

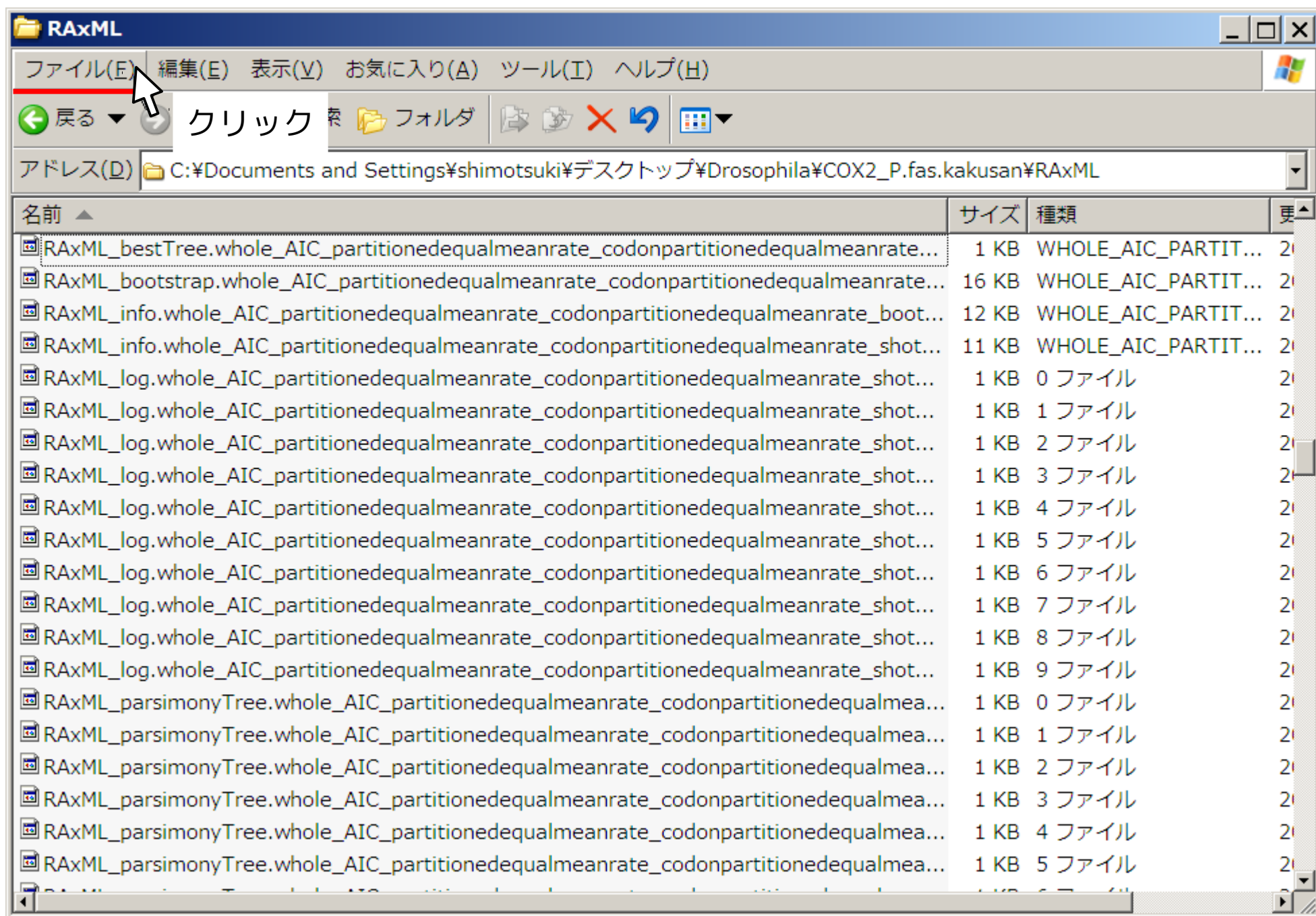
系統樹・系統仮説の可視化 と系統仮説間の統計的比較

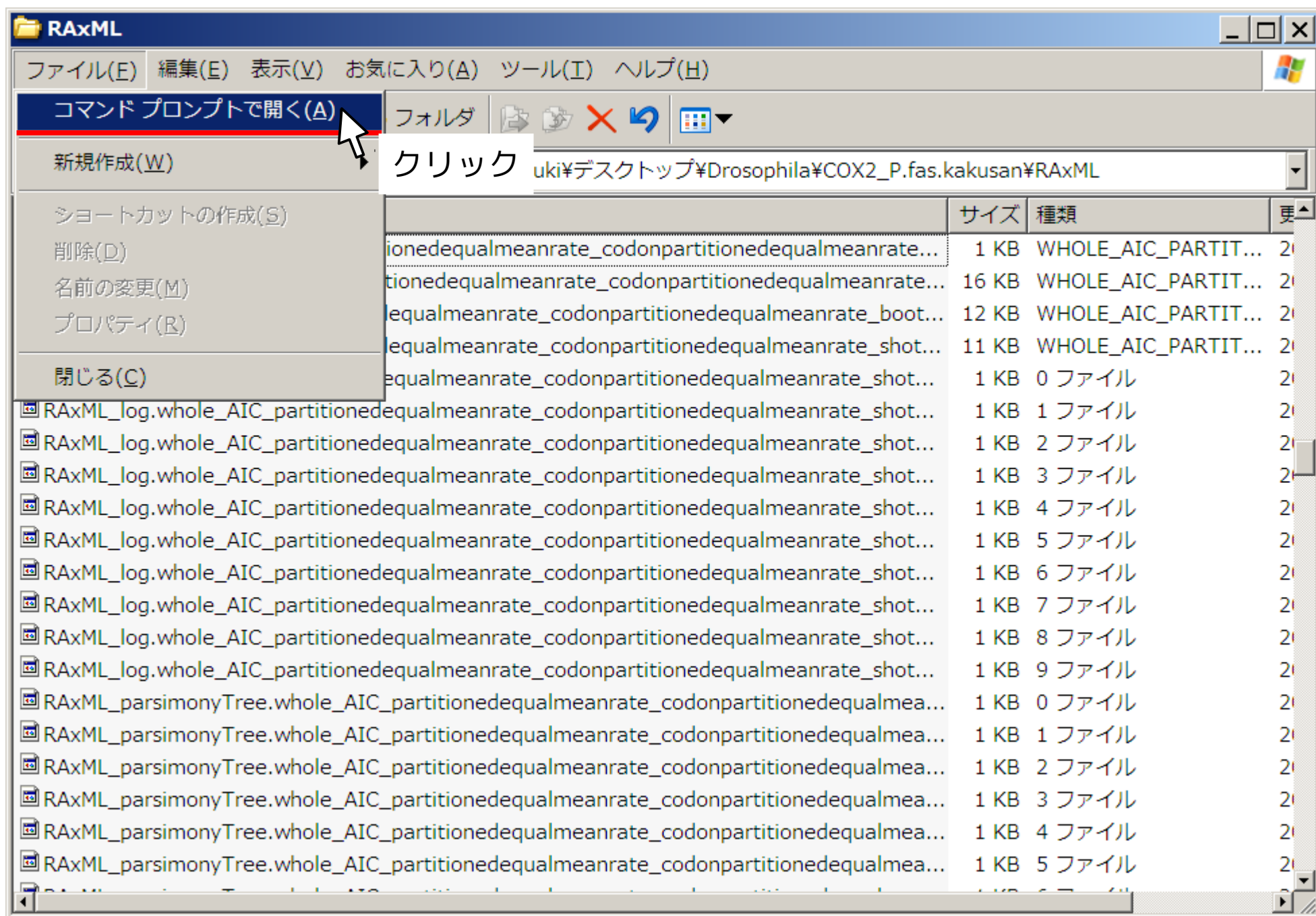
実習編

田辺晶史

演習

- 最尤系統樹中の系統仮説に非互換で、ブートストラップ解析での出現頻度が高い仮説を探す
- 系統仮説を満たす系統樹の中で尤度最大の系統樹を用意する
 - 支持率が高い方の系統仮説を満たす系統樹の中で尤度最大なのは最尤系統樹なので改めて探索の必要なし
 - 支持率が低い方の系統仮説を満たす系統樹の中で尤度最大のものをを用意するために樹形制約付き最尤系統樹推定を行う
- 各系統樹の各座位の尤度を計算
- CONSEL で KH/SH/AU 検定を実行



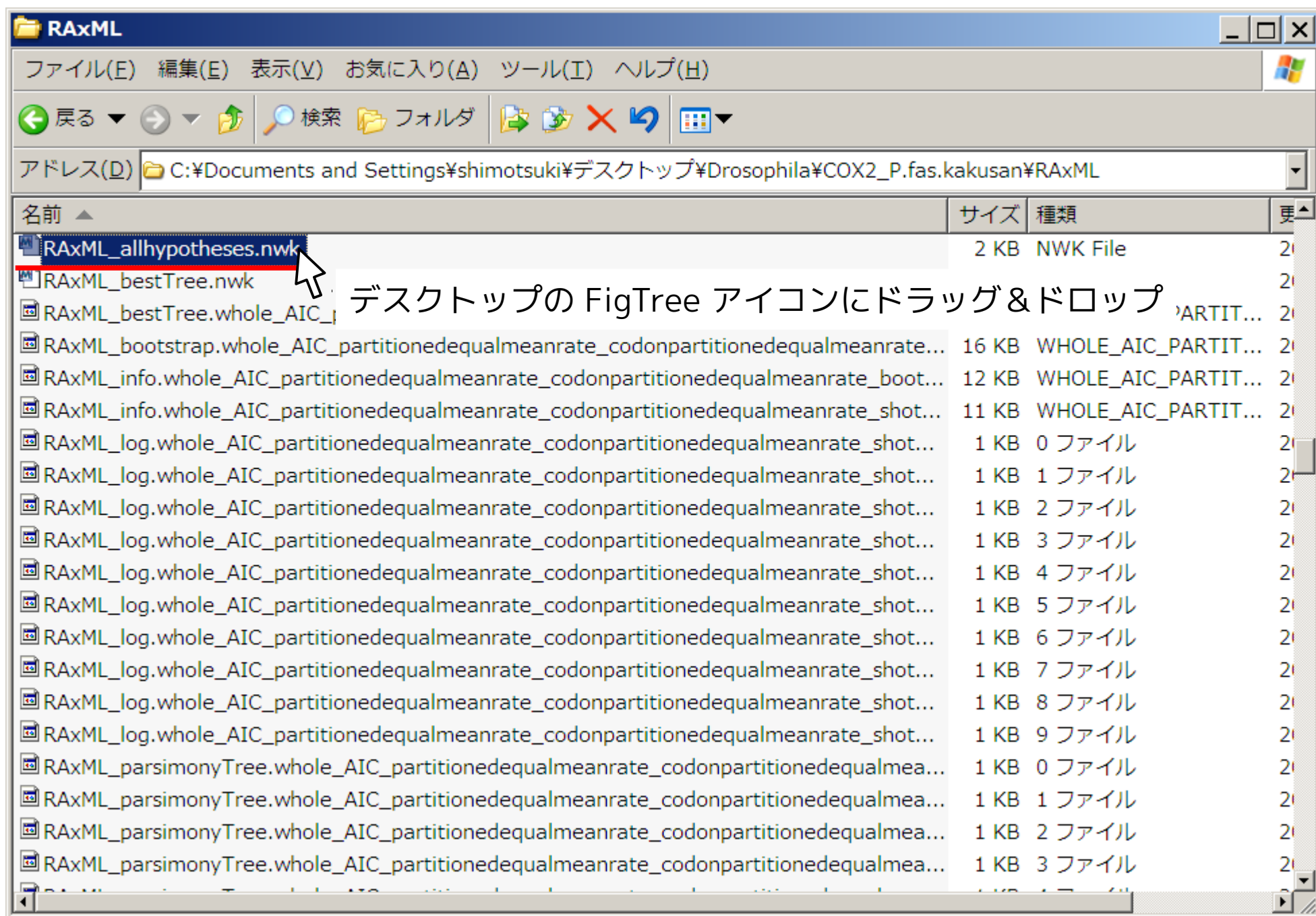


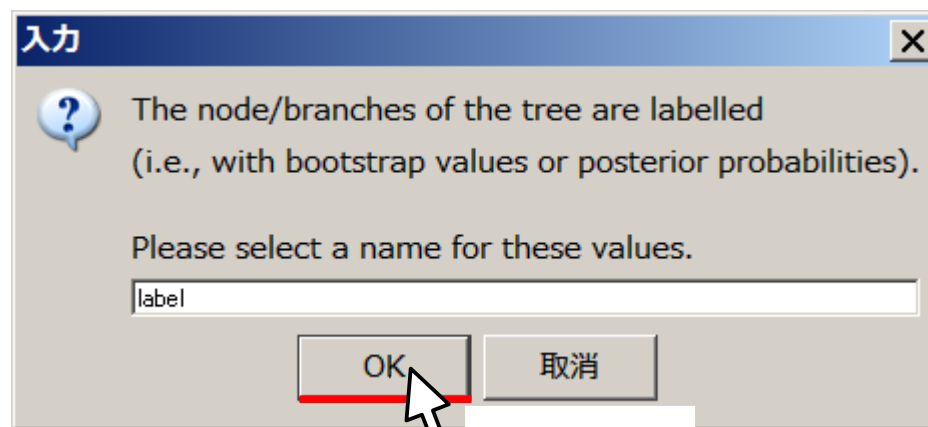
全系統仮説の出現頻度を集計

下記のコマンドを入力して Enter

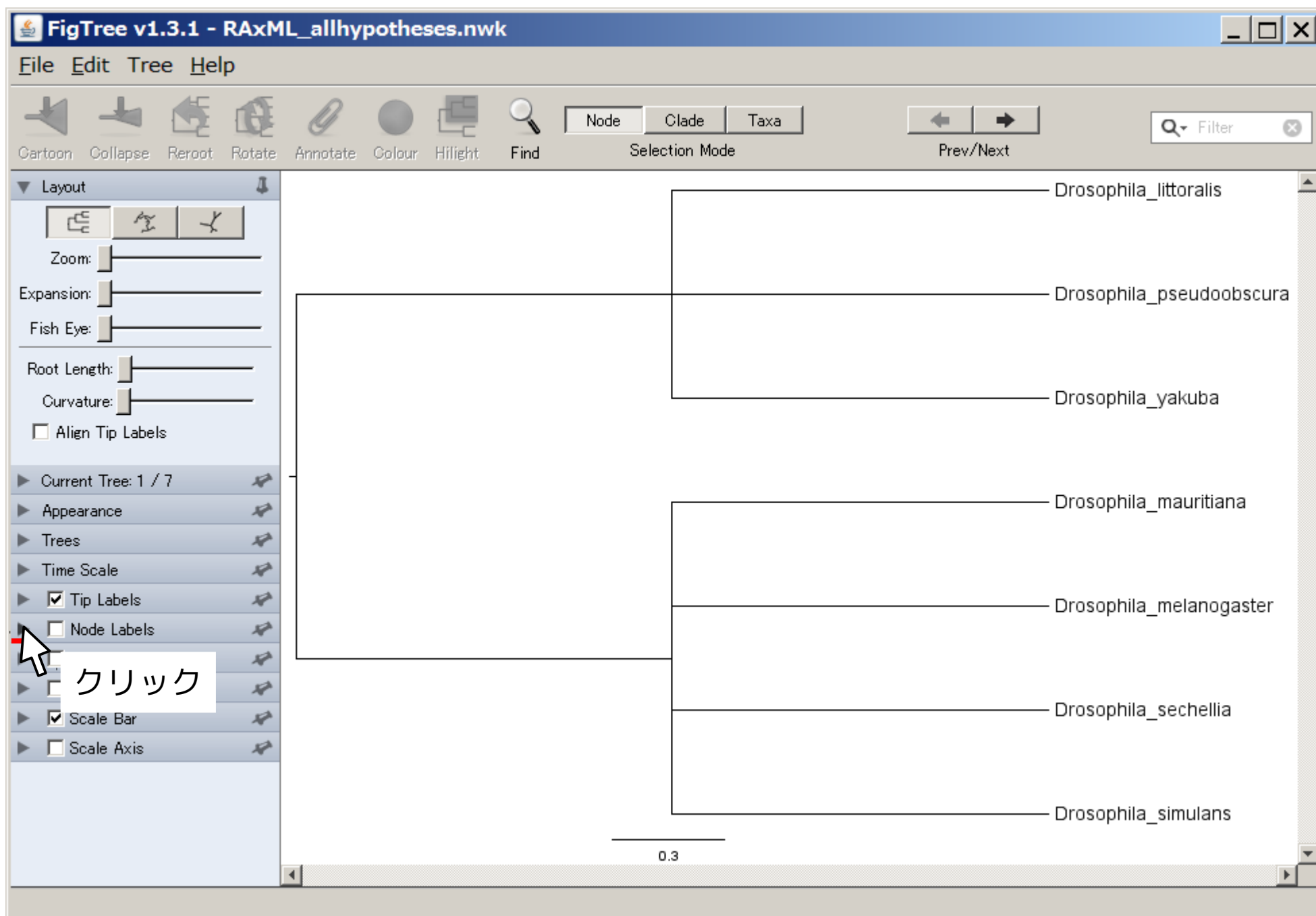
pgsumtree \	… コマンド名
--mode=ALL \	… 全系統仮説列挙モードで実行
RAxML_bootstrap. 略 \	… 入力ファイル名
RAxML_allhypotheses.nwk	… 出力ファイル名

