

分子進化の統計モデリング とモデル選択

演習

- Kakusan4 による分子進化モデルの選択
- モデル選択結果を見る

Kakusan4 を起動

ファイルホーム共有表示

← → ↑ ↓ PC > デスクトップ > Drosophila

Drosophilaの検索

★ クイック アクセス

デスクトップ

Dropbox

shimotsuki

PC

3D オブジェクト

ダウンロード

デスクトップ

Drosophila

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

ローカル ディスク (C:)

ライブラリ

カメラ ロール

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

保存済みの写真

ネットワーク

コントロール パネル

ごみ箱

Drosophila

名前	更新日時	種類	サイズ
16S.fas	2019/10/22 0:33	FAS File	17 KB
16S.nuc.fas	2019/10/22 0:27	FAS File	18 KB
16S.nuc.fas	2019/10/22 0:06	FAS File	17 KB
COX2.nuc.fas			
COX2_aligned_aa			
COX2_aligned_nuc.fas	2019/10/21 22:32	FAS File	10 KB
COX2_Pfas	2019/10/21 23:35	FAS File	9 KB
COX2_unaligned_aa.fasta	2019/10/21 22:27	FASTA File	4 KB
COX2_unaligned_nuc.fasta	2019/10/21 22:27	FASTA File	10 KB
sequence.gb	2019/10/21 21:50	GB ファイル	478 KB

Kakusan4 のウィンドウにドラッグ&ドロップ

10 個の項目 | 1 個の項目を選択 16.2 KB

If you publish your study using Kakusan4, please cite the following.
Tanabe AS (2011) "Kakusan4 and Aminosan: two programs for comparing nonpartitioned, proportional, and separate models for combined molecular phylogenetic analyses of multilocus sequence data", Molecular Ecology Resources, vol.11, pp.914-921.

Copyright (C) 2006-2012 Akifumi S. Tanabe

This program is free software; you can redistribute it and/or modify it under the terms of the GNU General Public License as published by the Free Software Foundation; either version 2 of the License.

This program is distributed in the hope that it will be useful, but WITHOUT ANY WARRANTY; without even the implied warranty of MERCHANTABILITY or FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE. See the GNU General Public License for more details.

You should have received a copy of the GNU General Public License along with this program; if not, write to the Free Software Foundation, Inc., 51 Franklin Street, Fifth Floor, Boston, MA 02110-1301 USA.

Parsing command line options...
No input files are specified.
Entering interactive mode.
Specified options are ignored.
Specify an input file name.
Note that you can use wild card.

フルパスが入力されたのを確認して Enter

C:\Users\shimotsuki\Desktop\Drosophila\16S.fas_

ファイル ホーム 共有 表示

PC > デスクトップ > Drosophila

Drosophilaの検索

クイック アクセス

- デスクトップ
- Dropbox
- shimotsuki
- PC
- 3D オブジェクト
- ダウンロード
- デスクトップ
- Drosophila**
- ドキュメント
- ピクチャ
- ビデオ
- ミュージック
- ローカル ディスク (C:)
- ライブラリ
- カメラ ロール
- ドキュメント
- ピクチャ
- ビデオ
- ミュージック
- 保存済みの写真
- ネットワーク
- コントロール パネル
- ごみ箱
- Drosophila

名前	更新日時	種類	サイズ
16S.fas	2019/10/22 0:33	FAS File	17 KB
16S.nuc.aligned.fas	2019/10/22 0:27	FAS File	18 KB
16S.nuc.fas	2019/10/22 0:06	FAS File	17 KB
COX2.nuc.fas	2019/10/21 22:27	FAS File	10 KB
COX2_aligned_aa.fasta	2019/10/21 22:28	FASTA File	4 KB
COX2_aligned_nuc.fas	2019/10/21 22:32	FAS File	10 KB
COX2_Pfas	2019/10/21 23:35	FAS File	9 KB
COX2_unaligned_aa.fasta	2019/10/21 22:27	FASTA File	4 KB
COX2_unaligned_nuc.fasta	2019/10/21 22:27	FASTA File	10 KB
sequence.gb			

Kakusan4 のウィンドウにドラッグ & ドロップ

10 個の項目 | 1 個の項目を選択 8.29 KB

Molecular Ecology Resources, vol.11, pp.914-921.

Copyright (C) 2006-2012 Akifumi S. Tanabe

This program is free software; you can redistribute it and/or modify it under the terms of the GNU General Public License as published by the Free Software Foundation; either version 2 of the License.

This program is distributed in the hope that it will be useful, but WITHOUT ANY WARRANTY; without even the implied warranty of MERCHANTABILITY or FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE. See the GNU General Public License for more details.

You should have received a copy of the GNU General Public License along with this program; if not, write to the Free Software Foundation, Inc., 51 Franklin Street, Fifth Floor, Boston, MA 02110-1301 USA.

Parsing command line options...

No input files are specified.

Entering interactive mode.

Specified options are ignored.

Specify an input file name.

Note that you can use wild card.

