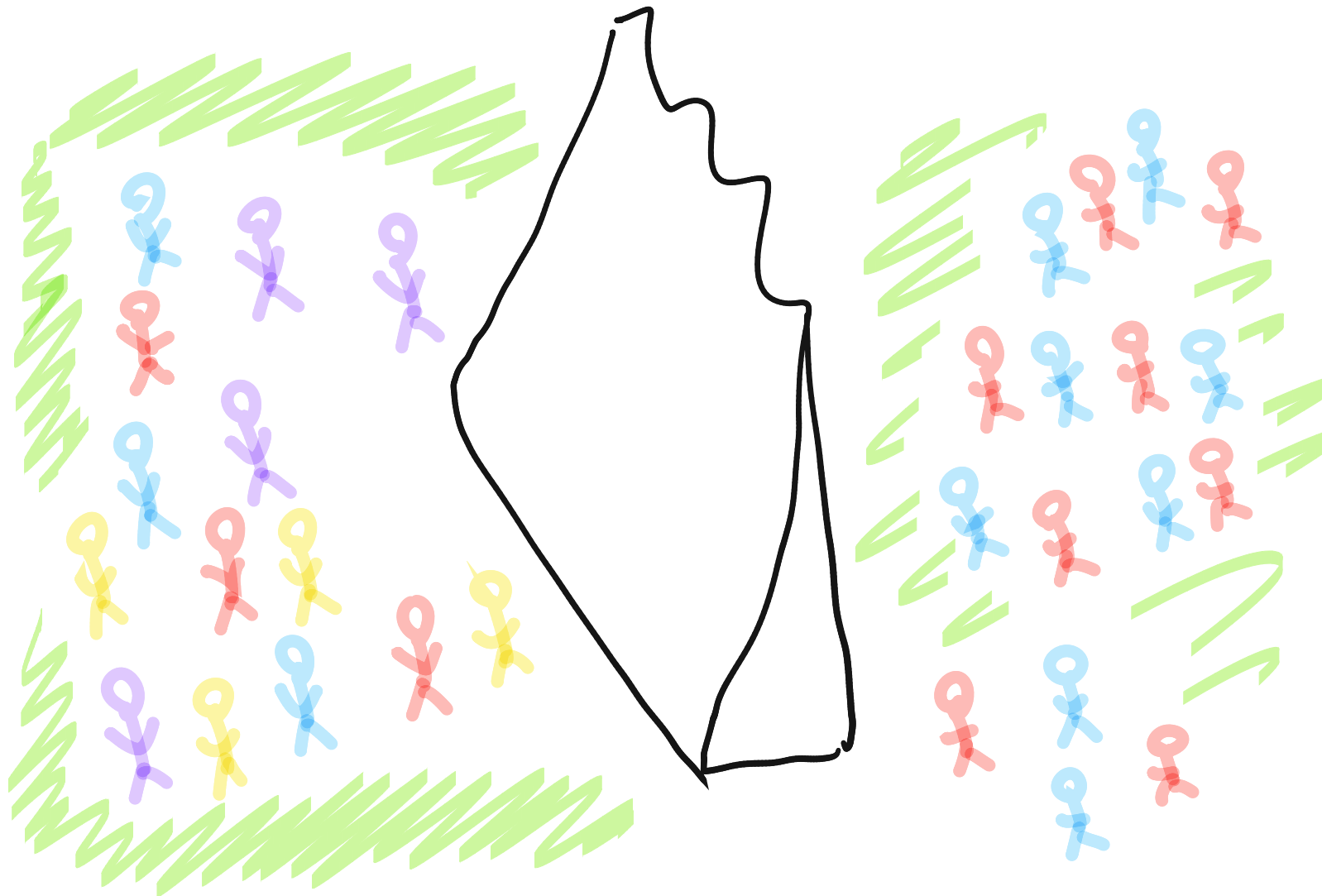


# ボトルネック効果とは

多様性

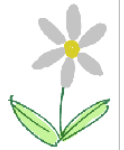
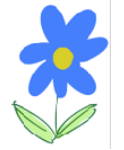
高い

低い

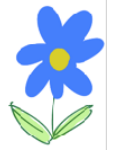


# どちらの集団間が遺伝的に遠いでしょうか？

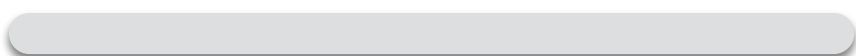
A



vs.