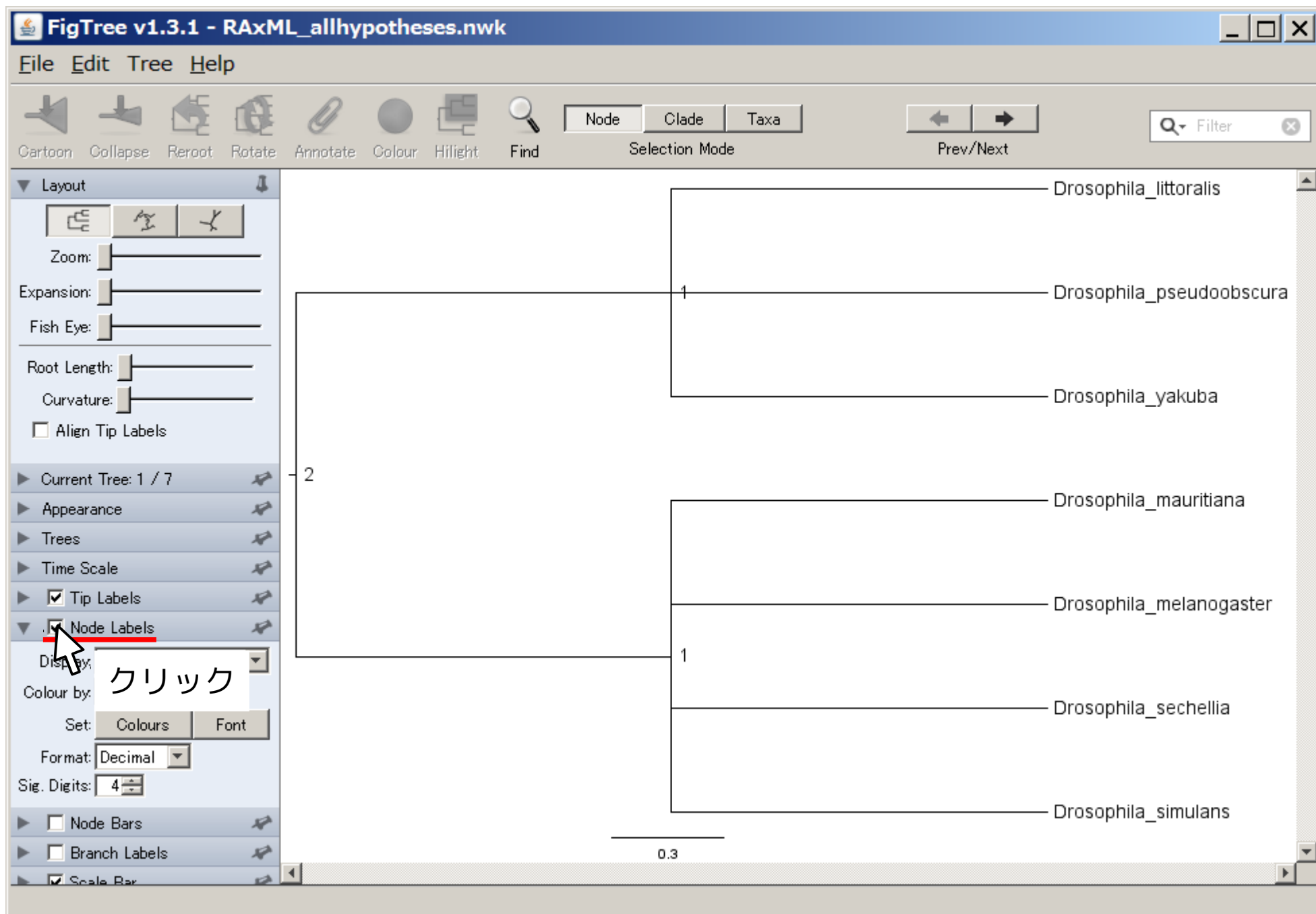
「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意
ただしスペースは入れること