C:\Users\shimotsuki\Desktop\Drosophila\16S.fas

"C:/Users/shimotsuki/Desktop/Drosophila/16S.fas" was accepted

Specify an input file name or just フルパスが入力されたのを確認して Enter Specification

C:\Users\shimotsuki\Desktop\Drosophila\C0X2_P.fas

```
Kakusan4
with this program; if not, write to the Free Software Foundation, Inc.,
51 Franklin Street, Fifth Floor, Boston, MA 02110-1301 USA.

Parsing command line options...
No input files are specified.
Entering interactive mode.
Specified options are ignored.
Specify an input file name.
Note that you can use wild card.
C:¥Users¥shimotsuki¥Desktop¥Drosophila¥16S.fas
"C:/Users/shimotsuki/Desktop/Drosophila/16S.fas" was accepted.
Specify an input file name or just press enter to leave input file specification
.
C:¥Users¥shimotsuki¥Desktop¥Drosophila¥C0X2_P.fas
"C:/Users/shimotsuki/Desktop/Drosophila/C0X2_P.fas" was accepted.
Specify an input file name or just press enter to leave input file specification
.

OK. Input file specification is finished.
Log, result and configuration files will be output to "C:¥Users¥shimotsuki¥Desktop¥Drosophila¥16S.fas.kakusan".

OUTPUT OPTIONS

Which is a target analysis software? (MrBayes/Treefinder/PAUP/PHYML/RAXML)
(default: RAXML)
```

空欄のまま Enter で入力ファイル指定終了


```
Kakusan4
with this program; if not, write to the Free Software Foundation, Inc.,
51 Franklin Street, Fifth Floor, Boston, MA 02110-1301 USA.

Parsing command line options...
No input files are specified.
Entering interactive mode.
Specified options are ignored.
Specify an input file name.
Note that you can use wild card.
C:¥Users¥shimotsuki¥Desktop¥Drosophila¥16S.fas
"C:/Users/shimotsuki/Desktop/Drosophila/16S.fas" was accepted.
Specify an input file name or just press enter to leave input file specification
.
C:¥Users¥shimotsuki¥Desktop¥Drosophila¥C0X2_P.fas
"C:/Users/shimotsuki/Desktop/Drosophila/C0X2_P.fas" was accepted.
Specify an input file name or just press enter to leave input file specification
.

OK. Input file specification has terminated.

Log, result and configuration files will be output to "C:¥Users¥shimotsuki¥Deskt
op¥Drosophila¥16S.fas.kakusan".

OUTPUT OPTIONS
Which is a target analysis software? (MrBayes/Treefinder/PAUP/PHYML/RAXML)
(default: RAXML)
```

空欄のまま Enter

```
Kakusan4
C:¥Users¥shimotsuki¥Desktop¥Drosophila¥C0X2_P.fas
"C:/Users/shimotsuki/Desktop/Drosophila/C0X2_P.fas" was accepted.
Specify an input file name or just press enter to leave input file specification
.

OK. Input file specification has terminated.

Log, result and configuration files will be output to "C:¥Users¥shimotsuki¥Desktop¥Drosophila¥16S.fas.kakusan".

OUTPUT OPTIONS

Which is a target analysis software? (MrBayes/Treefinder/PAUP/PHYML/RAXML)
(default: RAXML)

OK. The model configuration files for RAXML will be output.

ANALYSIS OPTIONS

Because you enabled output option for MrBayes, Treefinder, or RAXML, partitionin
g of codon positions is forced to enable.

You enabled partitioning of codon positions.
Do you want to consider nonpartitioning of codon positions? (y/n)
If you say yes, applying nonpartitioned models to all-codon position-concenate
d sequences will be considered on each locus.
(default: y)
```

空欄のまま Enter

op¥Drosophila¥16S.fas.kakusan".

OUTPUT OPTIONS

Which is a target analysis software? (MrBayes/Treefinder/PAUP/PHYML/RAXML)
(default: RAXML)

OK. The model configuration files for RAXML will be output.

ANALYSIS OPTIONS

Because you enabled output option for MrBayes, Treefinder, or RAXML, partitioning of codon positions is forced to enable.

You enabled partitioning of codon positions.

Do you want to consider nonpartitioning of codon positions? (y/n)

If you say yes, applying nonpartitioned models to all-codon position-concatenated sequences will be considered on each locus.

(default: y)

OK. Nonpartitioning of codon positions is enabled.

You input multiple files.

Do you want to consider nonpartitioning of loci? (y/n)

If you say yes, applying nonpartitioned models to all-loci-concatenated sequences will be considered.

