

新しい分岐年代推定法の開発と実装

Development and Implementation of a New Method for Estimating Divergence Times

Akifumi S. Tanabe @ Graduate School of Life Sciences, Tohoku University

<http://www.fifthdimension.jp/>

a.s.tanabe@fifthdimension.jp

東北大・院・生命科学 田辺晶史

Why do we estimate divergence times?

- ・同時代の地質イベントとの関係を明らかにする（例：白亜紀末の大量絶滅と現生哺乳類の登場）
- ・共進化関係にある他の分類群の分岐年代との関連性を明らかにする（例：顕花植物と訪花昆虫）
- ・分子進化速度の変化を明らかにする（例：生態的開放状態の出現による進化速度の加速）
- ・系統的多様性を総遺伝距離から形成に要した累積時間に変換する

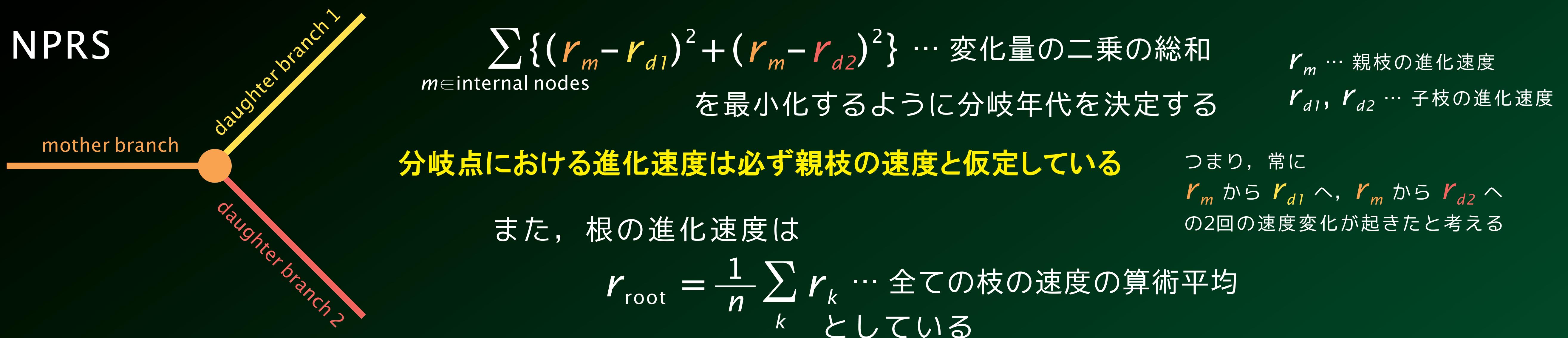
Conclusion

- ・NPRSを改善した新しい分岐年代推定法を開発した
- ・実際の哺乳類の系統樹に適用するクロスバリデーションによって推定精度が改善されることを確認した

Existing methods to estimate divergence times under no-clock assumption

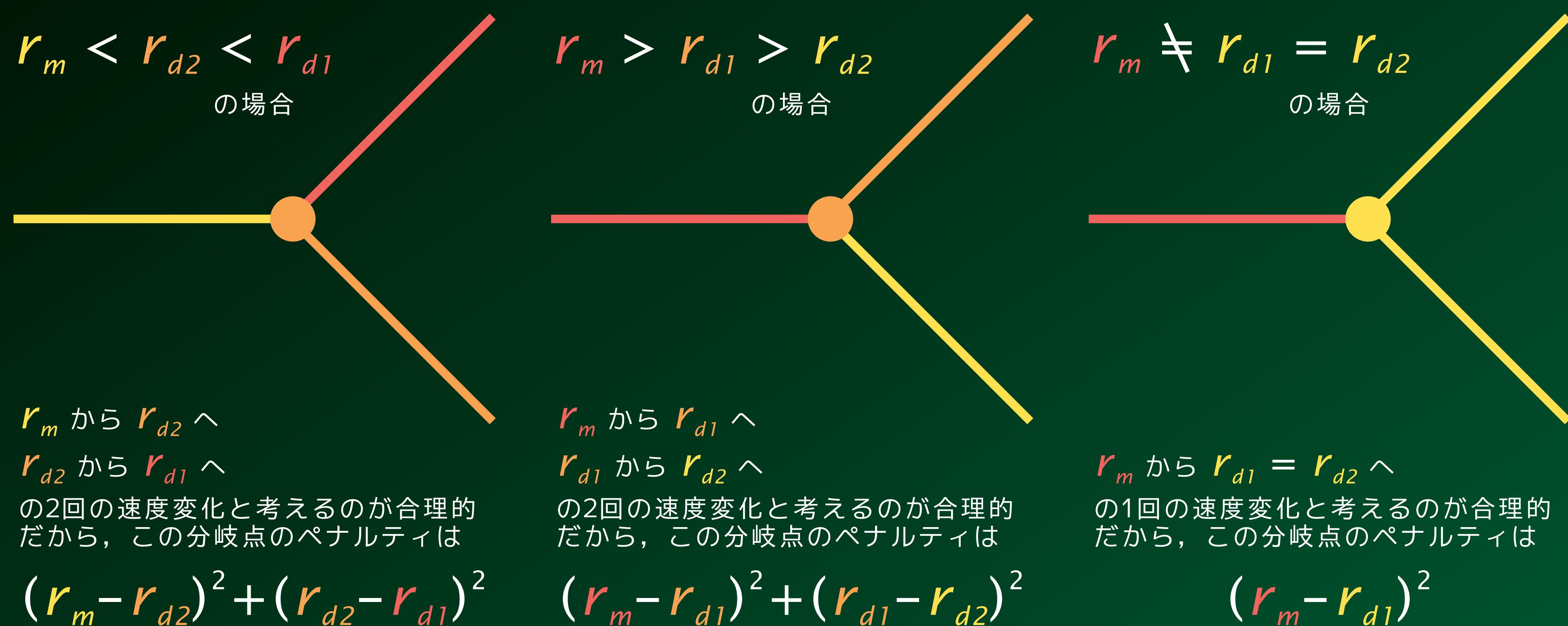
- Nonparametric Rate Smoothing / r8s (Sanderson, 1997)
- Penalized Likelihood / r8s (Sanderson, 2002)
- Bayesian MCMC / multidivtime (Thorne *et al.*, 1998), mcmctree (Rannala & Yang, 2007), BEAST (Drummond & Rambaut, 2007)