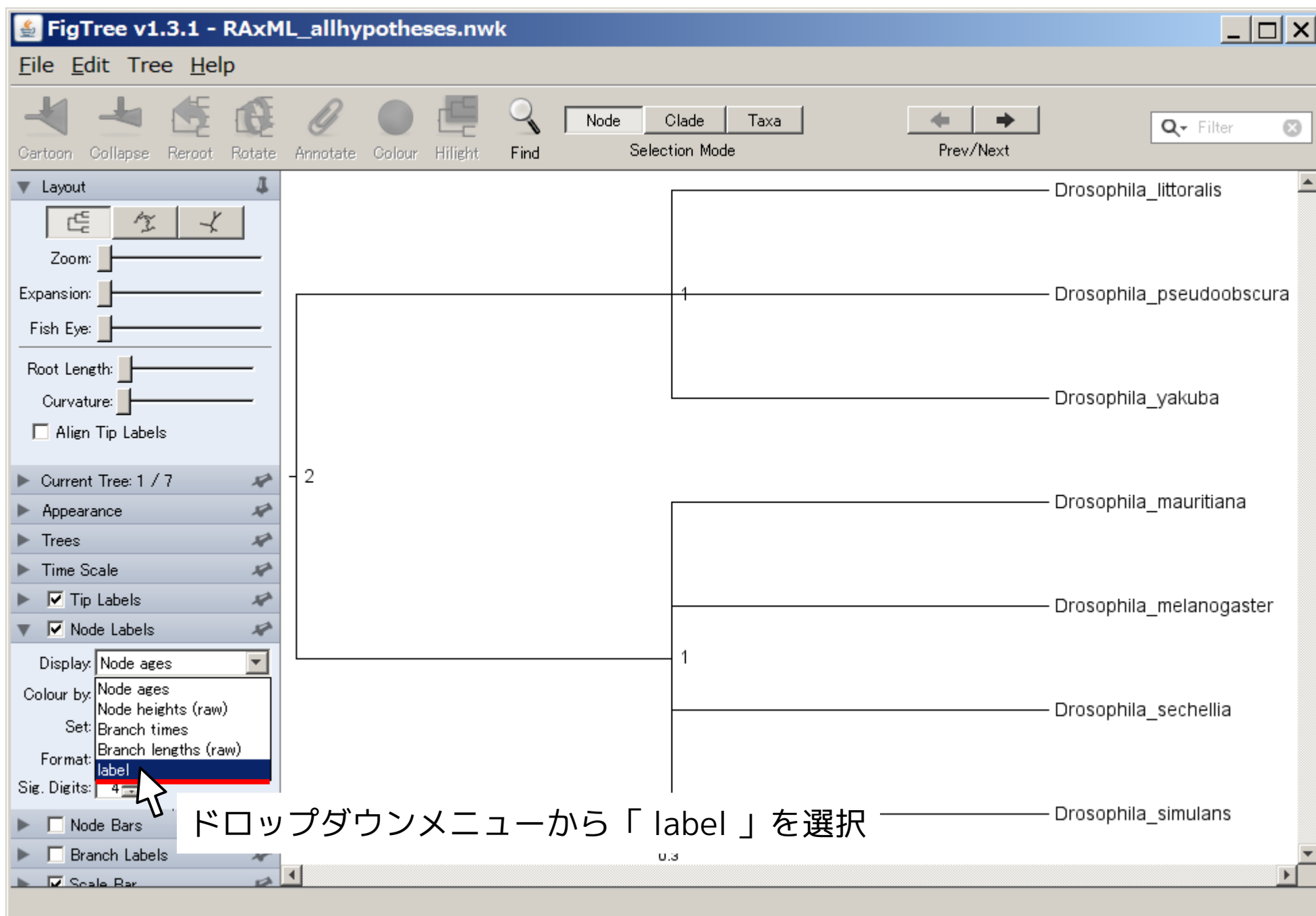


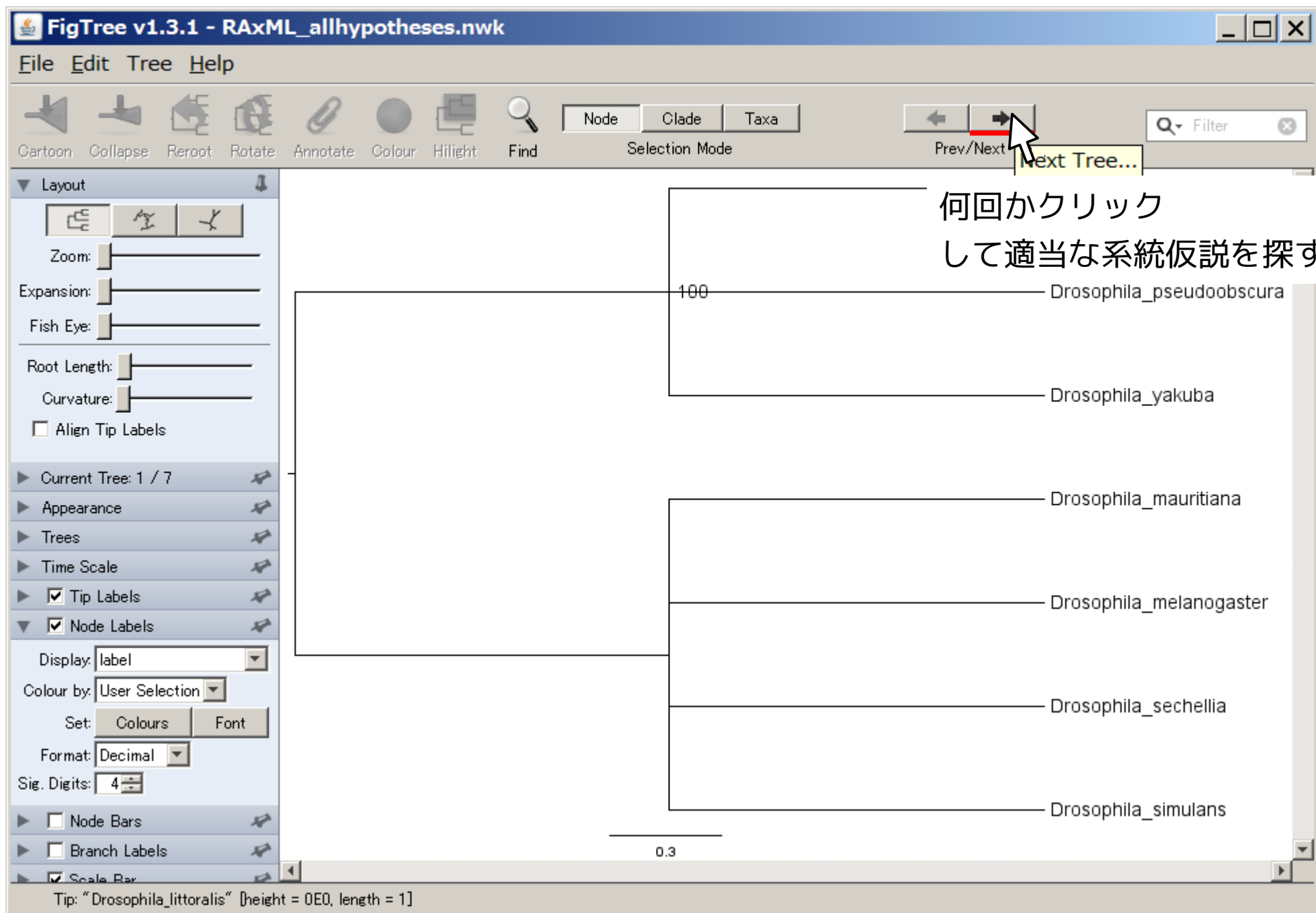


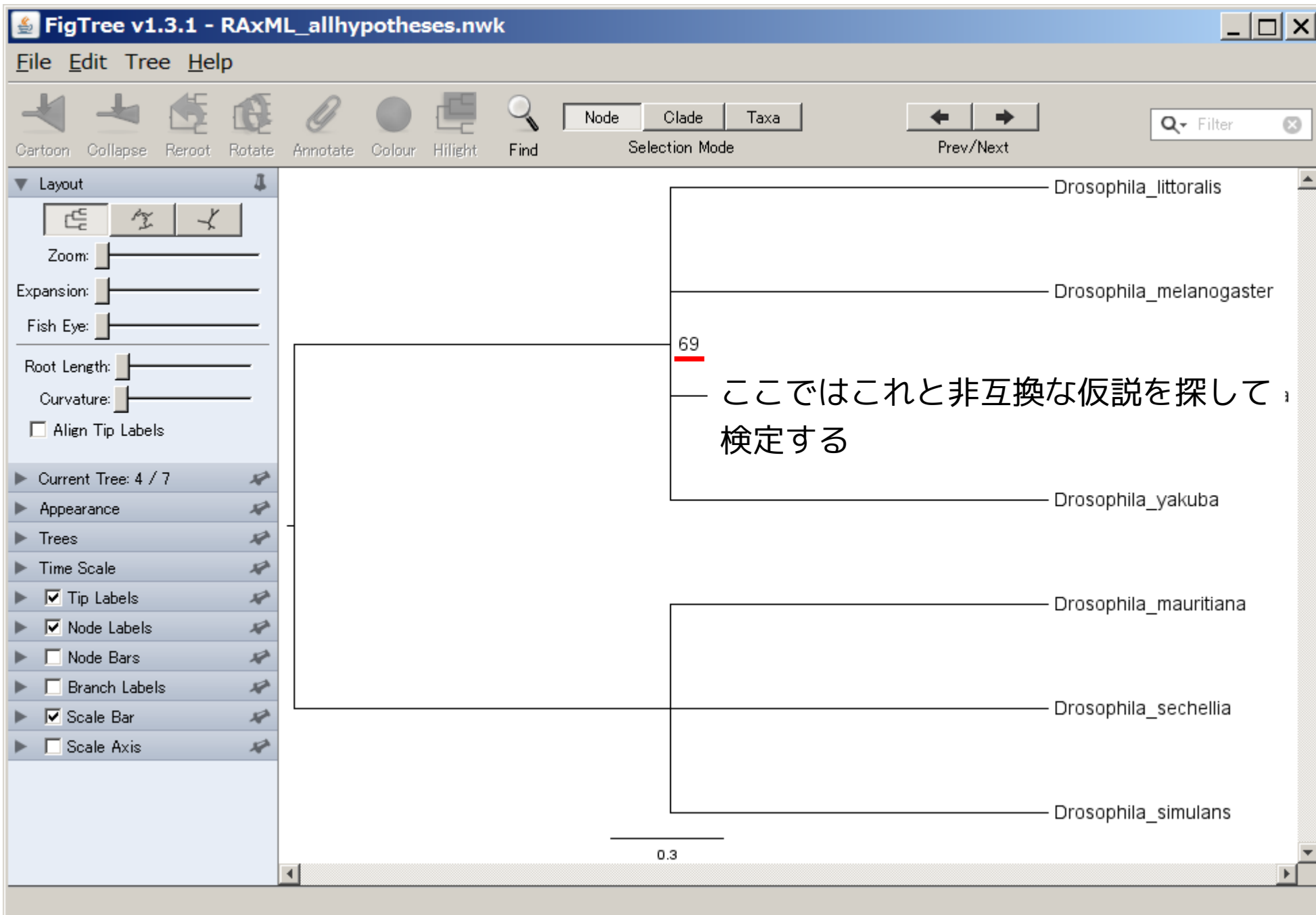
クリック

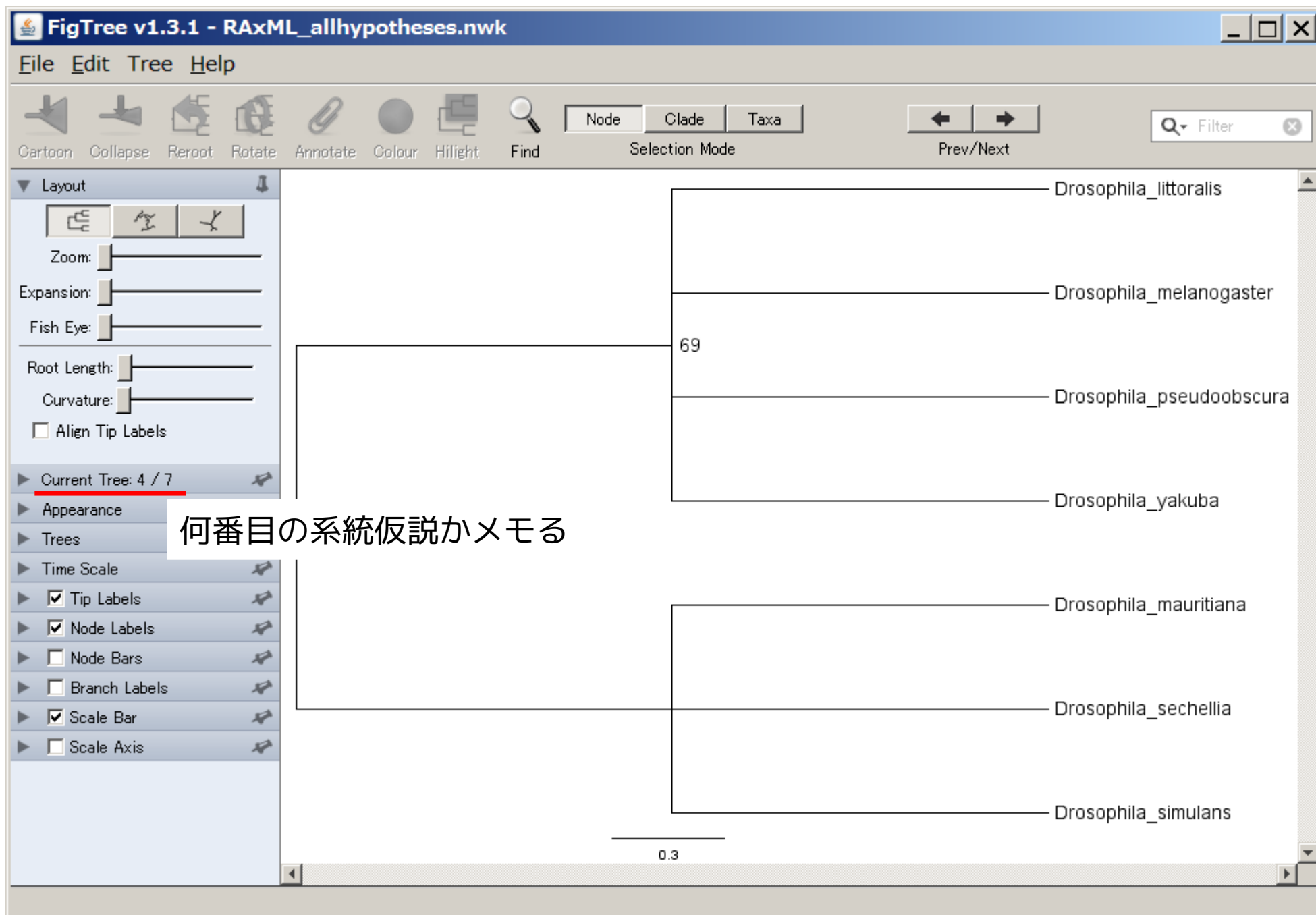










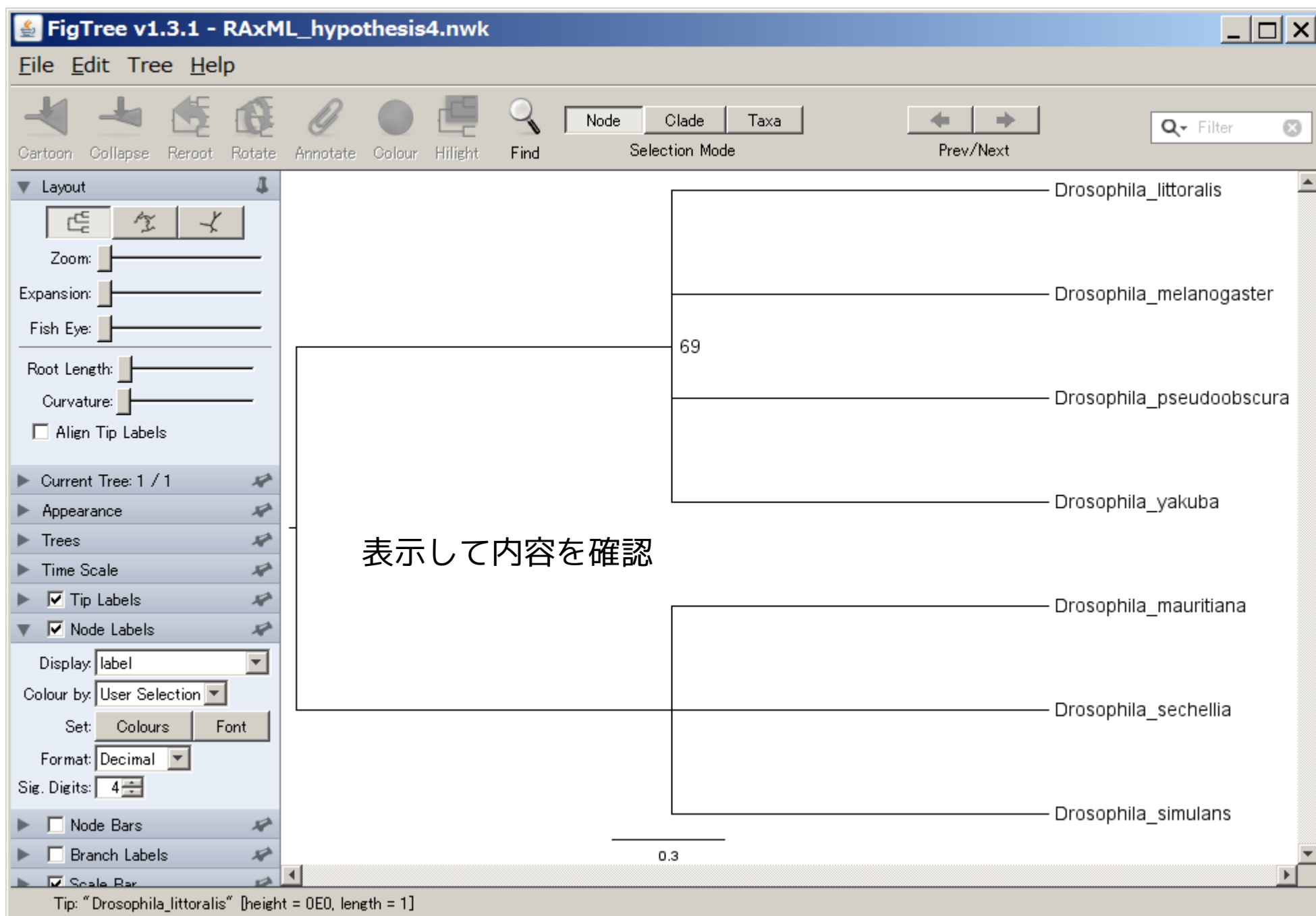


4 番目の系統仮説を別ファイルに抽出

下記のコマンドを入力して Enter

pgsplicetree \	… コマンド名
4 \	…4 番目を抽出
RAxML_allhypotheses.nwk \	… 入力ファイル名
RAxML_hypothesis4.nwk	… 出力ファイル名