(default: n)

「 y 」 と入力して Enter

y_

```
Kakusan4
OK. The model configuration files for RAxML will be output.

ANALYSIS OPTIONS

Because you enabled output option for MrBayes, Treefinder, or RAxML, partitioning of codon positions is forced to enable.

You enabled partitioning of codon positions.
Do you want to consider nonpartitioning of codon positions? (y/n)
If you say yes, applying nonpartitioned models to all-codon position-concatenated sequences will be considered on each locus.
(default: y)

OK. Nonpartitioning of codon positions is enabled.

You input multiple files.
Do you want to consider nonpartitioning of loci? (y/n)
If you say yes, applying nonpartitioned models to all-loci-concatenated sequences will be considered.
(default: n)
y
OK. Nonpartitioning of loci is enabled.

You input multiple files and/or protein coding sequence.
Do you want to compare nonpartitioned, equalrate, and separate models on all-loci concatenated sequences? (y/n)
(default: y)
```

空欄のまま Enter

```
Kakusan4
Do you want to consider nonpartitioning of codon positions? (y/n)
If you say yes, applying nonpartitioned models to all-codon position-concatenated sequences will be considered on each locus.
(default: y)

OK. Nonpartitioning of codon positions is enabled.

You input multiple files.
Do you want to consider nonpartitioning of loci? (y/n)
If you say yes, applying nonpartitioned models to all-loci-concatenated sequences will be considered.
(default: n)
y
OK. Nonpartitioning of loci is enabled.

You input multiple files and/or protein coding sequence.
Do you want to compare nonpartitioned, equalrate, and separate models on all-loci concatenated sequences? (y/n)
(default: y)

OK. Comparison among nonpartitioned, equalrate, and separate models is enabled.

Because you enabled output option for RAxML, the likelihoods will be calculated by RAxML.

Do you want to optimize the parameters of base composition? (y/n)
(default: n)
```

空欄のまま Enter

Because you enabled output option for RAxML, the likelihoods will be calculated by RAxML.

Do you want to optimize the parameters of base composition? (y/n)
(default: n)

OK. The empirical values will be used.

Because you enabled output option for RAxML, the number of rate categories of discrete gamma rate heterogeneity is set to 4.

Because you specify BASEML or RAxML as likelihood calculator, invariant model for among-site rate variation will not be considered.

Because you did not specify BASEML as likelihood calculator, because you disabled the output option for MrBayes, or because you enabled comparison among nonpartitioned, proportional and separate models, N-GAM and autocorrelated discrete gamma models for among-site rate variation will not be considered.

Because you enabled comparison among nonpartitioned, proportional and separate models, a common tree topology will be used for parameter optimization on each locus.

If you want to give tree(s) for parameter optimization, specify an input file name.

Otherwise, just press enter.

空欄のまま Enter

OK. The empirical values will be used.

Because you enabled output option for RAxML, the number of rate categories of discrete gamma rate heterogeneity is set to 4.

Because you specify BASEML or RAxML as likelihood calculator, invariant model for among-site rate variation will not be considered.

Because you did not specify BASEML as likelihood calculator, because you disabled the output option for MrBayes, or because you enabled comparison among nonpartitioned, proportional and separate models, N-GAM and autocorrelated discrete gamma models for among-site rate variation will not be considered.

Because you enabled comparison among nonpartitioned, proportional and separate models, a common tree topology will be used for parameter optimization on each locus.

If you want to give tree(s) for parameter optimization, specify an input file name.

Otherwise, just press enter.

OK. Tree(s) for parameter optimization will be made by neighbor-joining based on JC69 distances.

How many processes do you want to run simultaneously? (integer)

(default: 1)

計算に使用する CPU 数を指定して Enter

4

```
Kakusan4
Because you specify BASEML or RAxML as likelihood calculator, invariant model for among-site rate variation will not be considered.

Because you did not specify BASEML as likelihood calculator, because you disabled the output option for MrBayes, or because you enabled comparison among nonpartitioned, proportional and separate models, N-GAM and autocorrelated discrete gamma models for among-site rate variation will not be considered.

Because you enabled comparison among nonpartitioned, proportional and separate models, a common tree topology will be used for parameter optimization on each locus.

If you want to give tree(s) for parameter optimization, specify an input file name.
Otherwise, just press enter.

OK. Tree(s) for parameter optimization will be made by neighbor-joining based on JC69 distances.

How many processes do you want to run simultaneously? (integer)
(default: 1)
4
OK. The number of processes is set to 4.

Which instruction do your processor support? (SSE2/SSE3/AVX/AVX2)
(default: SSE2)
SSE3_
```

計算に使用する拡張命令セットを指定して Enter


```
Kakusan4
d the output option for MrBayes, or because you enabled comparison among nonpart
itioned, proportional and separate models, N-GAM and autocorrelated discrete gam
ma models for among-site rate variation will not be considered.

Because you enabled comparison among nonpartitioned, proportional and separate m
odels, a common tree topology will be used for parameter optimization on each lo
cus.

If you want to give tree(s) for parameter optimization, specify an input file na
me.
Otherwise, just press enter.

OK. Tree(s) for parameter optimization will be made by neighbor-joining based on
JC69 distances.

How many processes do you want to run simultaneously? (integer)
(default: 1)
4
OK. The number of processes is set to 4.

Which instruction do your processor support? (SSE2/SSE3/AVX/AVX2)
(default: SSE2)
SSE3
OK. The likelihoods will be calculated by "raxmlHPC-PTHREADS-SSE3".

All configurations have been completed.
Just press enter to run!
```

