

系統学関連リンク集

系統学・系統解析に関するサイトへのリンク集。網羅的なのがお望みであれば [PHYMLIP](#) のサイトにある Phylogeny Programs のページをご覧ください。

ソフトウェア

PAUP*

定番の系統解析ソフトウェア。最尤法、最節約法、距離行列法で系統推定が可能。多くの塩基置換モデルに対応している。

PHYML

最尤法による高速な系統推定プログラム。フリーな系統推定ソフトの中では最も多くのモデルに対応している。最新版 3.0 でこれまでの NNI 樹形探索だけでなくより広範囲を探索する SPR にも正式に対応した。

Treefinder

最尤法に対応している系統推定ソフト。系統樹の描画と PostScript ファイルへの出力などの機能があり、便利。分岐年代の推定もできる。mixed model にも対応している。モデル選択や仮説検定にも対応しており、使い勝手と機能が両方とも秀でている。ただマルチスレッドやクラスタへの対応がなされておらず、大規模解析に使うには向かない。系統推定そのものはかなり高速。

GARLI

遺伝的アルゴリズムを用いた最尤系統推定ソフトウェア。MPI に対応しており、クラスタやスパコンで走らせることが可能。mixed model にも対応。

RAXML

現状最速の最尤系統推定ソフトウェア。MPI 対応。mixed model にも対応している。

FastTree

非常に高速な最尤系統推定ソフトウェア。並列化無しなら使える分子進化モデルは限られるものの最速。

Phase

RNA 遺伝子領域用の分子進化モデルによく対応している最尤・MCMC ベイジアン系統推定用ソフトウェア。mixed model にも対応している。

PHYLP

系統推定ソフトウェアパッケージ。最節約法、近隣結合法、最尤法など、一通りのことはできるが、新しい塩基置換モデルを利用した最尤法は扱えない。

MOLPHY

最尤法に特化した系統推定ソフトウェア。有用な [Perl](#) スクリプトも同梱されている。系統樹を PostScript に出力することもできる。

TREE-PUZZLE

最尤法に特化した系統推定ソフトウェア。quartet puzzling algorithm を使い、最尤法を使うものの中では比較的高速。塩基置換の不均一性を Gamma 分布を用いて考慮することも可能。

BALI-Phy

アライメントを最適化しながらベイジアン系統推定するソフト。

ALIFRITZ

アライメントと系統推定を同時に行うソフト。

StatAlign

同上。

fastDNAmI

PHYMLIP の DNAmI のアルゴリズムを改善して高速化したもの。

PAML

最尤法とベイズ法に特化した系統推定ソフトウェアパッケージ。機能は多いが樹形探索は弱いため主に仮説検定や分岐年代推定に用いる。

MrBayes

MCMC(マルコフ連鎖モンテカルロ) 法を用いてベイジアン系統推定するプログラム。MPI に対応しており、大規模解析が可能。mixed model にも対応している。

BEST

複数領域の配列データから各領域の Gene Trees を推定し、それらからさらに Species Tree を推定するベイズ系統推定ソフトウェア。

Phybase

Gene Trees から Species Tree を推定したりできる R パッケージ。

AUGIST

与えられた Gene Trees から Species Trees を推定する Mesquite の拡張パッケージ。

BEAST

MCMC 法を利用して系統樹・分岐年代の推定などを行う Java プログラム。

TNT

高速最節約系統推定ソフトウェア。Windows・MacOS X・Linux(32/64bit) に対応。MacOS X と Linux では PVM による並列化にも対応している。Willi Hennig Society の支援で個人用途無償化がなされました。

POY

アライメントと系統推定を反復改善していく動的最適化法に対応した最節約系統推定ソフトウェア。Windows・MacOS X・Linux 版の公式バイナリが配布されています。PVM による並列化にも対応。ソースコードも配布されていますので自前でコンパイルすれば大抵の環境で動作するでしょう。

SplitsTree4

系統ネットワーク推定用ソフトウェア。Java 製。

MEGA

Windows 用の系統推定ソフトウェア。近隣結合法などの距離行列法に対応。同梱の TreeExplorer はカッチョイイ円形の系統樹を描ける。

TOPALi

アライメント編集・モデル選択・系統推定に対応したグラフィカルなソフトウェア。Java で書かれているためマルチプラットフォーム対応。

Bosque

多重配列アライメント・モデル選択・系統推定に対応したグラフィカルソフトウェア。Java で書かれている。

EPoS

データや系統樹の可視化と系統推定を行うためのグラフィカルソフトウェア。

Unipro UGENE

データの編集・アライメント・系統推定を行うためのグラフィカルソフトウェア。

ModelTest

塩基置換モデル選択用ソフトウェア。PAUP* が必要。

ProtTest

アミノ酸置換モデル選択用ソフト。

ModelGenerator

塩基・アミノ酸置換モデル選択用ソフト。Java 上で走る。単体で動作。

MrAIC.pl

塩基置換モデル選択用 Perl スクリプト。MrBayes 用設定コマンドを出力する。PHYML が必要。

MrModeltest

塩基置換モデル選択用スクリプト。MrBayes 用設定コマンドを出力する。PAUP* が必要。

Kakusan

私が開発した塩基置換モデル選択スクリプト。PAUP* もしくは PAML 内の baseml を用いて尤度計算し、最適モデルを選択する。複数領域がある場合は各領域ごとにモデル選択可能。PAUP*、MrBayes、Treefinder 用の自動設定ファイルを出力する。