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意
ただしスペースは入れること

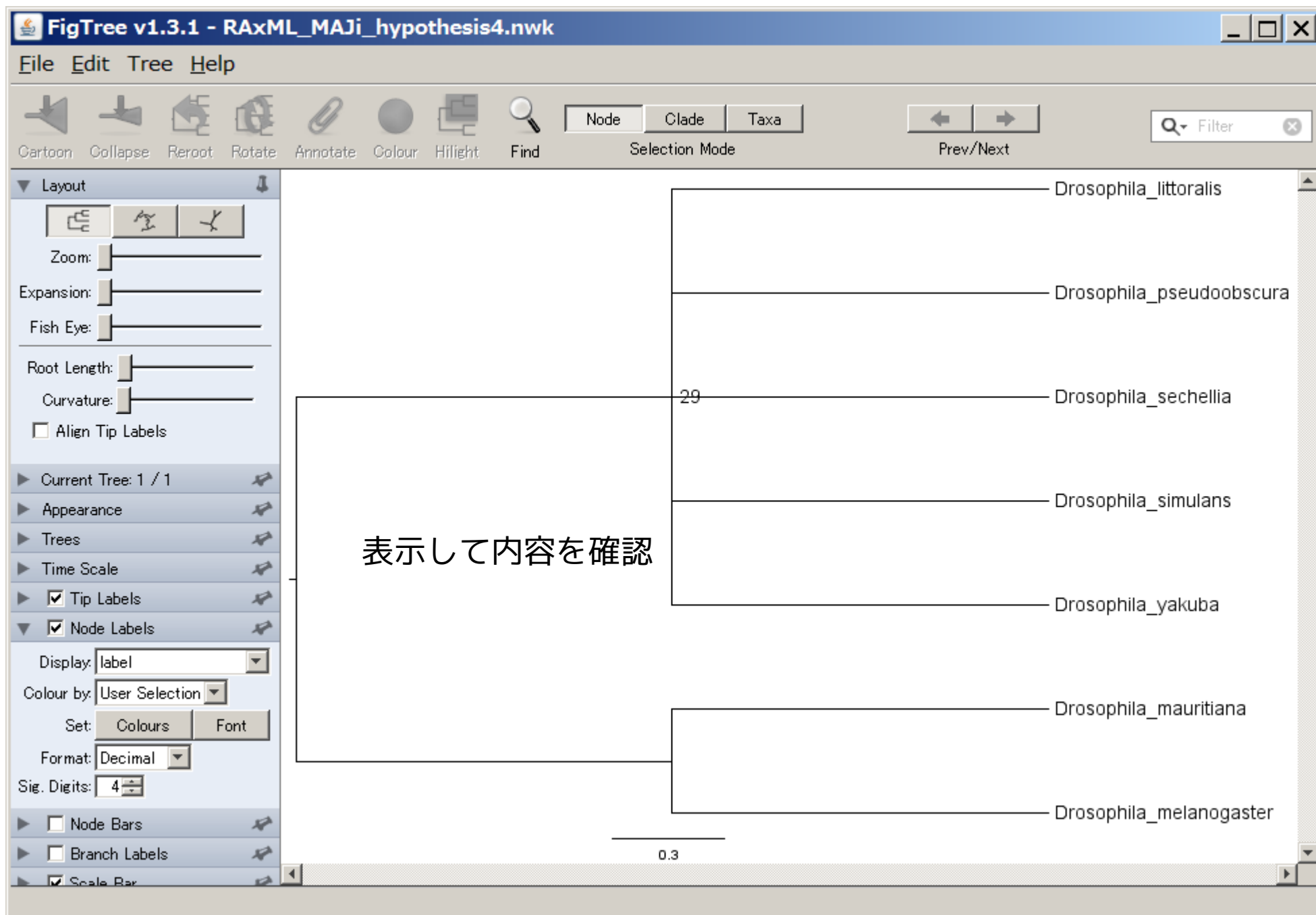


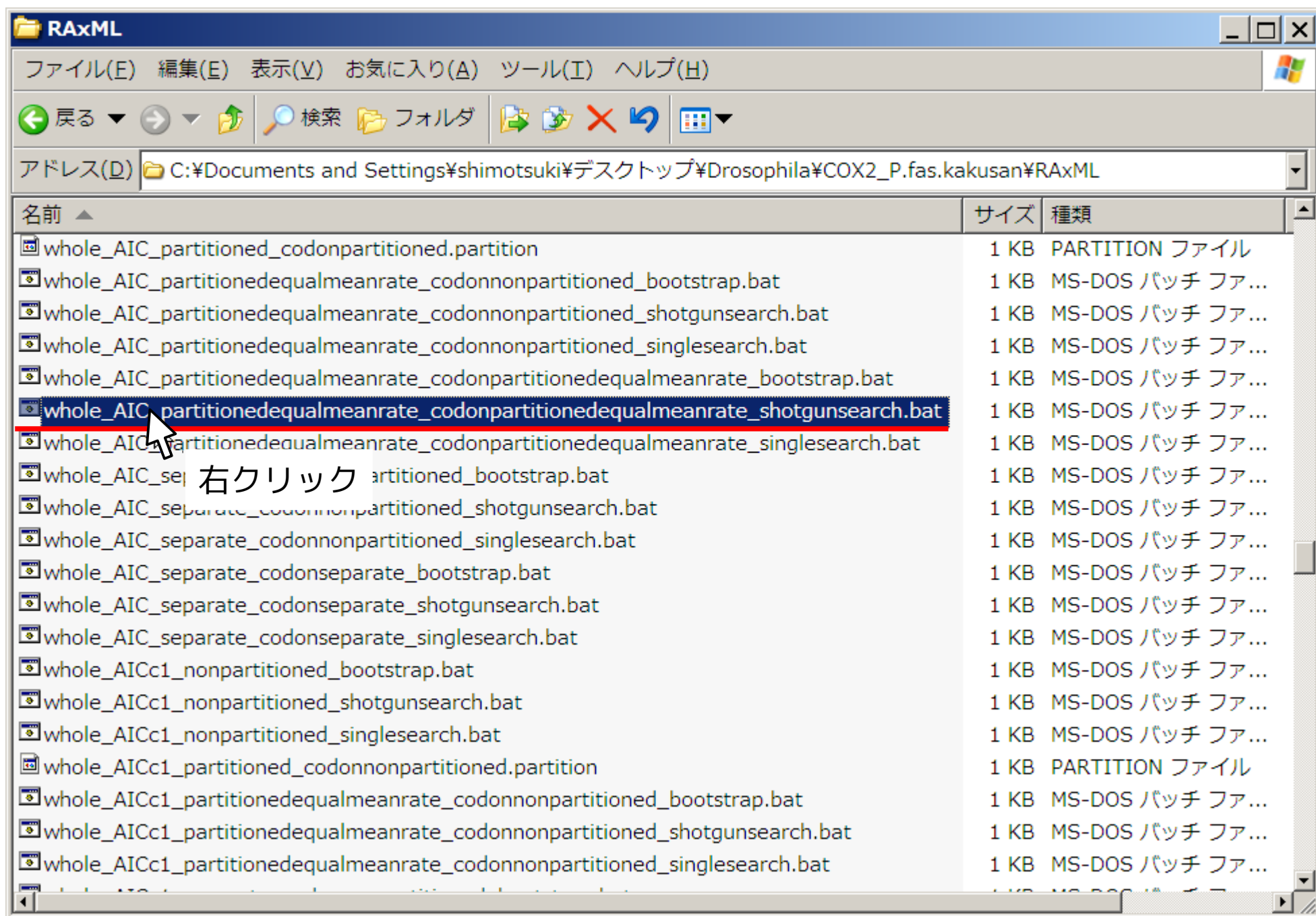
先程の系統仮説と非互換の仮説の中で最頻出のものを探す

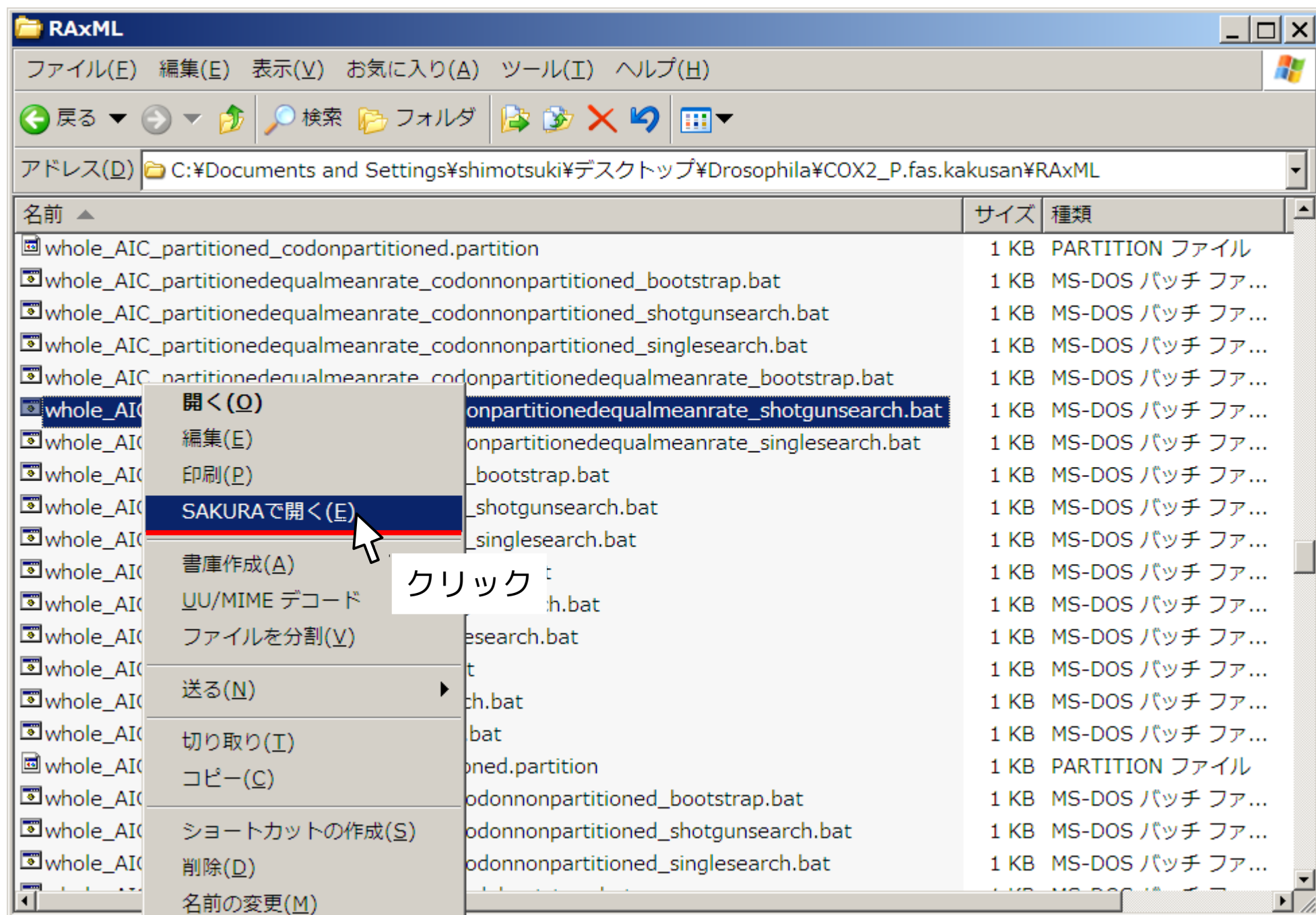
下記のコマンドを入力して Enter

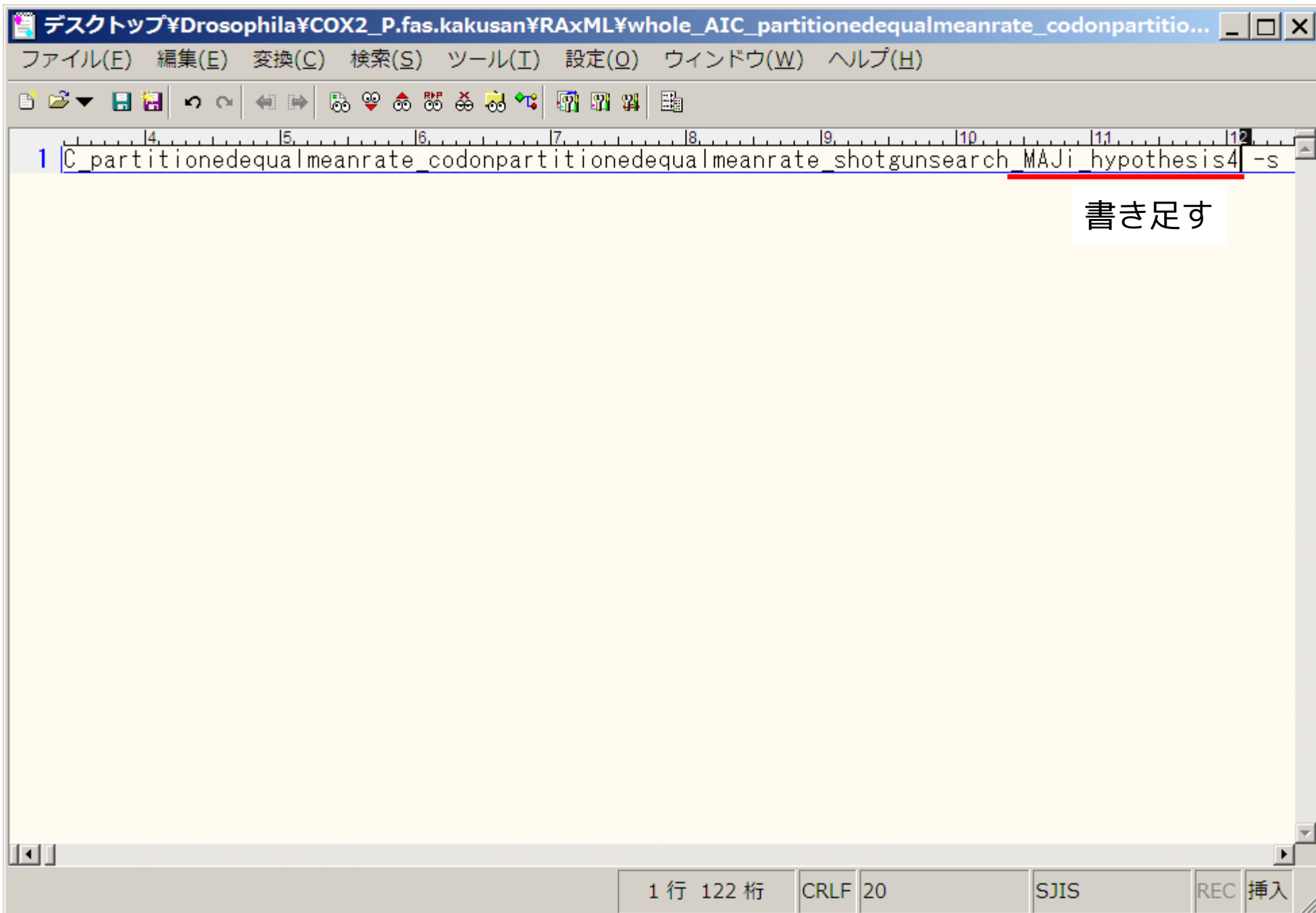
pgsumtree \	… コマンド名
--mode=MAJi \	… 非互換最頻出仮説探索
--treefile=RAxML_hypothesis4.nwk \	… 対象系統樹ファイル指定
RAxML_bootstrap. 略 \	… 入力ファイル名
RAxML_MAJi_hypothesis4.nwk	… 出力ファイル名

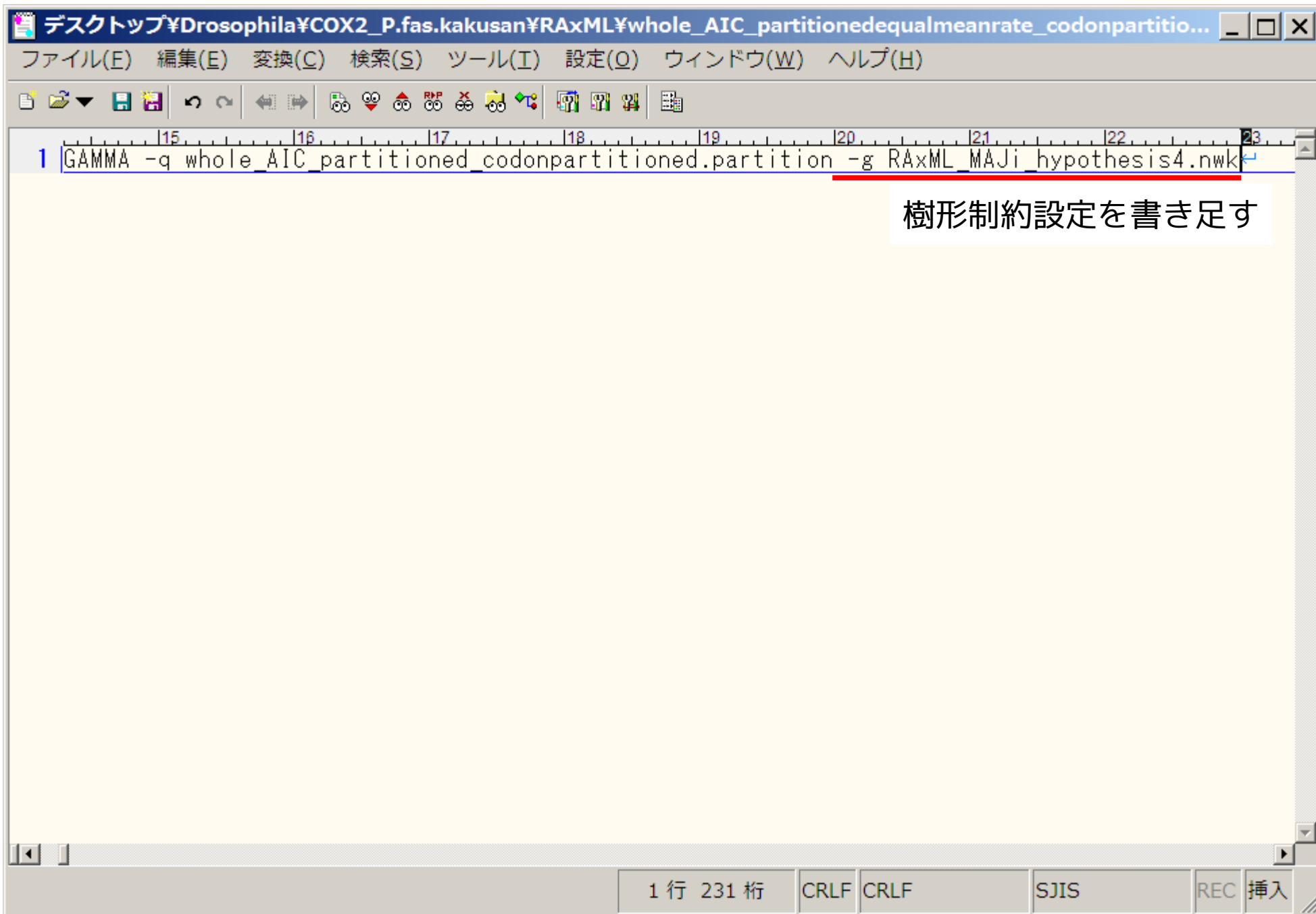
「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意
ただしスペースは入れること