空欄のまま Enter で計算開始

```
Kakusan4
Calculating likelihood under EqualRate_CodonEqualRate model which selected by BIC2 on whole partition...
Calculating likelihood under EqualRate_CodonNonpartitioned model which selected by BIC3 on whole partition...
Calculating likelihood under EqualRate_CodonEqualRate model which selected by BIC4 on whole partition...
Calculating likelihood under EqualRate_CodonNonpartitioned model which selected by BIC5 on whole partition...
Calculating likelihood under EqualRate_CodonEqualRate model which selected by BIC6 on whole partition...
done.

Outputting results...
done.

The model selection has been finished.
The results was output to "C:\Users\shimotsuki\Desktop\Drosophila\16S.fas.kakusan".
Please press enter to close.
```

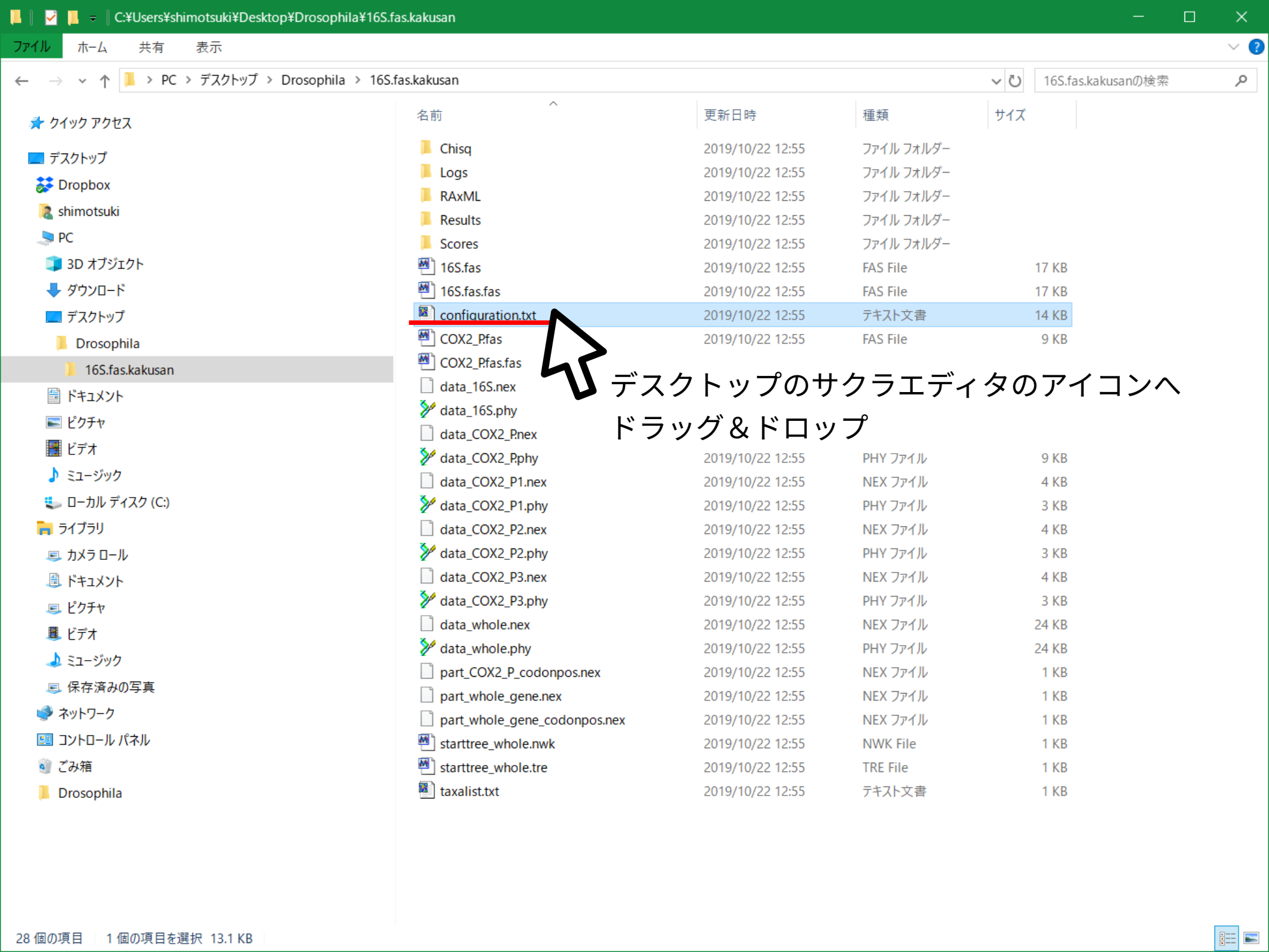
空欄のまま Enter でウィンドウ閉じる

★ クイック アクセス

- デスクトップ
- Dropbox
- shimotsuki
- PC
- 3D オブジェクト
- ダウンロード
- デスクトップ
- Drosophila**
- ドキュメント
- ピクチャ
- ビデオ
- ミュージック
- ローカル ディスク (C:)
- ライブラリ
- カメラ ロール
- ドキュメント
- ピクチャ
- ビデオ
- ミュージック
- 保存済みの写真
- ネットワーク
- コントロール パネル
- ごみ箱
- Drosophila