B



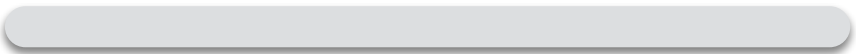
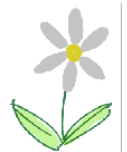
vs.





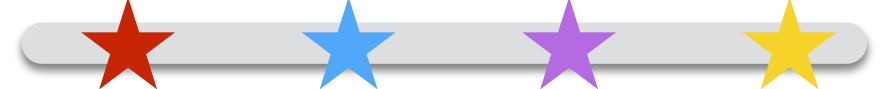
# 集団間の遺伝的距離の評価方法

集団 1



$$\pi_1 = \frac{2 \times 1}{3} = \frac{2}{3}$$

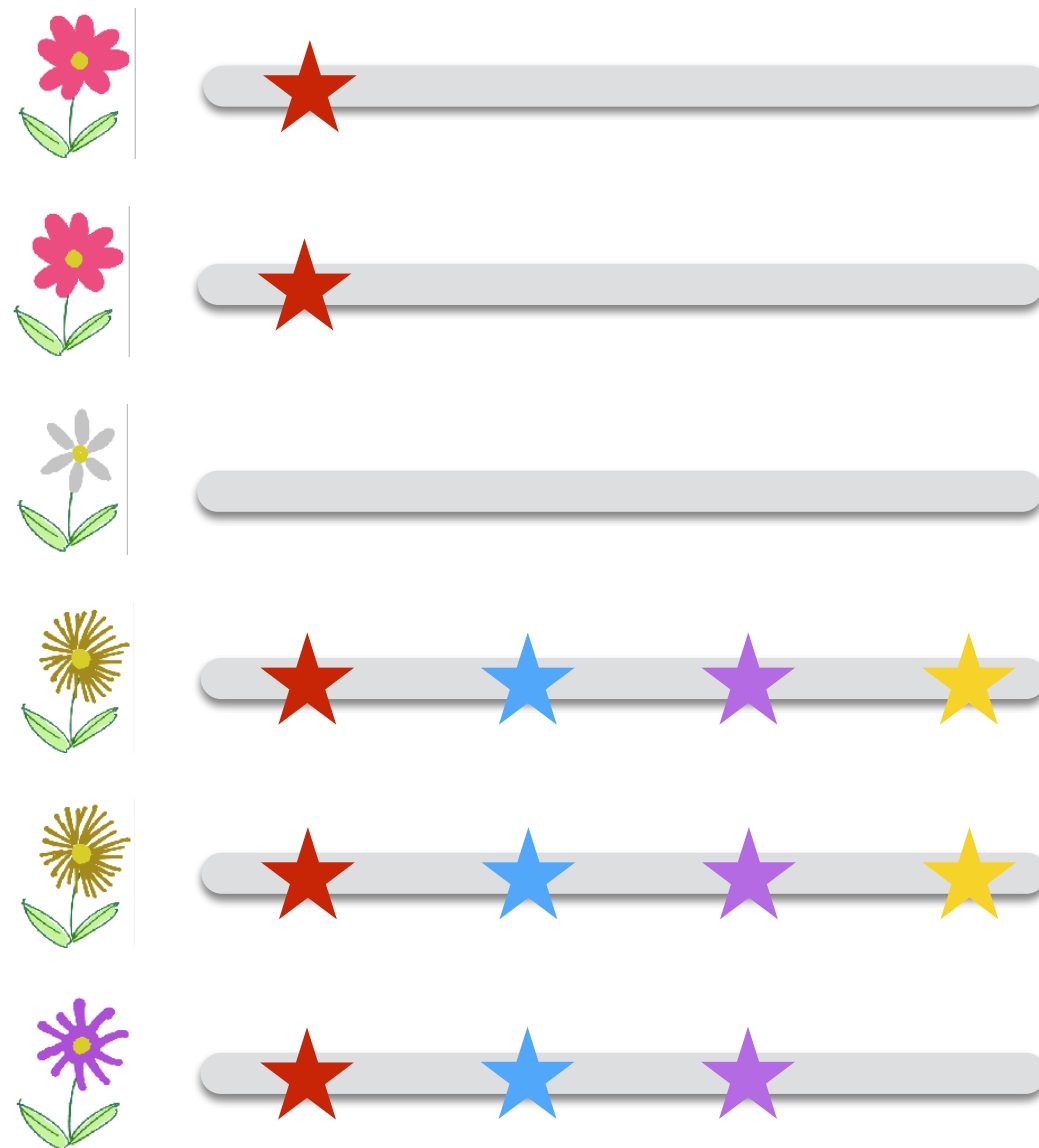