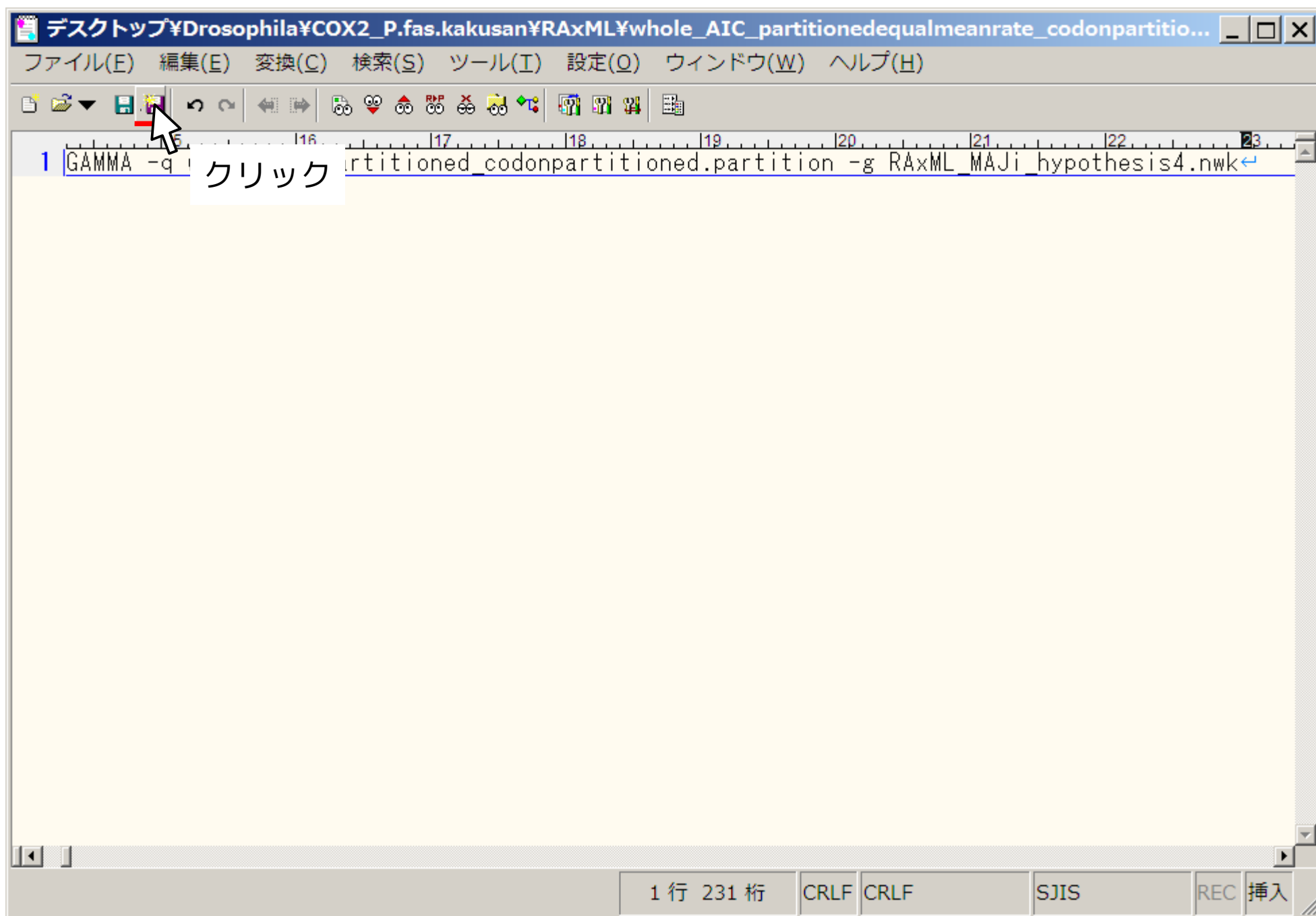


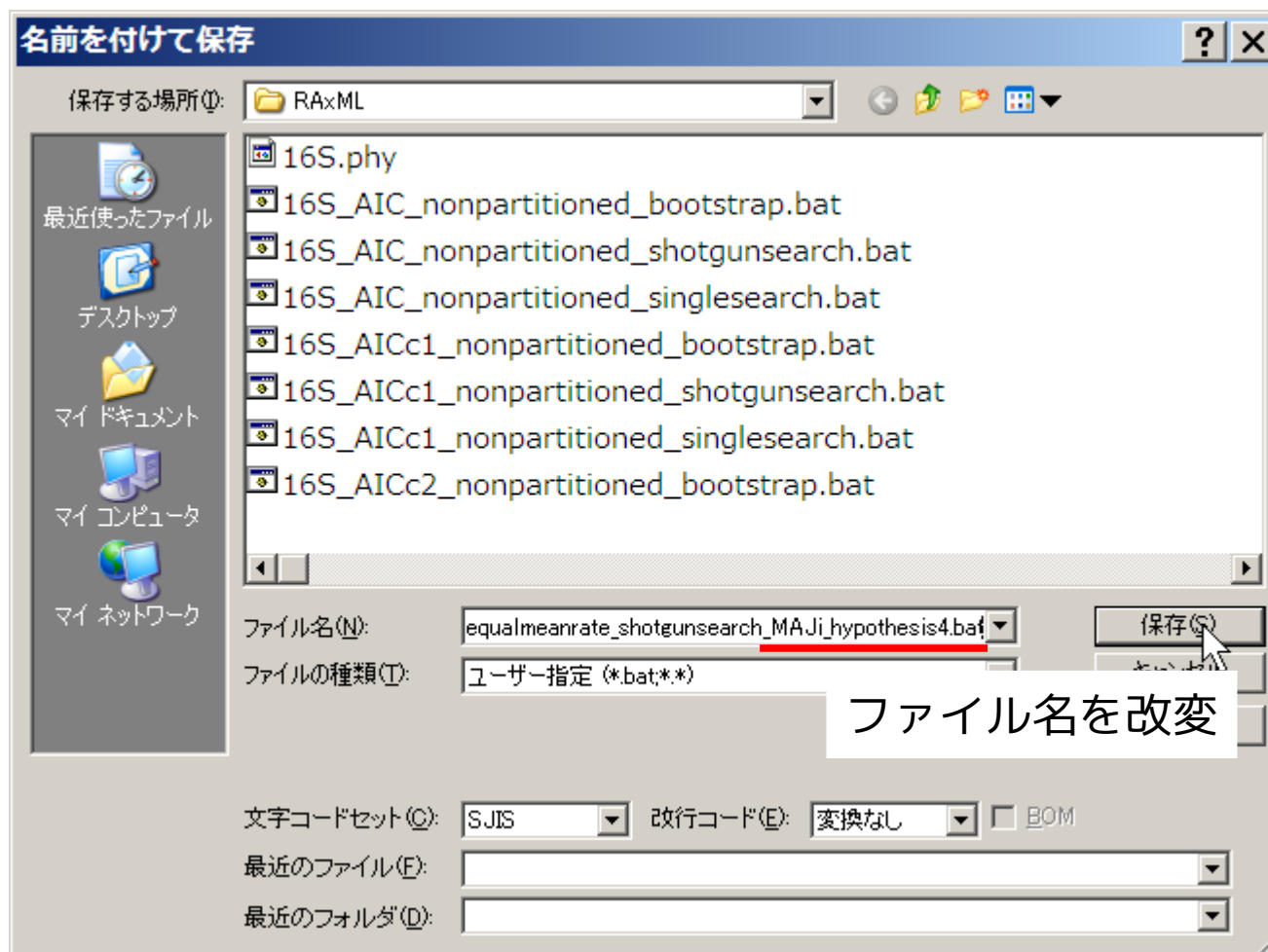


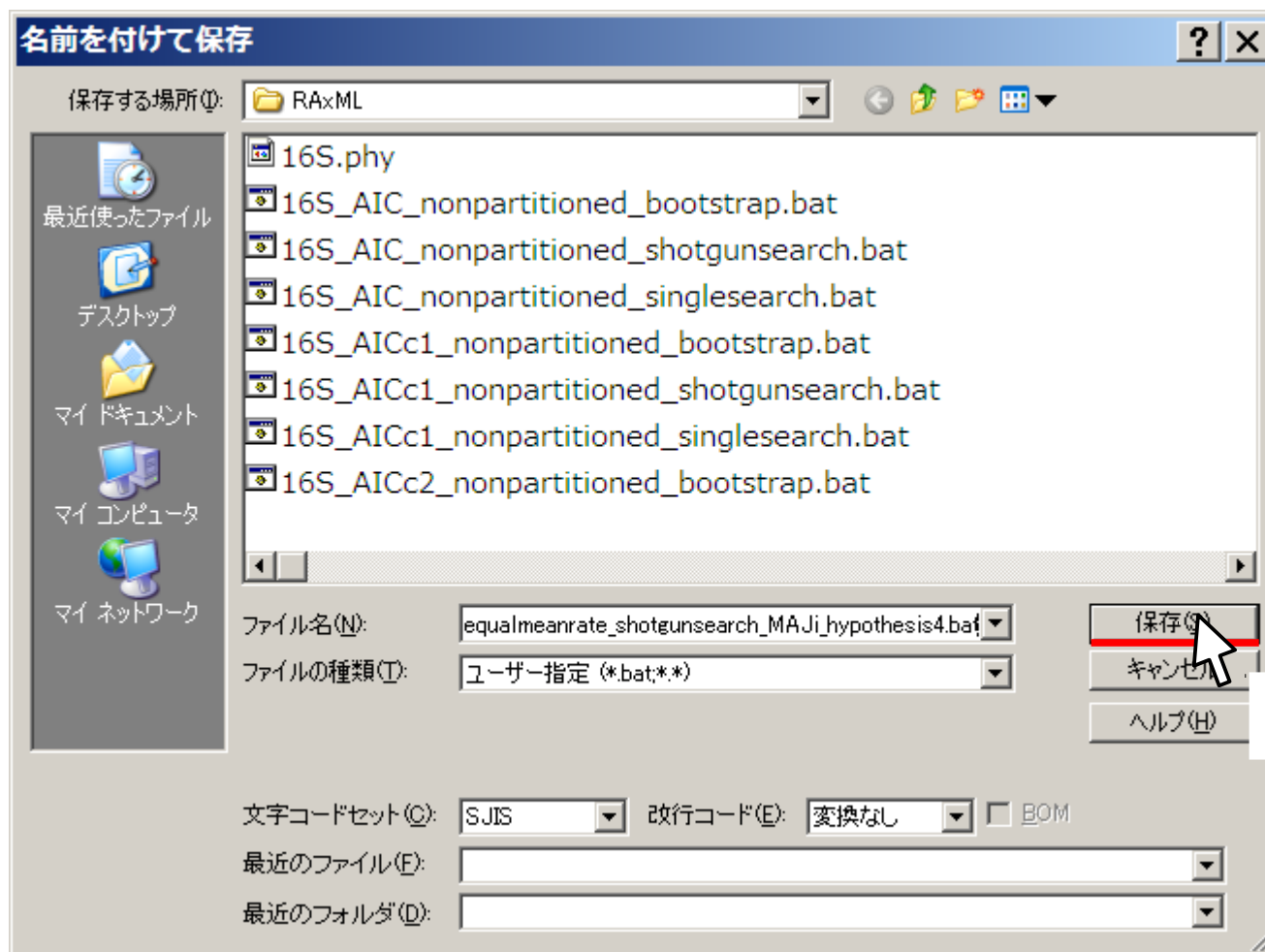


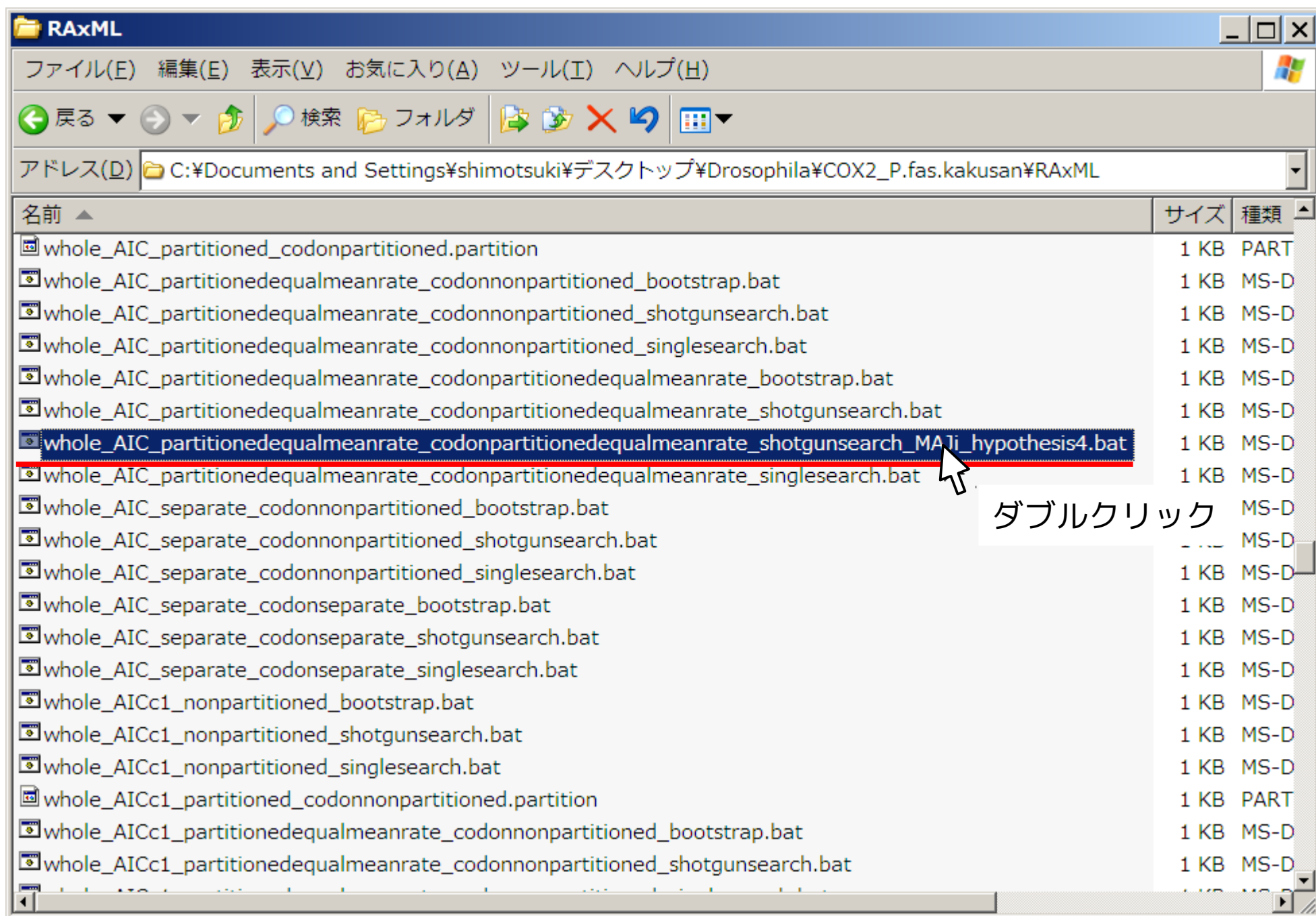


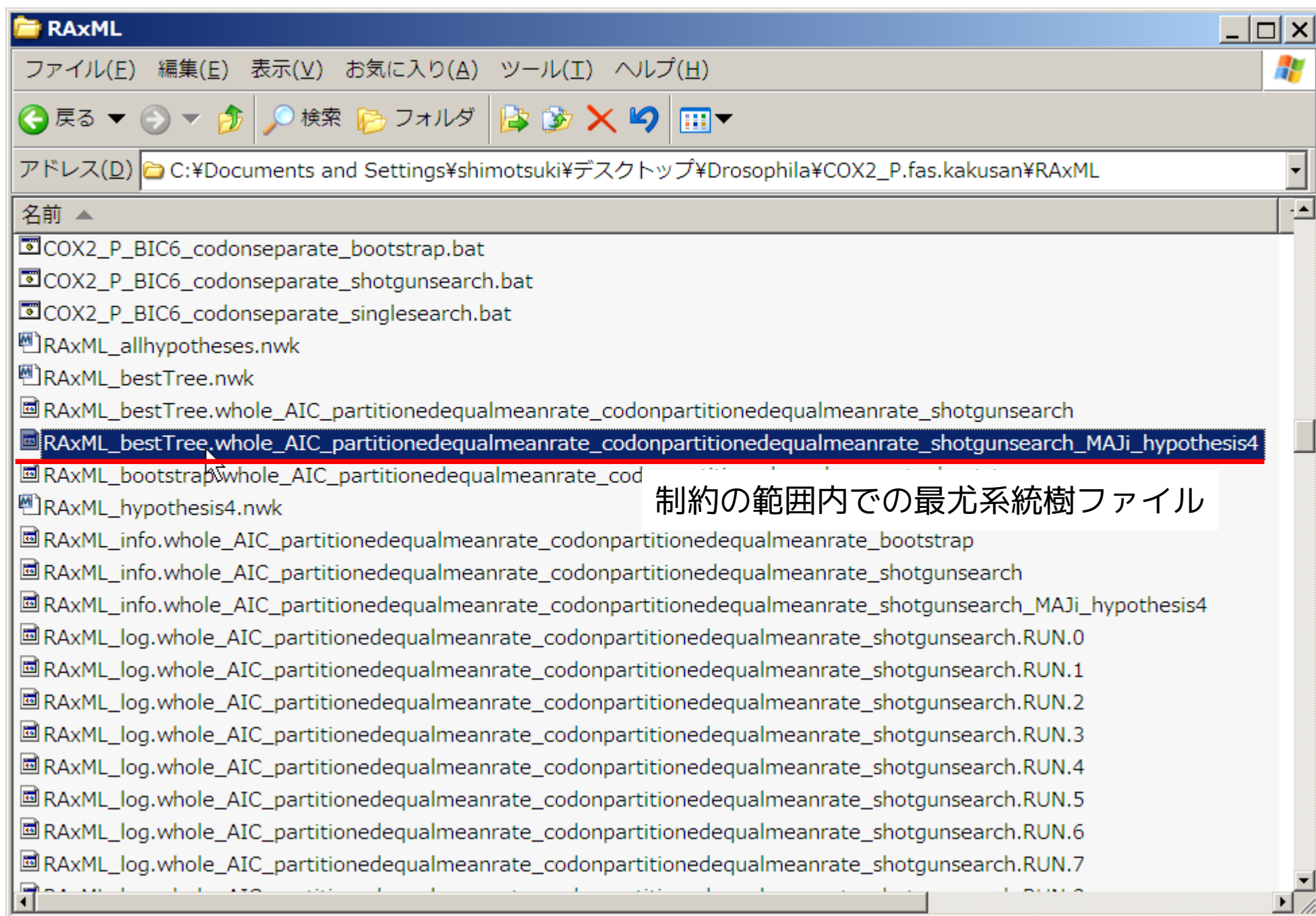










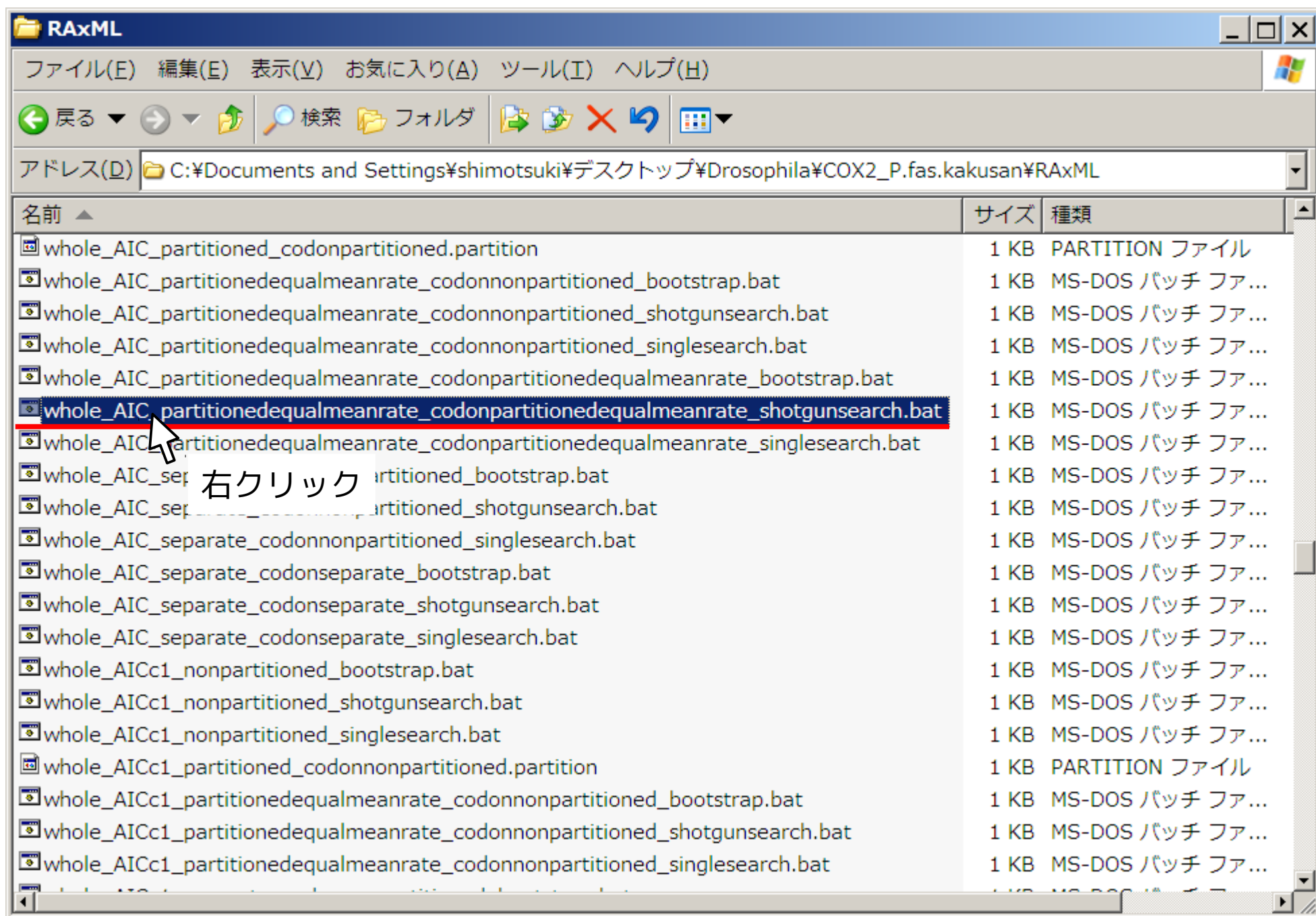


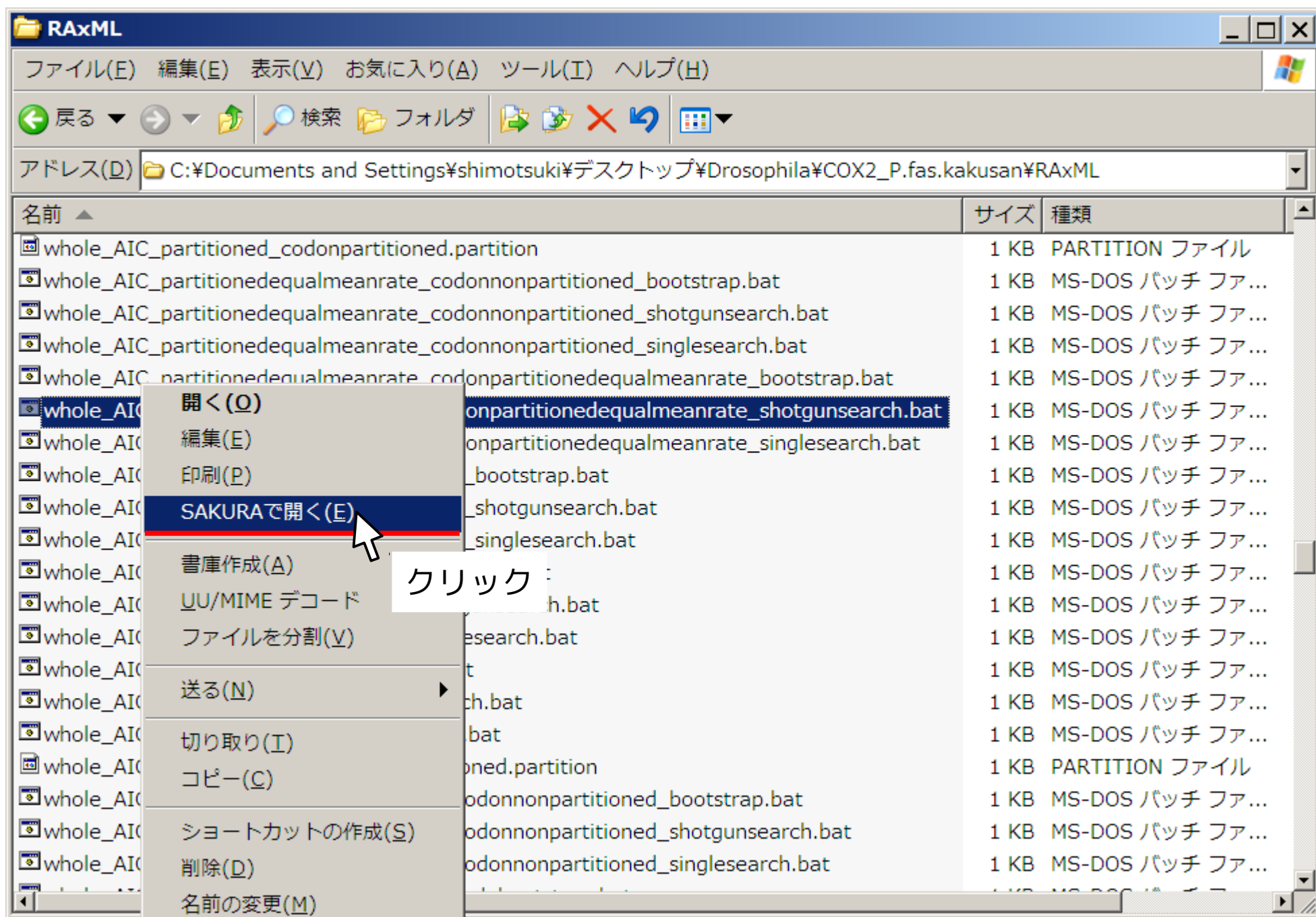
2 つの系統樹を 1 つのファイルに