名前	更新日時	種類	サイズ
16S.fas.kakusan	2019/10/22 12:55	ファイル フォルダー	
16S.fas		FAS File	17 KB
16S.nuc.aligned.fa		FAS File	18 KB
16S.nuc.fas	2019/10/22 0:06	FAS File	17 KB
COX2.nuc.fas	2019/10/21 22:27	FAS File	10 KB
COX2_aligned_aa.fasta	2019/10/21 22:28	FASTA File	4 KB
COX2_aligned_nuc.fas	2019/10/21 22:32	FAS File	10 KB
COX2_Pfas	2019/10/21 23:35	FAS File	9 KB
COX2_unaligned_aa.fasta	2019/10/21 22:27	FASTA File	4 KB
COX2_unaligned_nuc.fasta	2019/10/21 22:27	FASTA File	10 KB
sequence.gb	2019/10/21 21:50	GB ファイル	478 KB

ダブルクリック



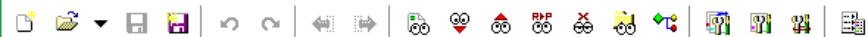
★ クイック アクセス

- デスクトップ
- Dropbox
- shimotsuki
- PC
- 3D オブジェクト
- ダウンロード
- デスクトップ
 - Drosophila
 - 16S.fas.kakusan
- ドキュメント
- ピクチャ
- ビデオ
- ミュージック
- ローカル ディスク (C:)
- ライブラリ
 - カメラ ロール
 - ドキュメント
 - ピクチャ
 - ビデオ
 - ミュージック
 - 保存済みの写真
- ネットワーク
- コントロール パネル
- ごみ箱
- Drosophila

名前	更新日時	種類	サイズ
Chisq	2019/10/22 12:55	ファイル フォルダー	
Logs	2019/10/22 12:55	ファイル フォルダー	
RAxML	2019/10/22 12:55	ファイル フォルダー	
Results	2019/10/22 12:55	ファイル フォルダー	
Scores	2019/10/22 12:55	ファイル フォルダー	
16S.fas	2019/10/22 12:55	FAS File	17 KB
16S.fas.fas	2019/10/22 12:55	FAS File	17 KB
configuration.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	14 KB
COX2_Pfas	2019/10/22 12:55	FAS File	9 KB
COX2_Pfas.fas			
data_16S.nex			
data_16S.phy			
data_COX2_Pnex			
data_COX2_Pphy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	9 KB
data_COX2_P1.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	4 KB
data_COX2_P1.phy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	3 KB
data_COX2_P2.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	4 KB
data_COX2_P2.phy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	3 KB
data_COX2_P3.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	4 KB
data_COX2_P3.phy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	3 KB
data_whole.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	24 KB
data_whole.phy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	24 KB
part_COX2_P_codonpos.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	1 KB
part_whole_gene.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	1 KB
part_whole_gene_codonpos.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	1 KB
starttree_whole.nwk	2019/10/22 12:55	NWK File	1 KB
starttree_whole.tre	2019/10/22 12:55	TRE File	1 KB
taxalist.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	1 KB



デスクトップのサクラエディタのアイコンへ
ドラッグ&ドロップ



```
1 Start date and time: Tue Oct 22 12:55:20 2019<
2 Kakusan4 version: 4.0.2016.11.07<
3 Input file(s)<
4 ^ 16S.fas<
5 ^ COX2_P.fas<
6 Target software(s)<
7 ^ raxml<
8 Likelihoods optimizer: raxml<
9 Partitioning options<
10 ^ Considering nonpartitioning of loci: Enabled<
11 ^ Considering partitioning of loci: Enabled<
12 ^ Considering nonpartitioning of codon positions: Enabled<
13 ^ Considering partitioning of codon positions: Enabled<
14 Model options<
15 ^ Parameters of base frequencies were given by data but not optimized.<
16 ^ Considering discrete gamma model for among-site rate variation: Enabled<
17 ^ The number of gamma rate categories: 4<
18 ^ Considering invariant model for among-site rate variation: Disabled<
19 ^ Considering N-GAM model for among-site rate variation: Disabled<
20 ^ Considering autocorrelated discrete gamma model for among-site rate variation: Disabled<
21 ^ Comparison among nonpartitioned, proportional, and separate models: Enabled<
22 Tree options<
23 ^ Tree topologies were made from JC69 distances by neighbor-joining method.<
24 ^ Different trees for different loci: Disabled<
25 Partition(s)<
26 ^ whole: all sites<
27 ^ 16S: 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 3
41 42 43 44 45 46 47 48 49 50 51 52 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65 66 67 68 69 70 71 72 7
```

実行時のオプションが保存してある
論文執筆時に必要ならこれを見る

ファイル

ホーム

共有

表示

←

→

↑

PC

デスクトップ

Drosophila

16S.fas.kakusan

16S.fas.kakusanの検索

🔍

🌟 クイック アクセス

🖥️ デスクトップ

📁 Dropbox

👤 shimotsuki

💻 PC

📐 3D オブジェクト

⬇️ ダウンロード

🖥️ デスクトップ

📁 Drosophila

📁 16S.fas.kakusan

📄 ドキュメント

🖼️ ピクチャ

🎬 ビデオ

🎵 ミュージック

💻 ローカル ディスク (C:)