集団 2



$$\pi_2 = \frac{2 \times 1}{3} = \frac{2}{3}$$

# 集団間の遺伝的距離の評価方法

集団1と集団2が同じ集団だと仮定する



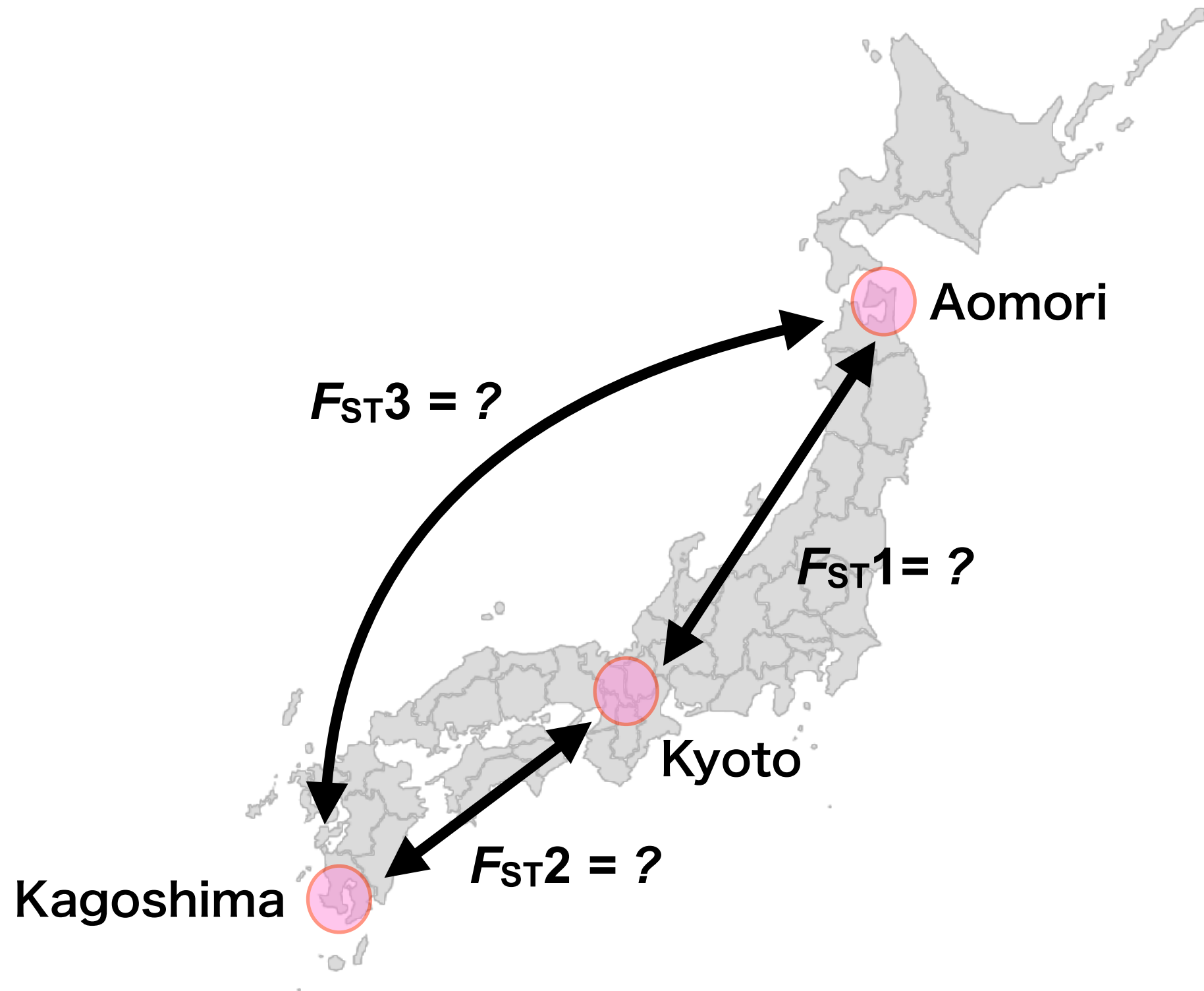
$$\pi_{12} = \frac{5 \times 1 + 3 \times 3 + 3 \times 3 + 4 \times 2}{6C_2} = \frac{31}{15}$$