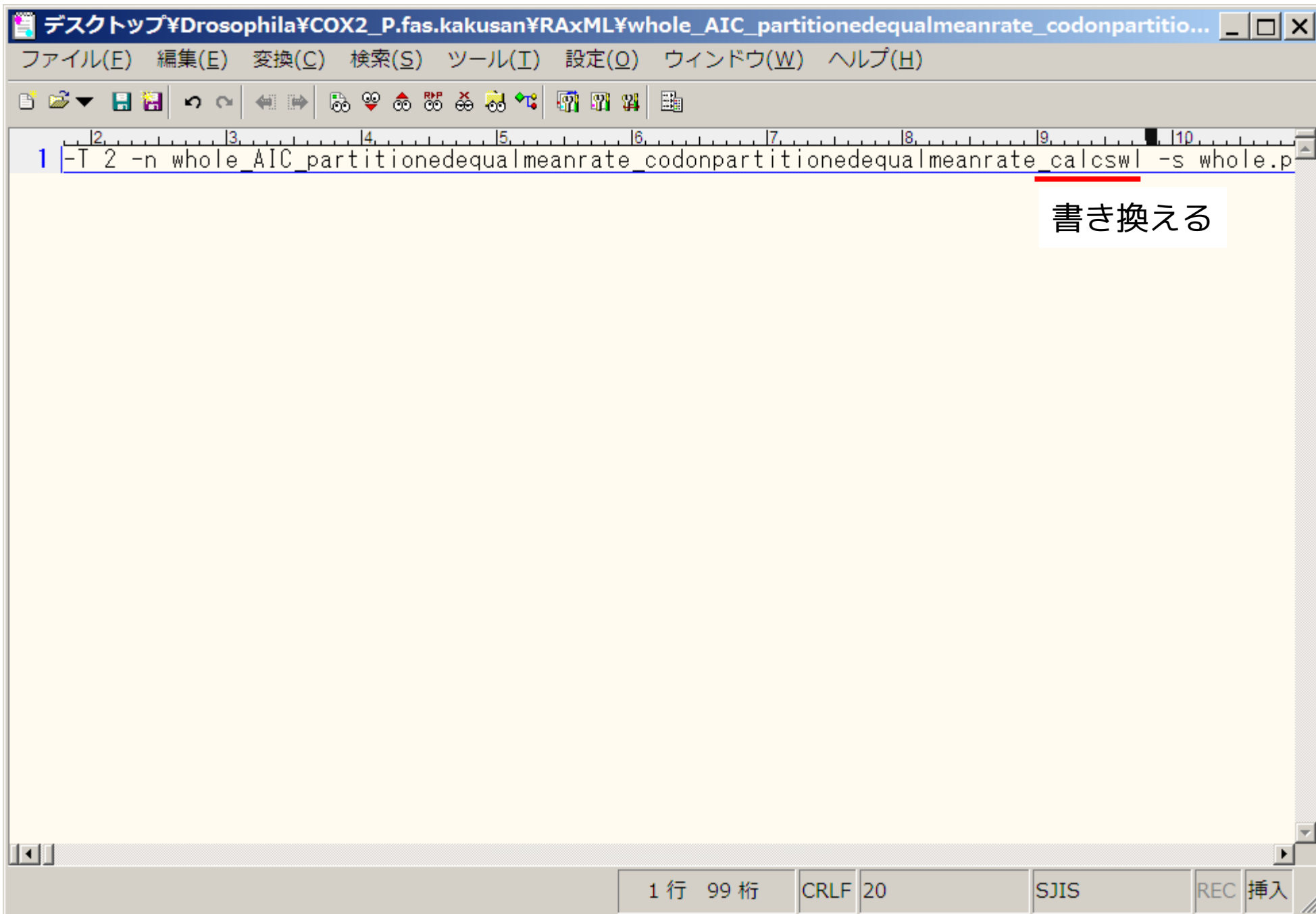
下記のコマンドを入力して Enter

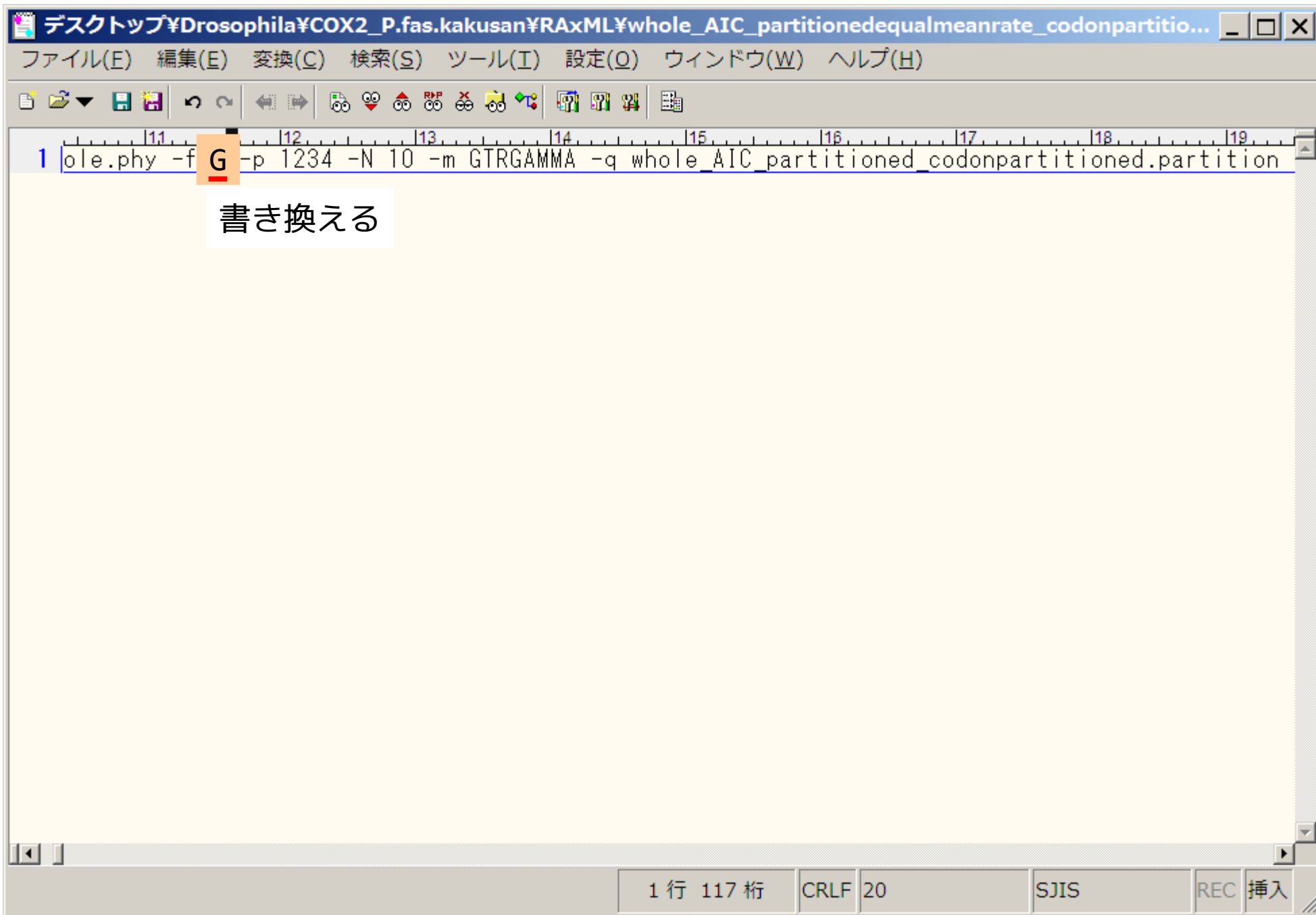
pgjointree \	… コマンド名
RAxML_bestTree.whole* \	… 入力ファイル名 (ワイルドカード使用)
RAxML_forAUtest.nwk	… 出力ファイル名

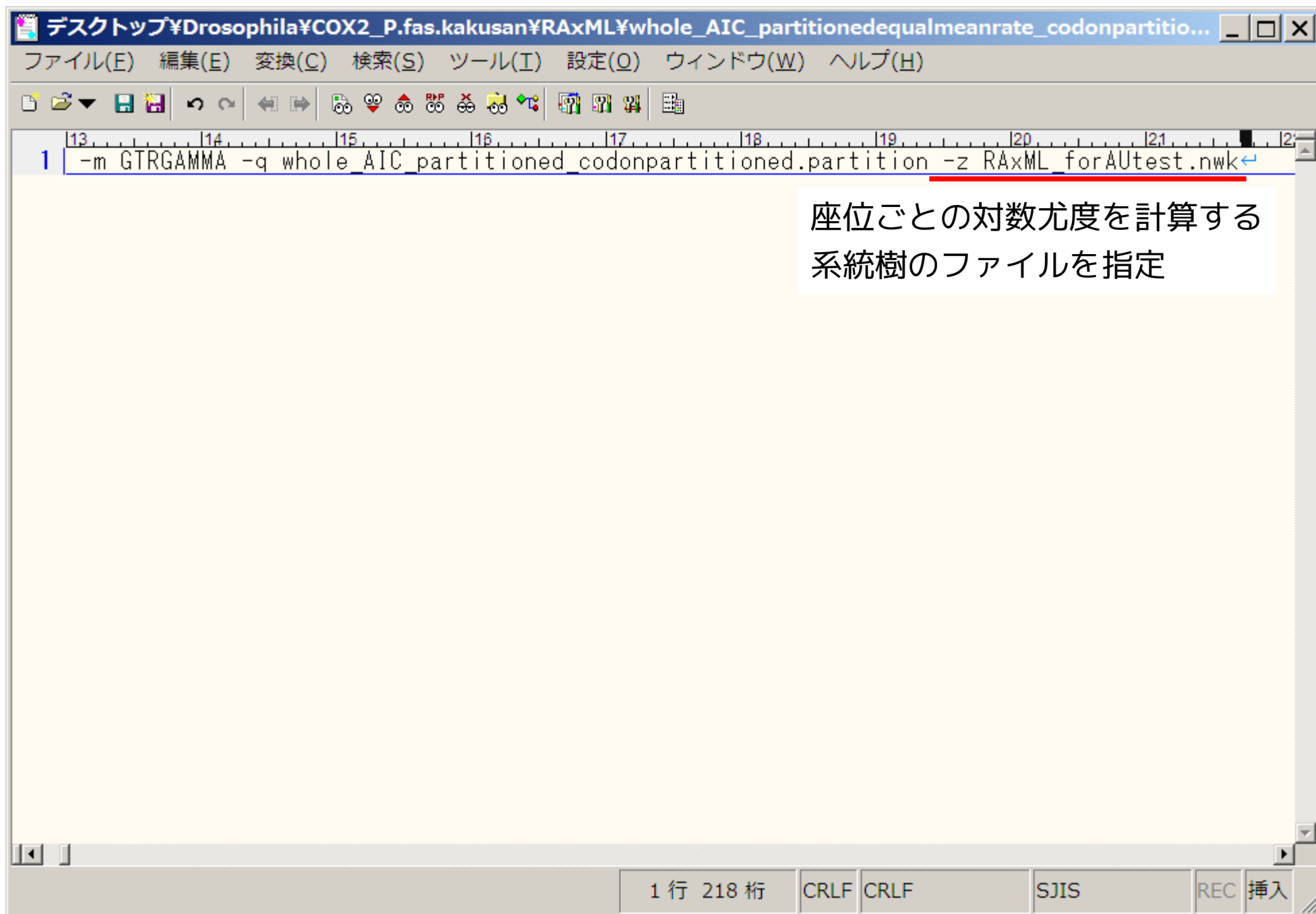
「 \ 」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意
ただしスペースは入れること