📚 ライブラリ

📷 カメラ ロール

📄 ドキュメント

🖼️ ピクチャ

🎬 ビデオ

🎵 ミュージック

📷 保存済みの写真

🌐 ネットワーク

🖼️ コントロール パネル

🗑️ ごみ箱

📁 Drosophila

名前	更新日時	種類	サイズ
📁 Chisq	2019/10/22 12:55	ファイル フォルダー	
📁 Logs	2019/10/22 12:55	ファイル フォルダー	
📁 RAxML	2019/10/22 12:55	ファイル フォルダー	
📁 Results	2019/10/22 12:55	ファイル フォルダー	
📁 Scores	2019/10/22 12:55	ファイル フォルダー	
📄 16S.fas	12:55	FAS File	17 KB
📄 16S.fas.fas	12:55	FAS File	17 KB
📄 configuration.txt	2019/10/22 12:55	テキスト 文書	14 KB
📄 COX2_Pfas	2019/10/22 12:55	FAS File	9 KB
📄 COX2_Pfas.fas	2019/10/22 12:55	FAS File	9 KB
📄 data_16S.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	16 KB
📄 data_16S.phy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	16 KB
📄 data_COX2_Pnex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	9 KB
📄 data_COX2_Pphy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	9 KB
📄 data_COX2_P1.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	4 KB
📄 data_COX2_P1.phy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	3 KB
📄 data_COX2_P2.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	4 KB
📄 data_COX2_P2.phy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	3 KB
📄 data_COX2_P3.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	4 KB
📄 data_COX2_P3.phy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	3 KB
📄 data_whole.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	24 KB
📄 data_whole.phy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	24 KB
📄 part_COX2_P_codonpos.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	1 KB
📄 part_whole_gene.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	1 KB
📄 part_whole_gene_codonpos.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	1 KB
📄 starttree_whole.nwk	2019/10/22 12:55	NWK File	1 KB
📄 starttree_whole.tre	2019/10/22 12:55	TRE File	1 KB
📄 taxalist.txt	2019/10/22 12:55	テキスト 文書	1 KB

🖱️

ダブルクリック

28 個の項目

1 個の項目を選択



INDEX

1 KB

1 KB

1 KB

1 KD

1 KD

1 KB

1 KB

1 KB

1 KB

1 KB

1 KB

1 KB

1 KB

1 KB

1 KB

1 KB

1 KB

1 KB

1 KB

1 KB

1 KB

1 KB

1 KR

の 下

—

100

1 KB

1 KB

1 KB





		BIC4	-L
1	model		
2	Separate_CodonSeparate	1.191732191115e+004	5.502606808000e+
3	Separate_CodonNonpartitioned	1.193311948357e+004	5.738532668000e+
4	EqualRate_CodonEqualRate	1.203128135019e+004	5.799014955000e+
5	EqualRate_CodonNonpartitioned	1.206428898392e+004	5.883926894000e+
6	Nonpartitioned	1.211431226779e+004	5.943142597000e+

[EOF]

アライメント長をサンプルサイズとした場合の BIC の値
(BIC4 なるものがあるわけではないので注意)

ファイルホーム共有表示

PC > デスクトップ > Drosophila > 16S.fas.kakusan > Results

Resultsの検索

クイックアクセス

デスクトップ

Dropbox

shimotsuki

PC

3D オブジェクト

ダウンロード

デスクトップ

Drosophila

16S.fas.kakusan

Chisq

Logs

RAxML

Results

Scores

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

ローカル ディスク (C:)

ライブラリ

カメラ ロール

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

保存済みの写真

ネットワーク

コントロール パネル

ごみ箱

Drosophila

名前

更新日時

種類

サイズ

COX2_P3_AICc6.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

COX2_P3_BIC1.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

COX2_P3_BIC2.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

COX2_P3_BIC3.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

COX2_P3_BIC4.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

COX2_P3_BIC5.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

COX2_P3_BIC6.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_AIC.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_AIC_comparemix.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_AICc1.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_AICc1_comparemix.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_AICc2.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_AICc2_comparemix.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_AICc3.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_AICc3_comparemix.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_AICc4.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_AICc4_comparemix.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_AICc5.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_AICc5_comparemix.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_AICc6.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_AICc6_comparemix.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_BIC1.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_BIC1_comparemix.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_BIC2.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_BIC2_comparemix.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_BIC3.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_BIC3_comparemix.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_BIC4.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_BIC4_comparemix.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_BIC5.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_BIC5_comparemix.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_BIC6.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

whole_BIC6_comparemix.txt

2019/10/22 12:55

テキスト文書

1 KB

88 個の項目 | 1 個の項目を選択 702 バイト

クリック



名前 更新日時 種類 サイズ


Chisq 2019/10/22 12:55 ファイル フォルダー


 Logs
 2019/10/22 12:55
 ファイル フォルダー

RAxML 12 12:55 ファイル フォルダー


Results タブルクリック 12:55 ファイル フォルダー

Scores 2019/10/22 12:55 ファイル フォルダー

 16S.fas	2019/10/22 12:55	FAS File	17 KB
---	------------------	----------	-------

 16S.fas.fas	2019/10/22 12:55	FAS File	17 KB
---	------------------	----------	-------

ファイル名	最終更新日時	ファイルの種類	サイズ
configuration.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	14 KB


