

氏 名	志 方 守 一
	し かた もり かず
学 位 の 種 類	理 学 博 士
学 位 記 番 号	論 理 博 第 73 号
学 位 授 与 の 日 付	昭 和 39 年 9 月 29 日
学 位 授 与 の 要 件	学 位 規 則 第 5 条 第 2 項 該 当
学 位 論 文 題 目	Representation and Calculation of Selfed Population by Group Ring (自殖集団の群環による表現と計算)
論文調査委員	(主 査) 教 授 松 原 武 生 教 授 友 近 晋 教 授 内 田 洋 一 教 授 中 村 健 児

論 文 内 容 の 要 旨

細胞の減数分裂の際に見られる染色体の交叉 (Crossing over) による組み換え (recombination) の現象を考慮に入れて、自家受精集団の頻度を、各世代について一般に求めようとする試みは、古くから多くの人々によって行なわれてきた。中でも Wright の path coefficient の方法, Bartlett, Haldane, Fisher 等の行列の方法などがあり、最近では Haynman, Mather, Reeve 等の計算があるが、現在までにまだ解決されていない。又 Fisher は組み換えを記述する適当な理論が作られていないことを指摘し、自ら理論を導くことを試みたが、解決には至っていない。著者は、組み換えを表現するのにアーベル群を導入して Fisher の要求を満たし、群環の表現論を用いた新しい数学的方法を駆使して、今まで困難とされていた自殖集団中の各接合子の頻度を世代数の関数として一般的に表現する有力な計算法を提案している。

主論文において、まず従来 of 行列の方法を用いた時にに出合う困難を、二遺伝子座の場合について例示している。一般に n 遺伝子座の場合、行列法で問題を解くには $2^{n-1} \times 2^{n-1}$ の行列の固有値と固有ベクトルを求めることが必要になり、その困難は n と共に増大する。著者はこの困難をさけるために、染色体の組み換えの操作を代数学における群としてとらえ、組み換えにもとづく接合子の変化のしかたを群論的に整理する。一般に n 遺伝子座が一本の染色体上にある場合、組み換えのおこる可能性のある個所は $n-1$ ある。この $(n-1)$ の場所の中の i 番目の場所でおこる組み換えを r_i 、組み換えをおこさない操作を e とすると、

$$r_i^2 = e, \quad r_i r_j = r_j r_i$$

をみたし、 n 遺伝子座をもつ染色体のすべての可能な組み換え操作は、 e と r_i ($i=1, \dots, n-1$) の積でつくられる一つのアーベル群をつくり、その元素の総数は 2^{n-1} に等しい。次に組み換えの現象を伴った自殖集団の各接合子の頻度の変化を考えると、ある世代の頻度と次の世代における頻度とは、組み換えのおこる確率を用いて結びつけられるが、各接合子は一つの接合子を標準に選んで、それに適当な組み換え

の操作を施して得られることに注意すると、結局

$$\sum_j x_j(g) r_j = \left(\sum_k c_k r_k \right)^g \left(\sum_j x_j(o) r_j \right)$$

の形の方程式が g 世代後の各接合子の頻度を正しく与えることが証明される。但し $x_j(g)$ は j 番目の接合子の g 世代の頻度、 $x_j(o)$ はその最初の頻度、又 c_k は組み換えの確率で定まる常数である。こうして問題は組み換えの群 $g = \{r_j\}$ の上の群環の簡単な代数方程式に帰着させられる。著者はここで群および群環の行列による表現を利用して、 $x_j(g)$ が $x_j(o)$ の関数として非常に簡単に表わされることを示し、特に例題として二遺伝子座の場合について詳細な計算を遂行している。例えば二遺伝子座で組み換えの確率が 0.3 の場合について数値計算がなされているが、過去の知識からすれば、この場合世代数無限大の極限において、ホモ個体の頻度は 100 % に達することが予想されるが、著者の理論では 0 と 100 % の間の一定の値に収束することが示されている。主論文で発展させられた方法は、二遺伝子座のみでなく、一般に n 遺伝子座の場合にも用いられ、従来の行列の方法では殆んど不可能であった計算をも可能にする。