# 集団間の遺伝的距離の評価方法

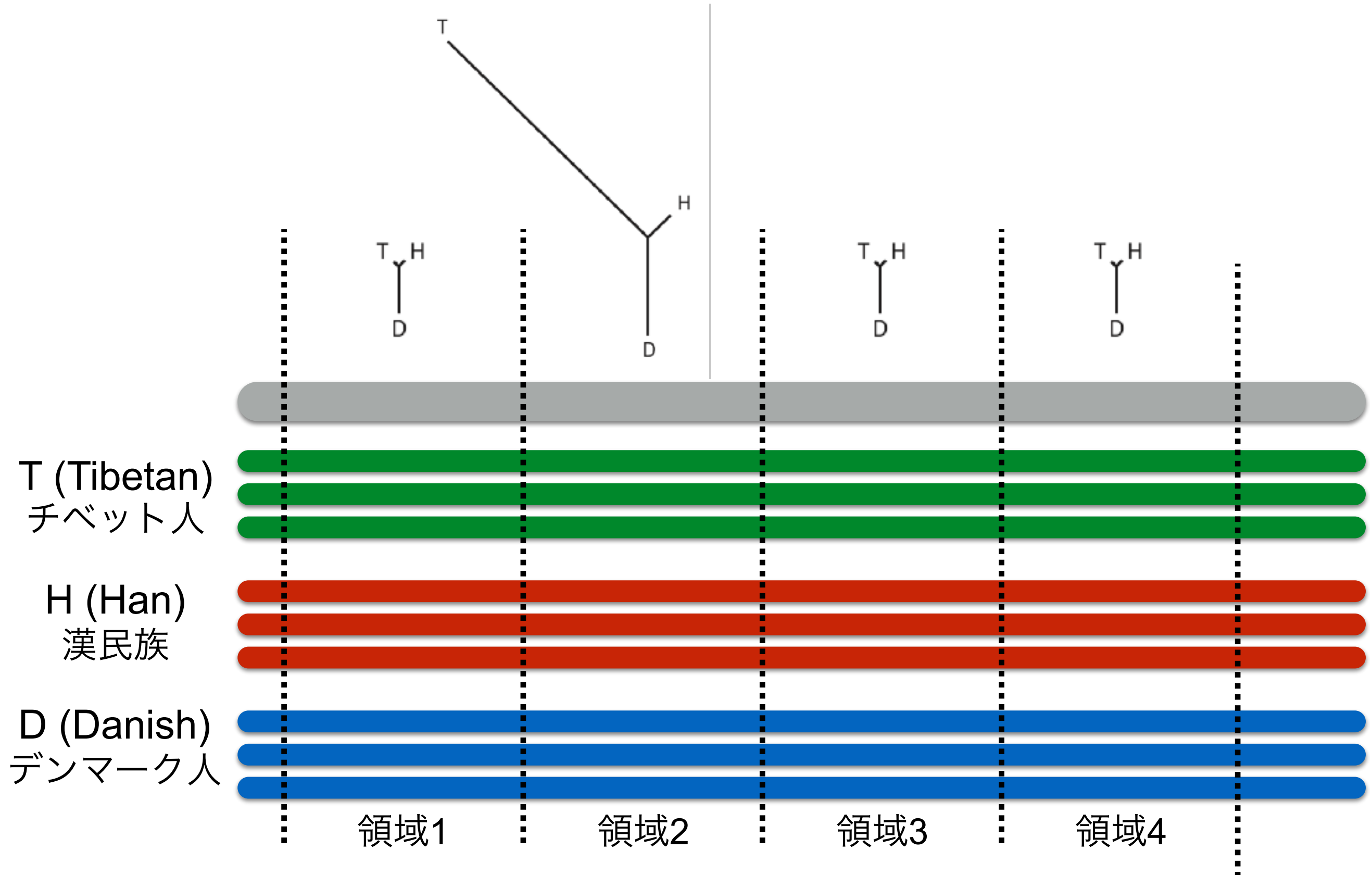
$$\begin{aligned} F_{ST} &= \frac{\pi_{12} - (\pi_1 + \pi_2) / 2}{\pi_{12}} \\ &= \frac{\frac{31}{15} - \left( \frac{2}{3} + \frac{2}{3} \right) / 2}{\frac{31}{15}} \\ &= \frac{21}{31} \end{aligned}$$

$F_{ST}$ は 0 ~ 1 の間の値をとる指標で、およそ0.4より大きいと高いとされています。

# 実際に計算してみましょう



# $F_{ST}$ を用いたゲノムスキャン



# $F_{ST}$ を用いたゲノムスキャン