	COX2 Pfaf	2019/10/22 12:55	FAS File	9 KB
---	-----------	------------------	----------	------


	COY2_Pfas_fas	2019/10/23 12:55	FAS File	9 KB
---	---------------	------------------	----------	------

COAL_musins	2010/10/22 12:55	175 MB	5 KB
data_16S.nov	2010/10/23 12:55	NEW ココ!!	16 KB

data_165.nex	2019/10/22 12:55	NEX コマンド	10 KB
data_166.phy	2019/10/23 13:55	PHY コマンド	16 KB

data_105.phy	2019/10/22 12:55	1111 37 170	10 KB
data_COV2_Person	2019/10/22 12:55	NEX 3= 44	0 KB


 data_COX2_Files	2019/10/22 12:55	NEX 77-110	9 KB
COX2_Files	2019/10/22 12:55	NEX 77-110	9 KB

 data_COX2_F.phy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	9 KB
data_COX2_F1	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	1 KB

 data_COX2_P1.hex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	4 KB
--	------------------	----------	------

data_COX2_P1.phy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	3 KB
--	------------------	----------	------

☐ data_COX2_P2.nex 2019/10/22 12:55 NEX ファイル 4 KB

 data_COX2_P2.phy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	3 KB
--	------------------	----------	------

data_COX2_P3.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	4 KB
--	------------------	----------	------

 data_COX2_P3.py	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	3 KB
--	------------------	----------	------

data_whole.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	24 KB
----------------	------------------	----------	-------

data_whole.phy	2019/10/22 12:55	PHY ファイル	24 KB
--	------------------	----------	-------

part_COX2_P_codonpos.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	1 KB
--	------------------	----------	------

part_whole_gene.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	1 KB
---	------------------	----------	------

part_whole_gene_codonpos.nex	2019/10/22 12:55	NEX ファイル	1 KB
--	------------------	----------	------

 starttree_whole.nwk	2019/10/22 12:55	NWK File	1 KB
---	------------------	----------	------

 starttree_whole.tre	2019/10/22 12:55	TRE File	1 KB
---	------------------	----------	------

 taxalist.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	1 KB
--	------------------	--------	------



ダブルクリック

ファイルホーム共有表示

← → ↑ ↓ PC > デスクトップ > Drosophila > 16S.fas.kakusan > Chisq Chisqの検索

★ クイック アクセス

デスクトップ

Dropbox

shimotsuki

PC

3D オブジェクト

ダウンロード

デスクトップ

Drosophila

16S.fas.kakusan

Chisq

Logs

RAML

Results

Scores

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

ローカル ディスク (C:)

ライブラリ

カメラ ロール

ドキュメント

ピクチャ

ビデオ

ミュージック

保存済みの写真

ネットワーク

コントロール パネル

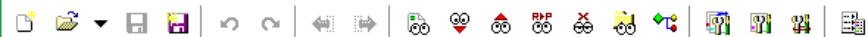
ごみ箱

Drosophila

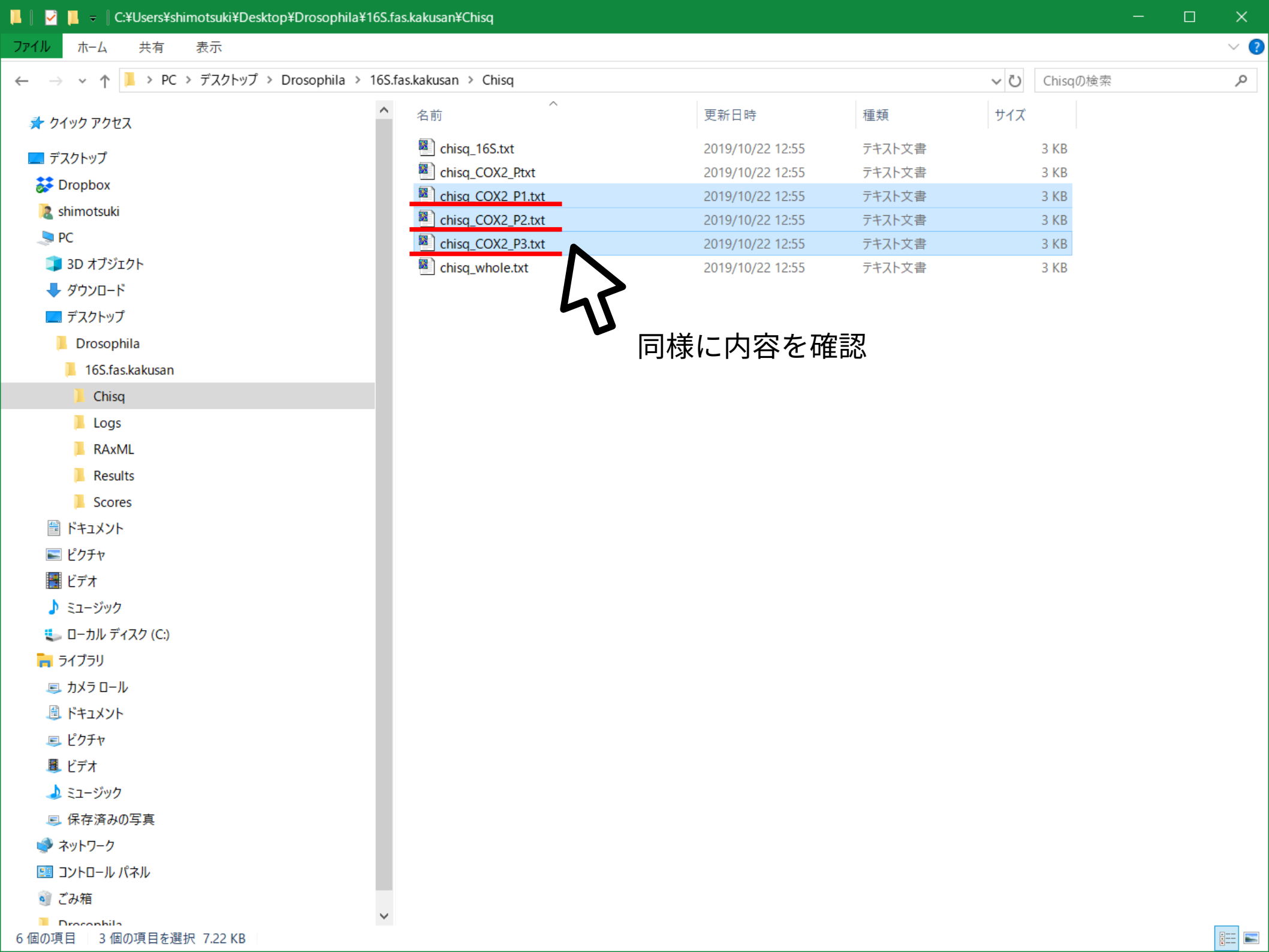
名前	更新日時	種類	サイズ
chisq_16S.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
chisq_COX2_P.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
chisq_COX2_P1.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
chisq_COX2_P2.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
chisq_COX2_P3.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
chisq_whole.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB

