タイトル

遺伝的相関の総和を最小にする生物個体の空間抽出とその下での遺伝的多様性

発表者

青木聡志

発表者所属

国立環境研究所・生物多様性・学振PD

発表要旨

多くの遺伝的多様性は無作為抽出を仮定して不偏推定される。しかし、複数分集団に分布する分類群個体の無作為抽出は現実的に困難であり、研究者は慣習的に分布域から地点群を主観的に選び、その中で個体のサンプリングを行ってきた。演者らが以前開発した空間抽出は、距離による隔離を前提に遺伝的多様性を最大化するサンプリング地点の選定を客観的に行うことを可能としたが、依然として無作為抽出の仮定を無視して分類群全体の遺伝的多様性を実務上正確に推定できるか否かは検証すべき課題である。

今回演者らはシミュレーション実験を行い、様々な分集団構造の下で空間抽出により分集団を選び、選ばれた各分集団から1サンプルを無作為抽出した時の遺伝的多様性を検証した。その結果、塩基多様度と期待ヘテロ接合度は平均3%のバイアスとなりよく推定できた一方、Watterson’s thetaは平均31%もの過大推定となり実用は困難と考えられた。