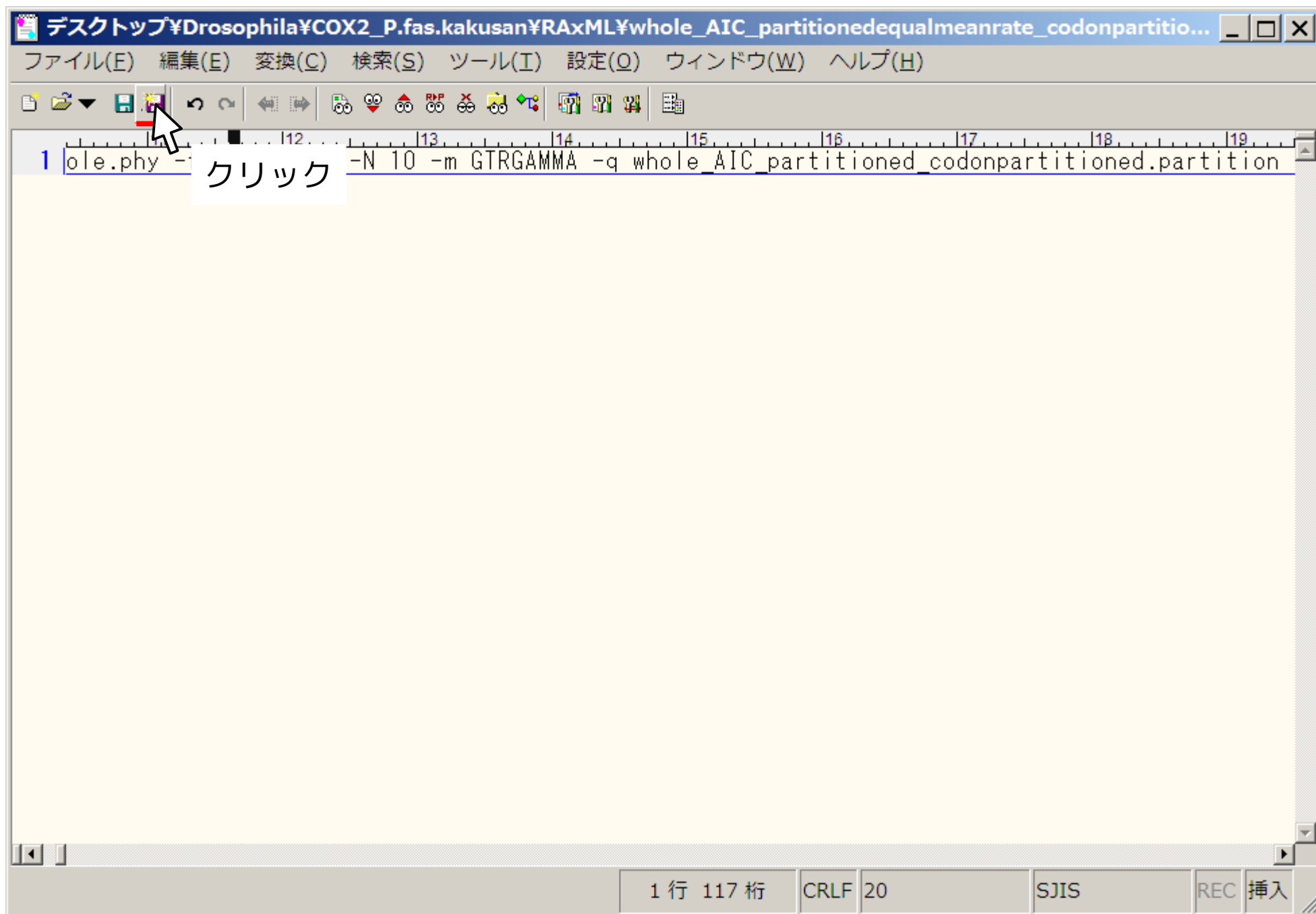


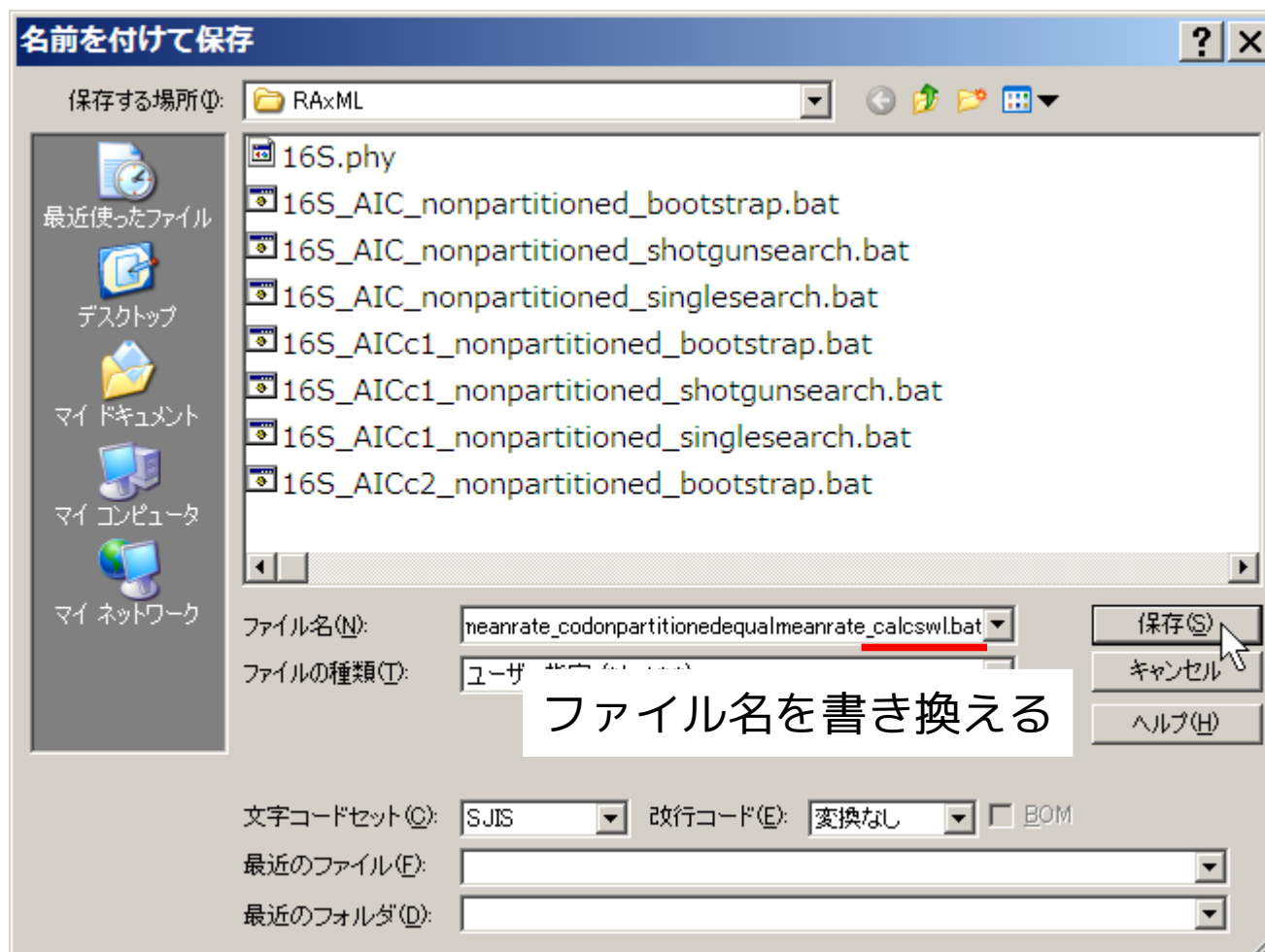


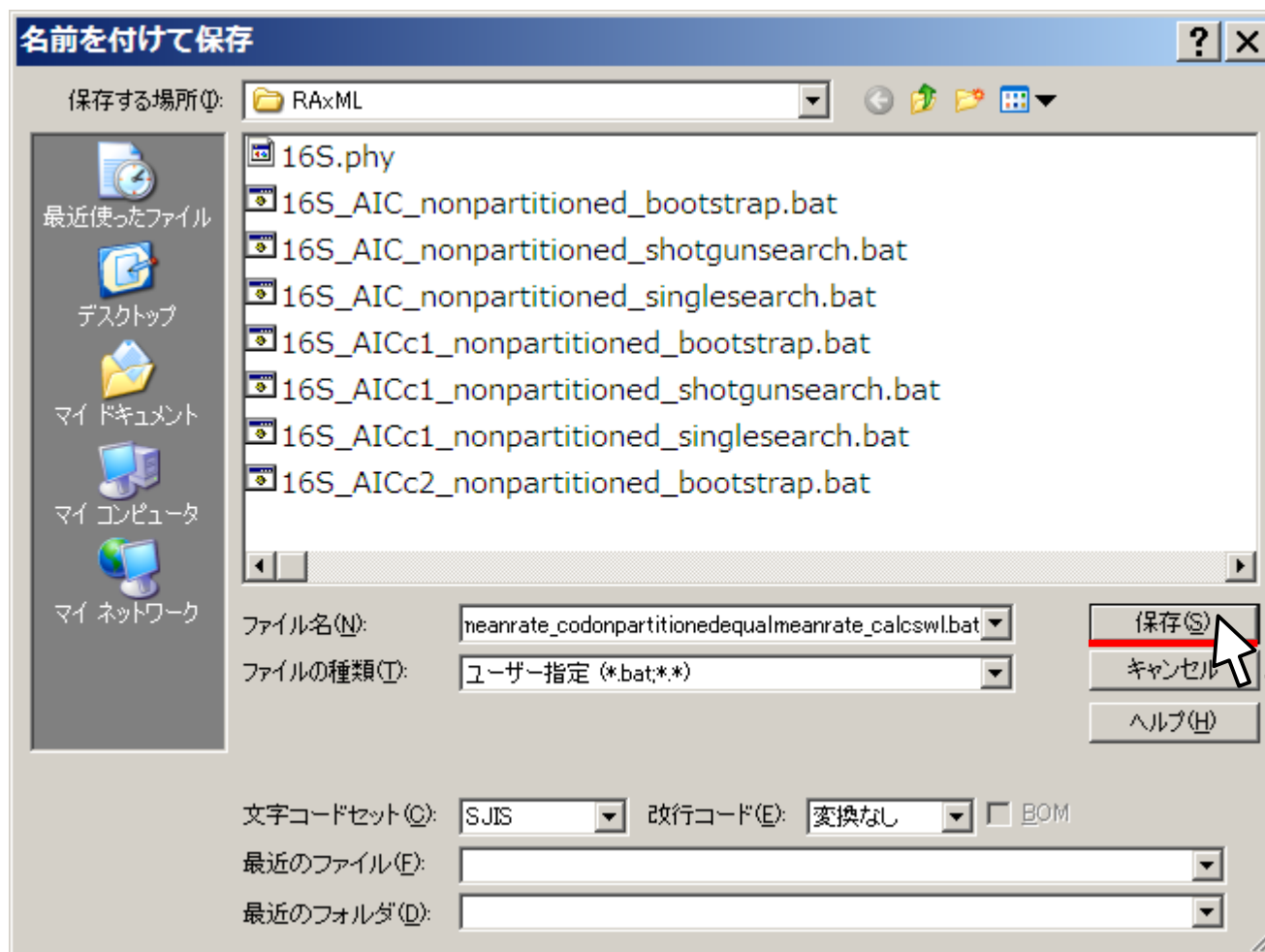


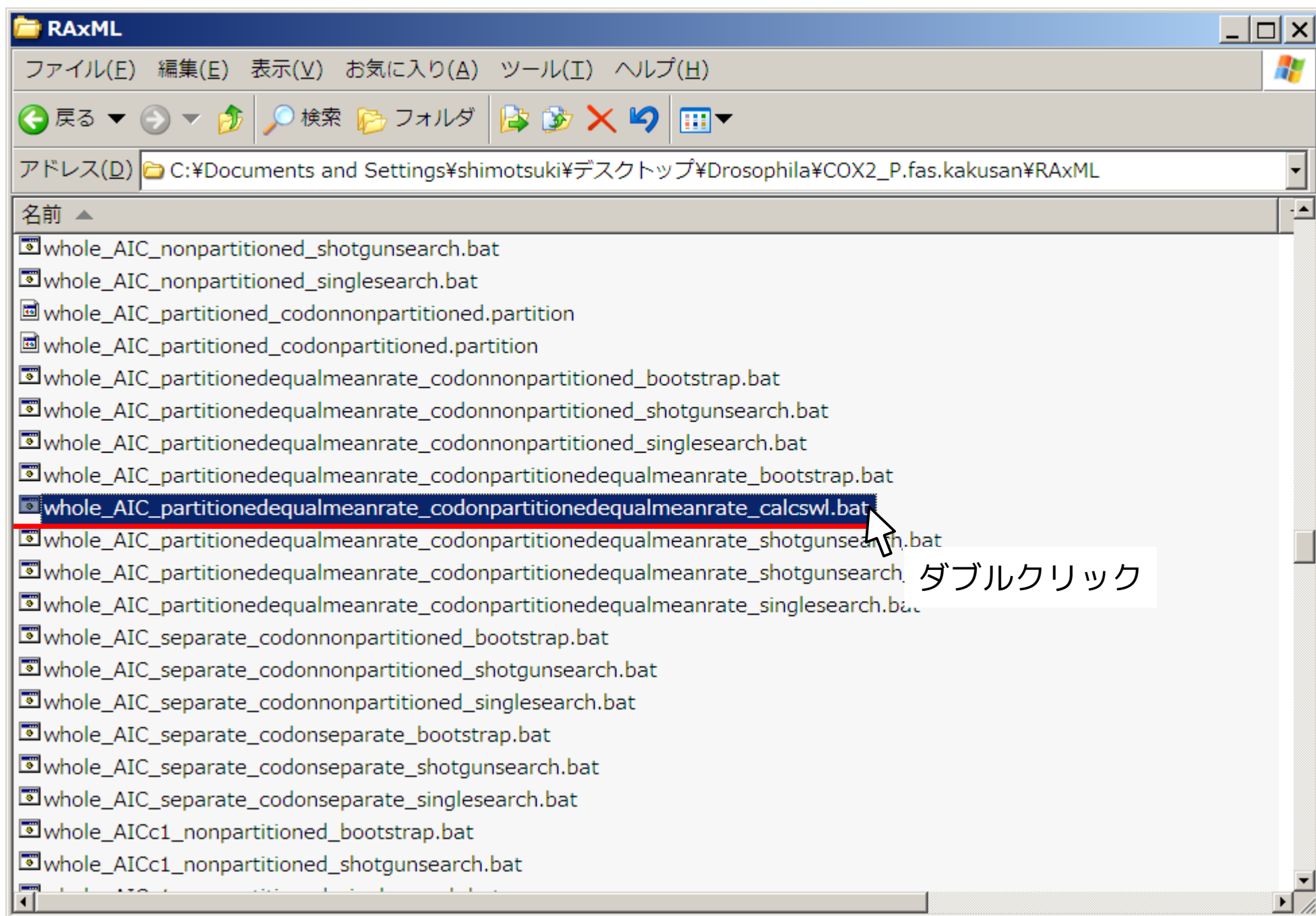


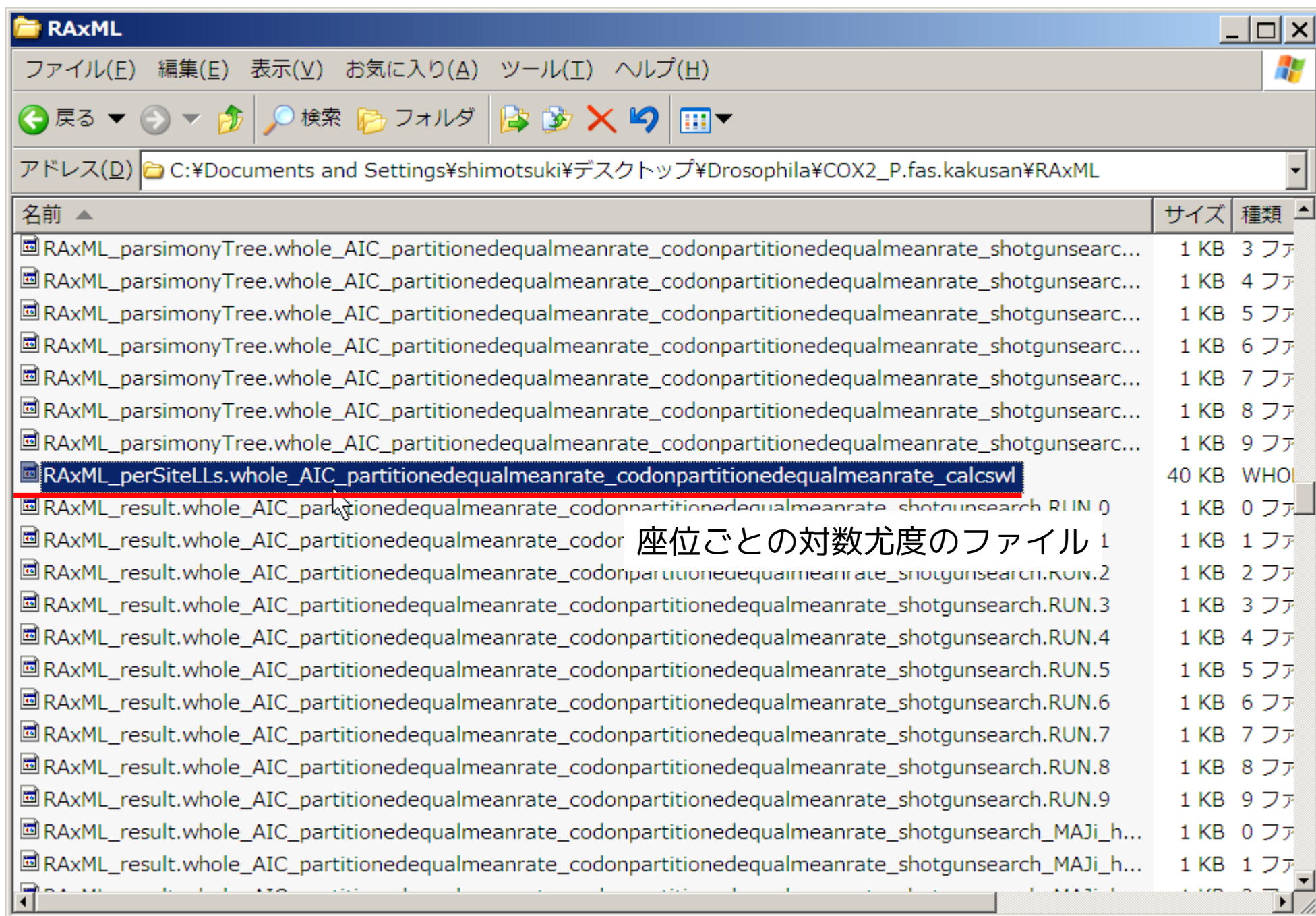


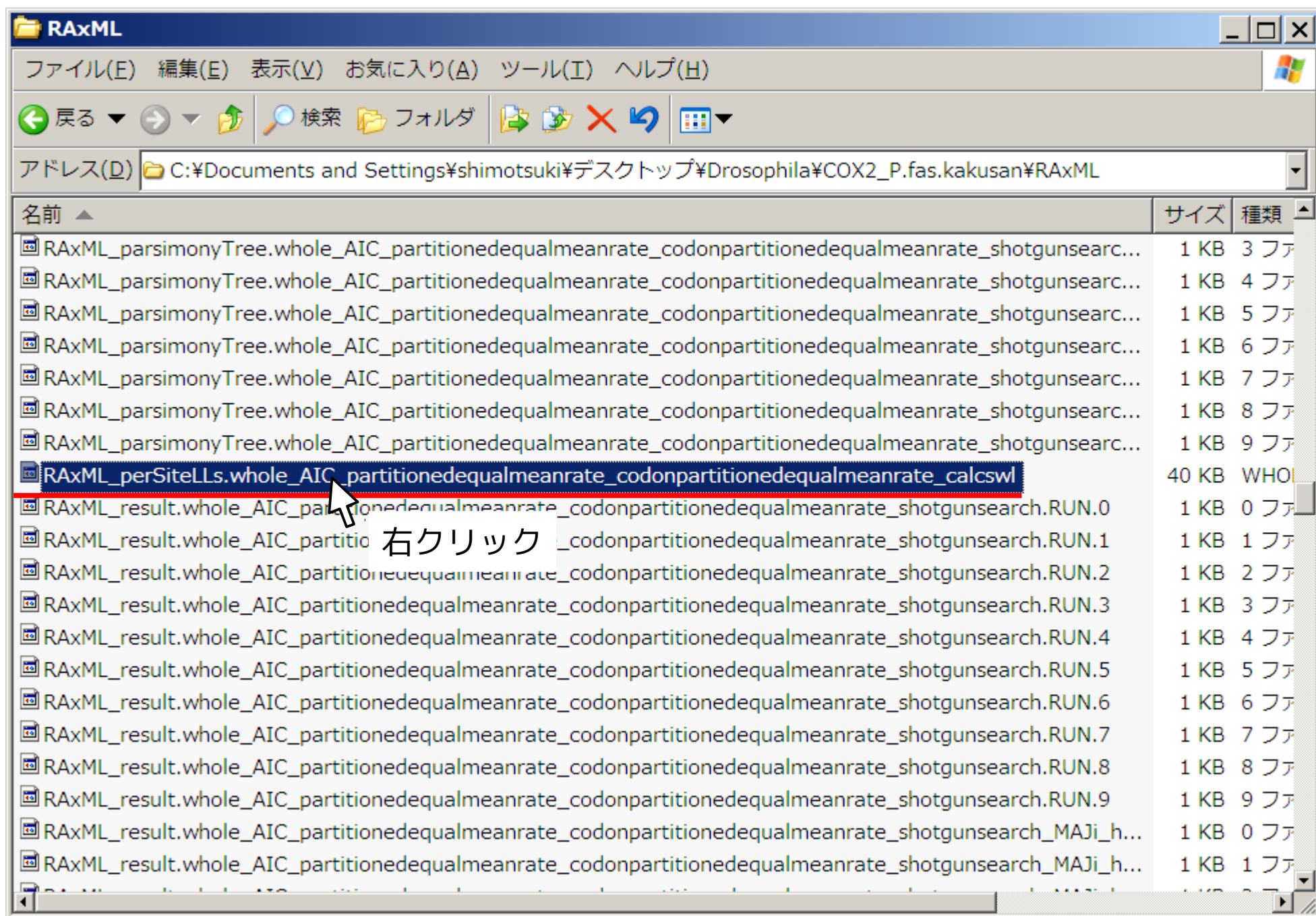


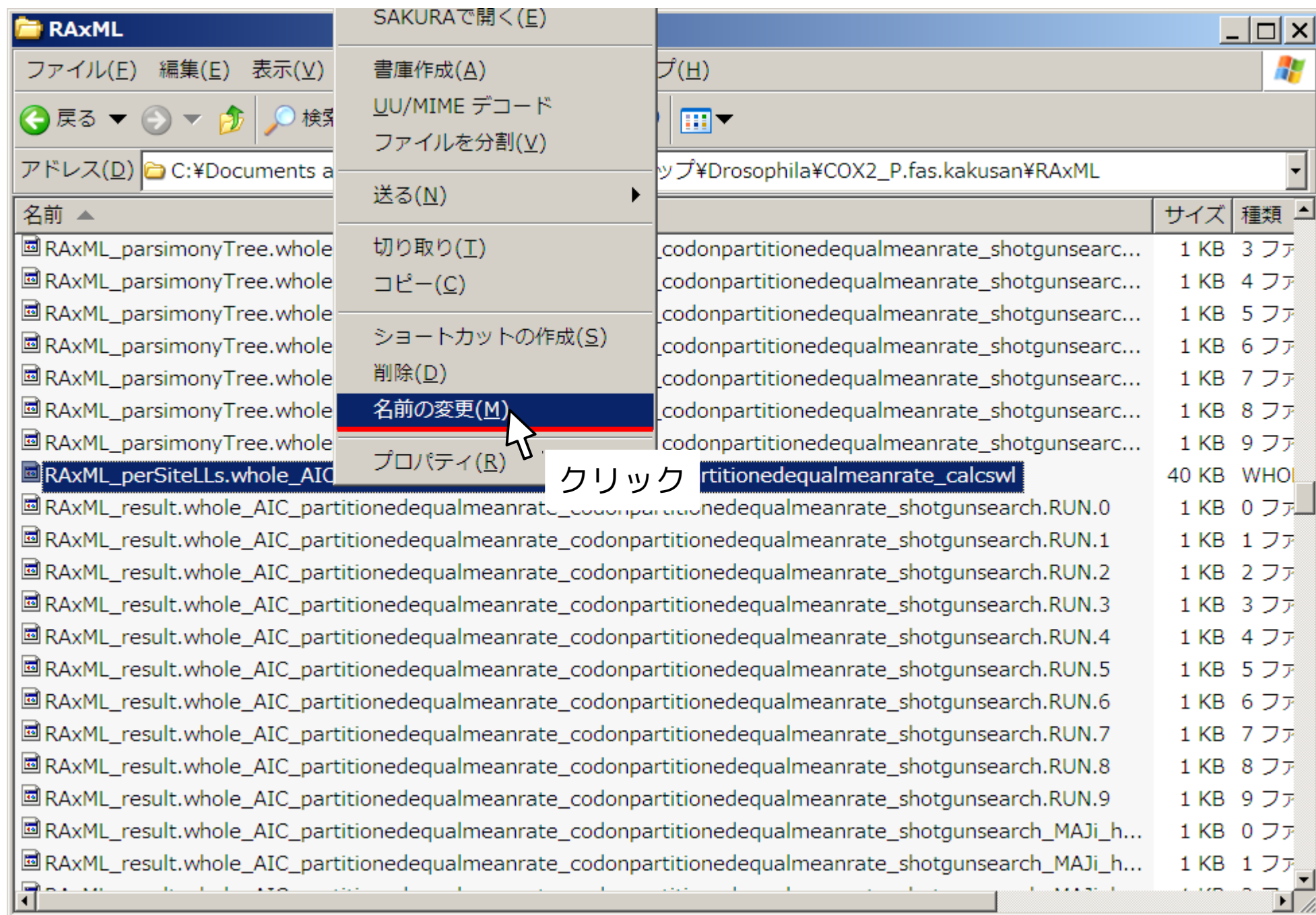


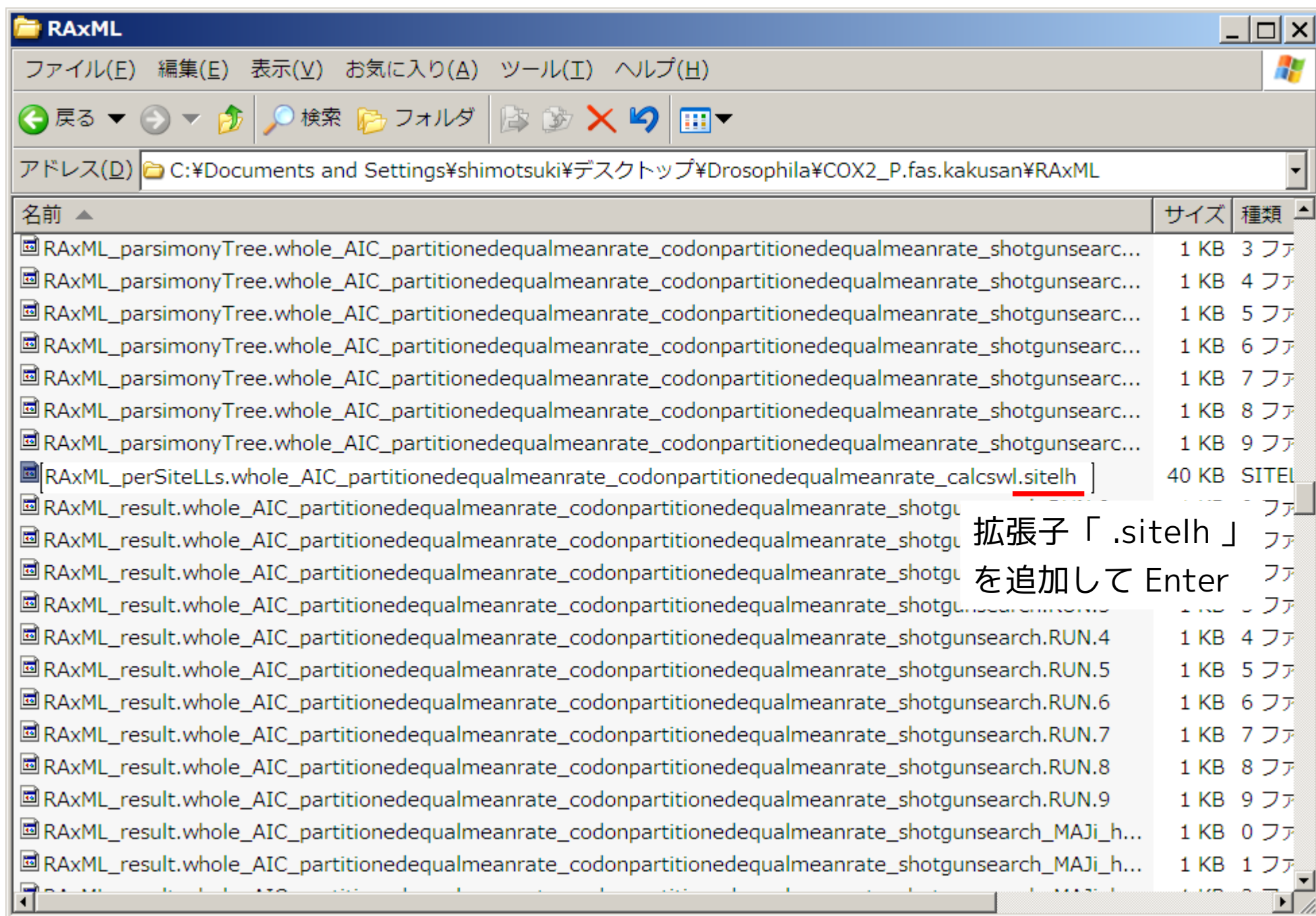












各座位の尤度のリサンプリング

下記のコマンドを入力して Enter

makermt \	… コマンド名
--puzzle \	… 入力ファイル形式の指定
RAxML_perSiteLLs. 略	… 入力ファイル名（拡張子抜き）

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意
ただしスペースは入れること

p 値の計算

下記のコマンドを入力して Enter

consel \	… コマンド名
RAxML_perSiteLLs. 略	… 入力ファイル名 (拡張子抜き)

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意
ただしスペースは入れること

p 値の表示

下記のコマンドを入力して Enter

catpv \	… コマンド名
RAxML_perSiteLLs. 略	… 入力ファイル名 (拡張子抜き)

「\」は「次の行に改行なしで続く」という意味であることに注意
ただしスペースは入れること

```
コマンドプロンプト