隣接枝間における分子進化速度の自己相関を仮定 = 分子進化速度ができるだけなだらかに変化するようにする



Improvement 1

More parsimonious objective function



Improvement 2

More reasonable rate of root

根から根の直下の枝への速度変化のペナルティが最も小さくなる根の進化速度は

$$r_{\text{root}} = \frac{1}{n} \sum_{j \in \text{subjacent nodes}} r_j$$

…根の直下の枝の速度の算術平均

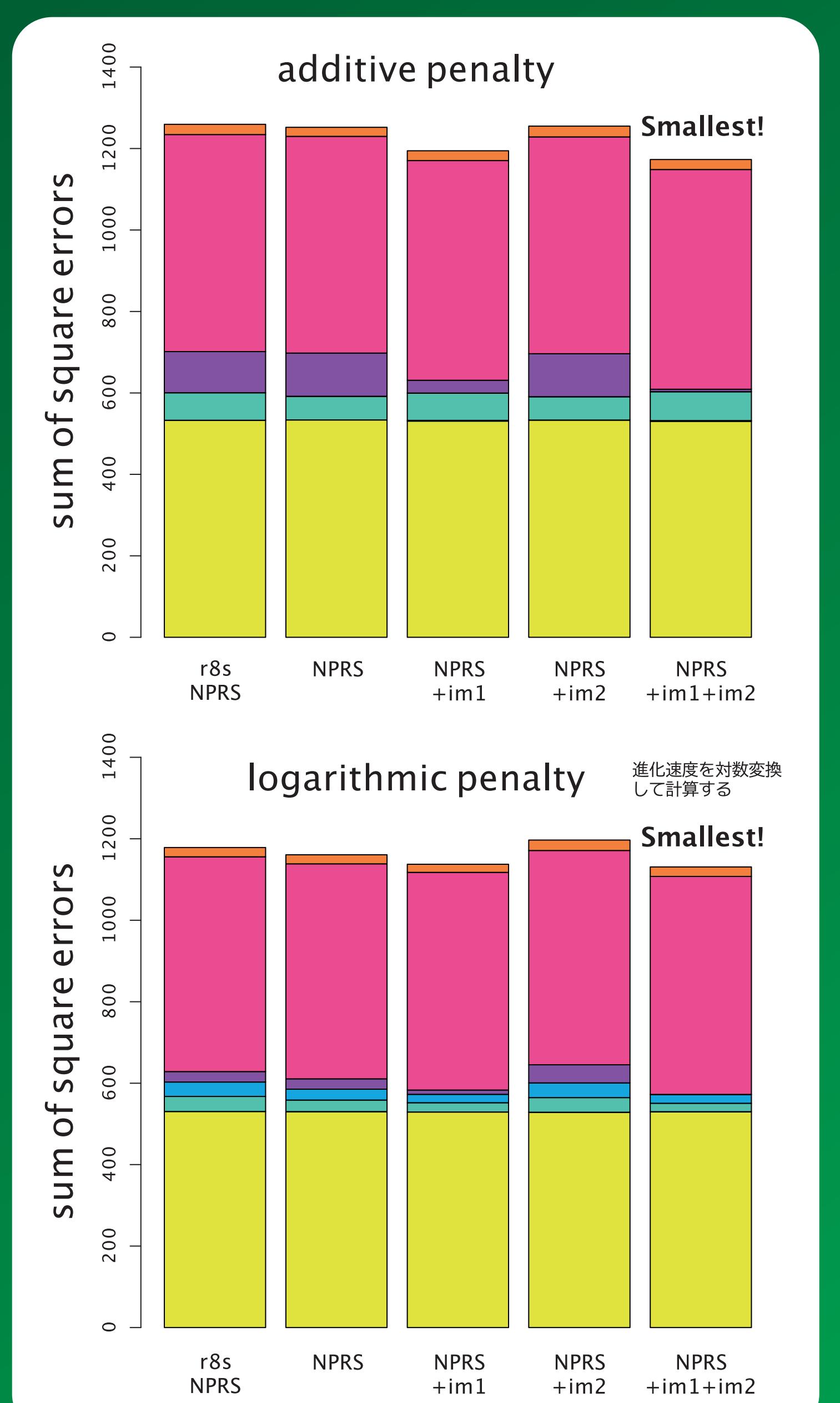
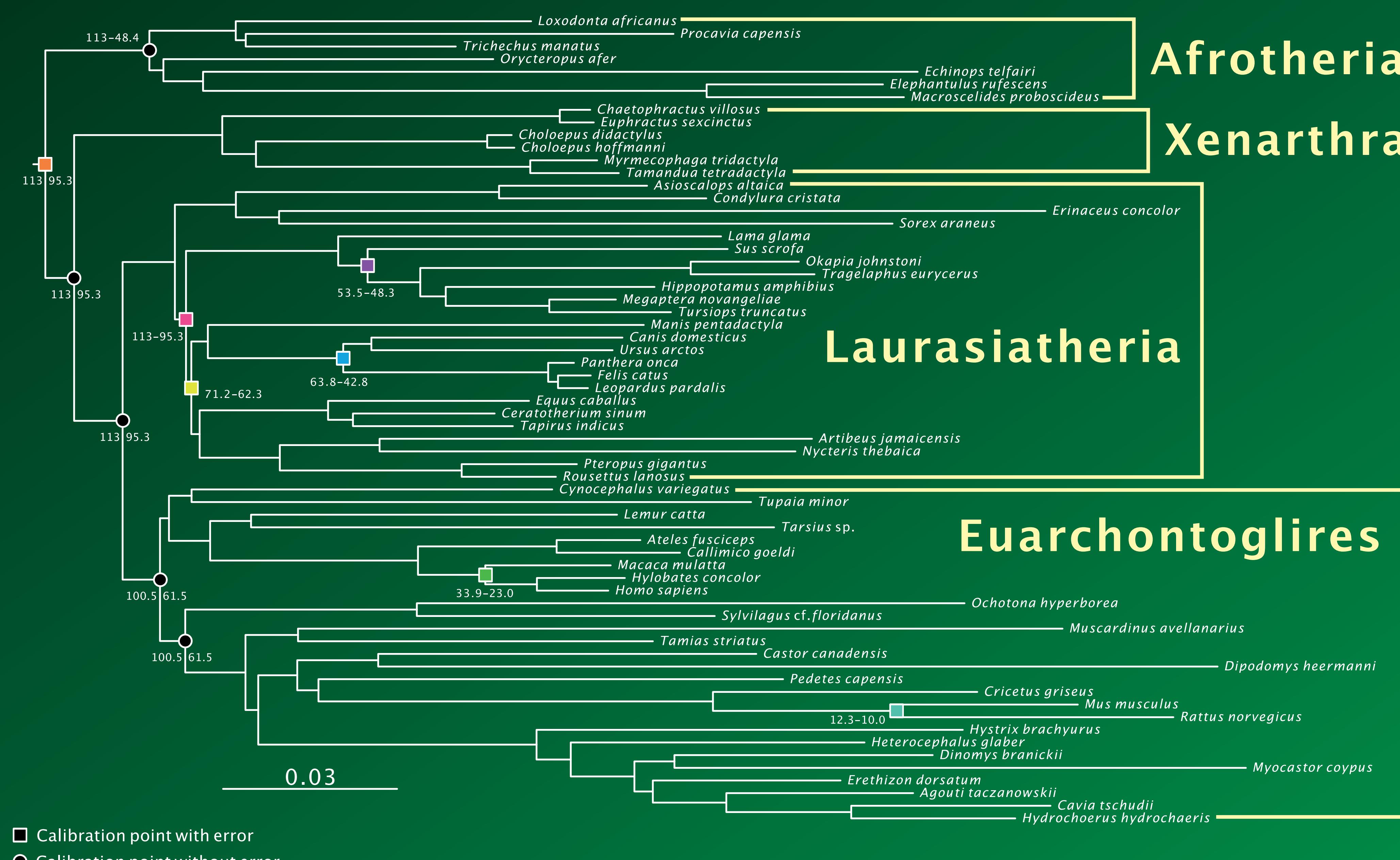
である

これら二つの改善を施したソフトウェアを開発し、以下の方法で推定精度が改善されるか検証した

Comparing new methods with NPRS by n-fold fossil cross validation

年代較正点を1点除去して分岐年代推定し、除去した較正点の推定誤差を計測する。これを全較正点に対して繰り返し、誤差平方和をNPRSと比較する。

- Phylogenetic tree : Placental mammal ML tree inferred from 9,718bp nucleotide sequences (Murphy *et al.*, 2001) by Treefinder (Jobb *et al.*, 2004)
- Calibration points : 12 age constraints from Benton & Donoghue (2007)



上述の改善点を両方とも適用した場合に誤差平方和が最小になることが確認できた