デスクトップのサクラエディタのアイコンへ
ドラッグ&ドロップ

6 個の項目 | 1 個の項目を選択 2.37 KB



1	Type of Nucleotides: 4					
2	Number of Taxa: 12					
3	Degree of Freedom: 33					
4	Total Count: 15821					
5	Chi-square Statistic: 2.74484608851417					
6	<u>p-value: 1.00000</u>	OTU 間の塩基組成の均一性が棄却されていないことを確認				
7						
8		^	A^	C^	G^	T^
9	Drosophila_mercatorum	^	524^	85^	151^	559^
10		^	538.321408^	81.202579^	145.981227^	553.494785^
11	Drosophila_melanogaster	^	538^	79^	145^	557^
12		^	538.321408^	81.202579^	145.981227^	553.494785^
13	Drosophila_formosana	^	541^	81^	144^	553^
14		^	538.321408^	81.202579^	145.981227^	553.494785^
15	Drosophila_incompta	^	535^	81^	150^	553^
16		^	538.321408^	81.202579^	145.981227^	553.494785^
17	Drosophila_albomicans	^	537^	81^	147^	549^
18		^	536.280766^	80.894760^	145.427849^	551.396625^
19	Drosophila_santomea_strain_san_BS11	^	549^	79^	142^	549^
20		^	538.321408^	81.202579^	145.981227^	553.494785^
21	Drosophila_simulans	^	540^	80^	143^	556^
22		^	538.321408^	81.202579^	145.981227^	553.494785^
23	Drosophila_mauritiana	^	542^	83^	142^	552^
24		^	538.321408^	81.202579^	145.981227^	553.494785^
25	Drosophila_sechellia	^	537^	81^	145^	556^
26		^	538.321408^	81.202579^	145.981227^	553.494785^
27	Drosophila_yakuba	^	549^	79^	142^	549^
28		^	538.321408^	81.202579^	145.981227^	553.494785^



★ クイック アクセス







- デスクトップ
- Dropbox
- shimotsuki
- PC
 - 3D オブジェクト
 - ダウンロード
 - デスクトップ
 - Drosophila
 - 16S.fas.kakusan
 - Chisq
 - Logs
 - RAxML
 - Results
 - Scores
- ドキュメント
- ピクチャ
- ビデオ
- ミュージック
- ローカル ディスク (C:)
- ライブラリ
 - カメラ ロール
 - ドキュメント
 - ピクチャ
 - ビデオ
 - ミュージック
 - 保存済みの写真
- ネットワーク
- コントロール パネル
- ごみ箱
- Drosophila

名前	更新日時	種類	サイズ
chisq_16S.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
chisq_COX2_Ptxt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
chisq_COX2_P1.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
chisq_COX2_P2.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
chisq_COX2_P3.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
chisq_whole.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB



同様に内容を確認

 Dreconhile

 chisq_165.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
 <u>chisq_COX2_P.txt</u>	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
 chisq_COX2_P1.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
 chisq_COX2_P2.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
 chisq_COX2_P3.txt	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB
 <u>chisq_whole.txt</u>	2019/10/22 12:55	テキスト文書	3 KB

遺伝子座間非区分・コドン位置間非区分モデルは最適モデルではなかったので今回これらはどうでもいい