# sorting the replicates.....
# calculating approximately unbiased p-values by MLE (fast) fitting..
# time elapsed for AU test is t=0.016 sec
# ALPHA:0.05 0.1 0.5 0.9 0.95
# calculating confidence intervals..
# AU-TEST DONE
# writing RAxML_perSiteLLs.whole_AIC_partitionedequalmeanrate_codonpartitionedequalmeanrate_calcswl.pv
# writing RAxML_perSiteLLs.whole_AIC_partitionedequalmeanrate_codonpartitionedequalmeanrate_calcswl.ci
# exit normally

C:\Documents and Settings\shimotsuki\Desktop\Drosophila\COX2_P.fas.kakusan\RAxML>catpv RAxML_perSiteLLs.whole_AIC_partitionedequalmeanrate_codonpartitionedequalmeanrate_calcswl

# reading RAxML_perSiteLLs.whole_AIC_partitionedequalmeanrate_codonpartitionedequalmeanrate_calcswl.pv
# rank item obs au np | bp pp kh sh wkh wsh |
# 1 1 -2.6 0.718 0.709 | 0.705 0.933 0.722 0.722 0.722 0.722 |
# 2 2 2.6 0.282 0.291 | 0.295 0.067 0.278 0.278 0.278 0.278 |

C:\Documents and Settings\shimotsuki\Desktop\Drosophila\COX2_P.fas.kakusan\RAxML>
```

負けている方の p 値を確認