NJplot

系統樹可視化プログラム。私の環境では不安定。

TreeView X

系統樹可視化プログラム。Windows、UNIX、MacOS X に対応。

Mesquite

Java な系統解析ソフトウェア。ツリーやチャートの編集、祖先形質復元、多変量統計解析など。

TREEME

Windows 用系統樹描画・編集ソフトウェア。有料。

TreeDyn

系統樹描画・編集ソフトウェア。Java 製。

FigTree

系統樹描画・編集ソフトウェア。Java 製。

MrEnt

系統樹描画・編集用ソフトウェア。簡易ドローイング機能もあり、様々な注釈を書き加えられる。ただし Windows 専用で .NET Framework 1.1 が必要。入力ファイル形式は NEXUS。編集結果は独自形式のファイルに保存できるほか、PDF・EMF・BMP・PNG で出力可能。

Treellustrator

系統樹描画・編集ソフトウェア。Java 製。入力は NEXUS/Newick 両対応。枝の色分けとクレード支持率の表示が可能で、編集結果を JPEG や PostScript へ出力可能。

Paloverde

3D 系統樹描画ソフト。

Walrus

3D 系統樹描画用にも使える 3 次元グラフ可視化ソフトウェア。グリグリ回せます。

phylo3D

Walrus 用樹形ファイル形式変換ツール。

TreeStat

系統樹の様々な性質を表す指標を計算するソフトウェア。

r8s

LF 法、NPRS 法、PL 法による分岐年代の推定ソフト。

PhyBayes

MCMC を応用した分岐年代のベイズ推定を行うソフトウェア。

Multidivtime

階層ベイズモデルに基づいて分岐年代の MCMC ベイズ推定を行うソフトウェア。

T3 (Thornian Time Traveler)

Multidivtime の改変版。中でやっている計算はほぼ同じ。

CodonRates

同義置換速度・非同義置換速度・同義置換 / 非同義置換比 (Omega) を同時推定するタンパクコード領域データ用分岐年代推定ソフト。

PATHd8

Mean-Path-Length 法による分岐年代推定用ソフトウェア。

CONSEL

比較したい系統樹と、それぞれの樹形における座位毎の尤度 (site-wise likelihoods) を与えることで、RELL 法によるマルチスケールブートストラップを用いて系統樹を統計的に比較するためのソフトウェア。

PhyloBayes

BayesPhylogenies と同様のモデル (CAT モデルと呼んでいる) を実装したベイズアン系統推定ソフトウェア。さらに系統樹上での置換モデルの変化を許す Break-Point モデルを加えた [nhPhyloBayes](#) というものも開発されている。無印版では、multidivtime のように隣接枝間での進化速度自己相関を仮定した分岐年代推定もサポートしている。

BayesPhylogenies

パーティション分割を系統樹の尤度に最適化することでデータから決定するように実装したベイズアン系統推定ソフトウェア。

BayesTraits

祖先形質のベイズ推定ソフトウェア。バイナリデータのみならず多数の形質状態も扱えます。離散・連続的な形質の両方に対応。

PaupUp

[PAUP*](#) の Windows 用 GUI ラッパー。

Bininda-Emonds 氏の Perl スクリプト集

樹形ファイルや配列ファイル処理用の [Perl](#) スクリプトが色々。

DT-ModSel

Minin et al. (2003) の方法によるモデル選択用 [Perl](#) スクリプト。

SeqState

Primer 設計と Indel 符号化のためのソフトウェア。

Seq-Gen

系統樹と分子進化モデルから配列をモンテカルロシミュレーションによって生成するソフトウェア。

Dawg

欠失・挿入も含めてシミュレーションによって生成するソフトウェア。

indel-Seq-Gen

タンパクコード領域のデータ配列を欠失・挿入も含めてシミュレーションによって生成するソフトウェア。

EvolveAGene3

同上。

Clann

多数の系統樹から SuperTree を様々な方法で作成することができるソフトウェア。

Phylocom

系統的群集構造解析用ソフト。

POPE

Orthologue と Parologue を区別するためのソフトらしい。

Web リソース

PhyloWidget

系統樹の描画・閲覧用 Web サイト。

Testing for the Node-Density Artefact

タクソンサンプリング密度の違いに起因するアーティファクトを検出するための Web フォーム。