参考論文のその 1 は染色体の組み換えの群をより一般的に考察したもので、逆位 (inversion) のある染色体の組み換えも扱われている。その 2 はマルコフ過程における内交配係数を染色体の組み換え現象を取入れて一般化した論文である。その 3 からその 8 までは「科学」に発表された著者の研究成果の速報であるが、その中には著者の新しい方法の種々の応用の可能性が指摘されている。

論文審査の結果の要旨

著者志方守一は、集団遺伝学の一課題である染色体の組み換え現象を考慮した自殖集団頻度の統計問題に新しい数学的方法を導入し、従来困難とされていた頻度の世代数による変化を与える一般公式を簡単に導くことを論じている。

今までに用いられていた行列法では、自殖集団における種々の型 ($j=1, 2, \dots, N$) の接合子の出現する頻度を、最初の世代で $\{x_j(o)\}$ 、 g 世代後において $\{x_j(g)\}$ とすると、それらは一般に

$$\begin{pmatrix} x_1(g) \\ \vdots \\ x_N(g) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \text{generation} \\ \text{matrix} \end{pmatrix}^g \begin{pmatrix} x_1(o) \\ \vdots \\ x_N(o) \end{pmatrix} \dots\dots\dots (1)$$

の形に結びつけられる。generation matrix は各接合子の生き残る確率と、組み換えのおこる確率とで表わされる行列であるが、 n 遺伝子座の場合、その次元は $N = \frac{1}{2} 2^n (2^n + 1)$ で、その固有値又は固有ベクトルを求めるには、最少 2^{n-1} 次元の代数方程式を解く必要があることが知られていた。 n が大きくなると、これは非常に困難な仕事になる。この困難をさけるのに、著者は染色体の組み換えの操作が、次元数 2^{n-1} のアーベル群 g をつくることに注意し、この群 g と generation matrix の関係を明らかにして (1) を解く簡単な方法を見出している。すなわち、各接合子は染色体の組み換え操作に対して、その中で互に移りかわるいくつかの組に分類され、しかも各組はそれぞれ群をつくるが、その群は g または g の部分群と同型である。従って接合子の集合も g そのもので表現することができる。またある世代の接合子が、次の世代にどの接合子へ移るかは、組み換えの操作を表わす群 g の元素と、接合子を代表する群の元素のかけ算の規則で規定される。それ故 j 番目の接合子に対応する g の元素を r_j とすれば、(1) は

$$\sum_j x_j(g) r_j = \left(\sum_k c_k r_k \right)^g \left(\sum_j x_j(o) r_j \right) \dots\dots\dots (2)$$

の形の群 g 上の群環の関係式と同等になってしまう。但し c_k は生き残り率と組み換えの確率で定まるある常数である。他方群および群環の表現論を用いると、 g はいくつかの既約表現 $D_1 D_2 \cdots$ をもち、元素 r_j は行列 $D_s(r_j)$ で表現されるとすると、(2)の代りに

$$\sum_j x_j(g) D_s(r_j) = \left\{ \sum_k c_k D_s(r_k) \right\}^g \sum_j x_j(o) D_s(r_j) \cdots \cdots \cdots (3)$$

が成り立つ。アーベル群の表現は必ず一次元であるから、 $D_s(r)$ は唯の数値であり、 $c_k, X_j(o)$ が与えられたものとする、未知変数 $x_j(g)$ の数だけの異なる既約表現をとれば、(3)は $X_j(g)$ をきめる単純な一次連立方程式になる。

著者が創案した以上の方法は誠に巧妙で、一般の n 遺伝子座に対して殆んど困難なく $x_j(g)$ を求めることができ、数値計算だけでなく、解析的な議論を進めるのに適している。

参考論文 8 編は、主論文の拡張あるいは応用に関したもので、主論文に展開された新しい方法が広く応用される可能性を暗示するものである。

要するに、著者志方守一は、従来困難な問題とされていた組み換えのある自殖集団の統計に新しい数学的方法を持ちこみ、今まで存在していた数学上の障害を除くことによって、今後の発展の第一歩をつくり、この分野に貴重な知見を加えたといえることができる。また、主論文、参考論文を通じ、著者がこの分野で豊富な知識とすぐれた研究能力をもっていることを認めることができる。

よって、本論文は理学博士の学位論文として価値があるものと認める。