

複数領域配列による分子系統樹推定と分子進化モデルの選択

筑波大・院・生命環境 ☒ a.s.tanabe@fifthdimension.jp
田辺晶史 ☒ http://www.fifthdimension.jp/

— 単一・比例・分離モデルを比較する

問題点

複数領域配列による分子系統樹推定の際に当てはめる分子進化モデルは、研究者の主観によって選択されている

概要

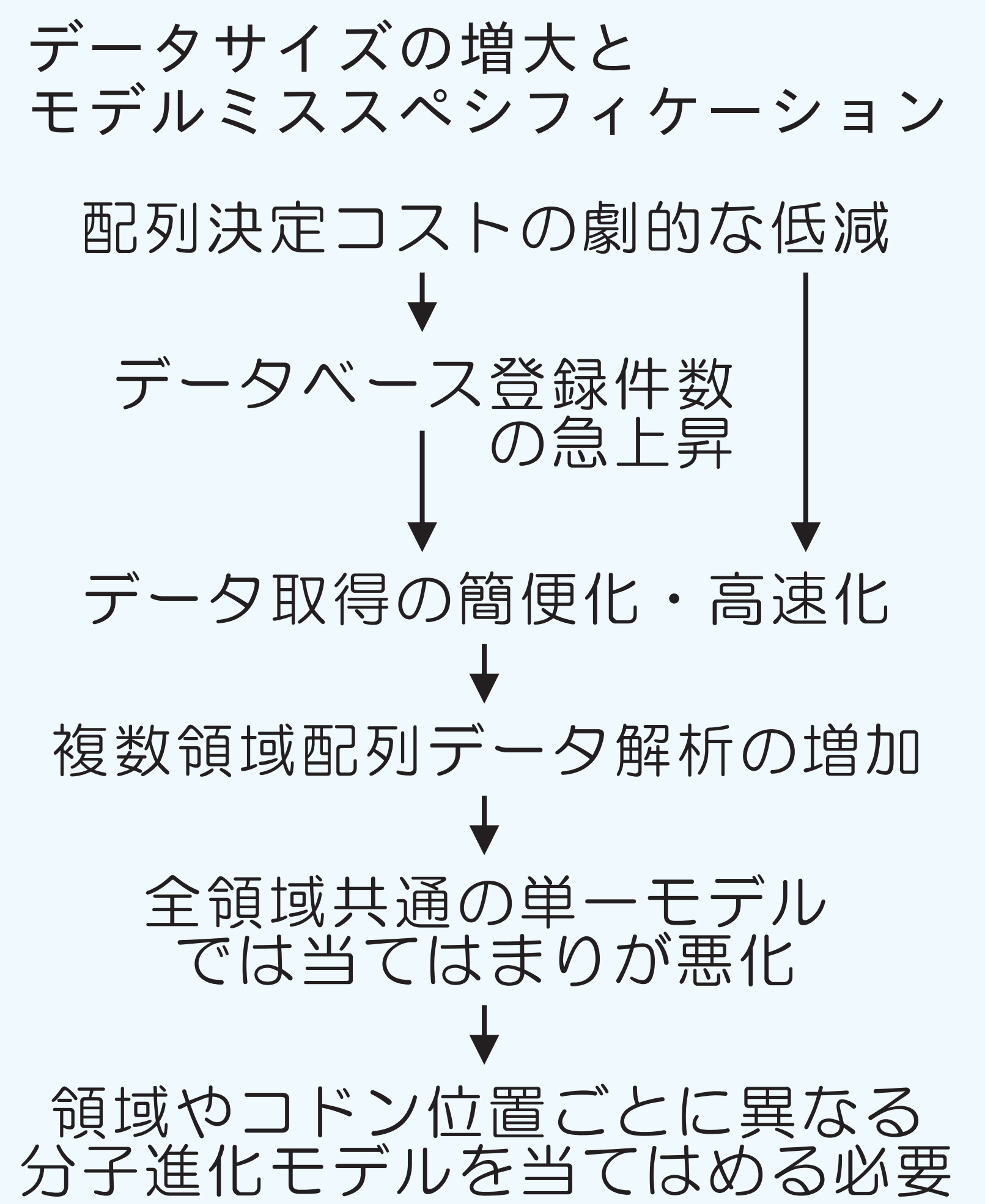
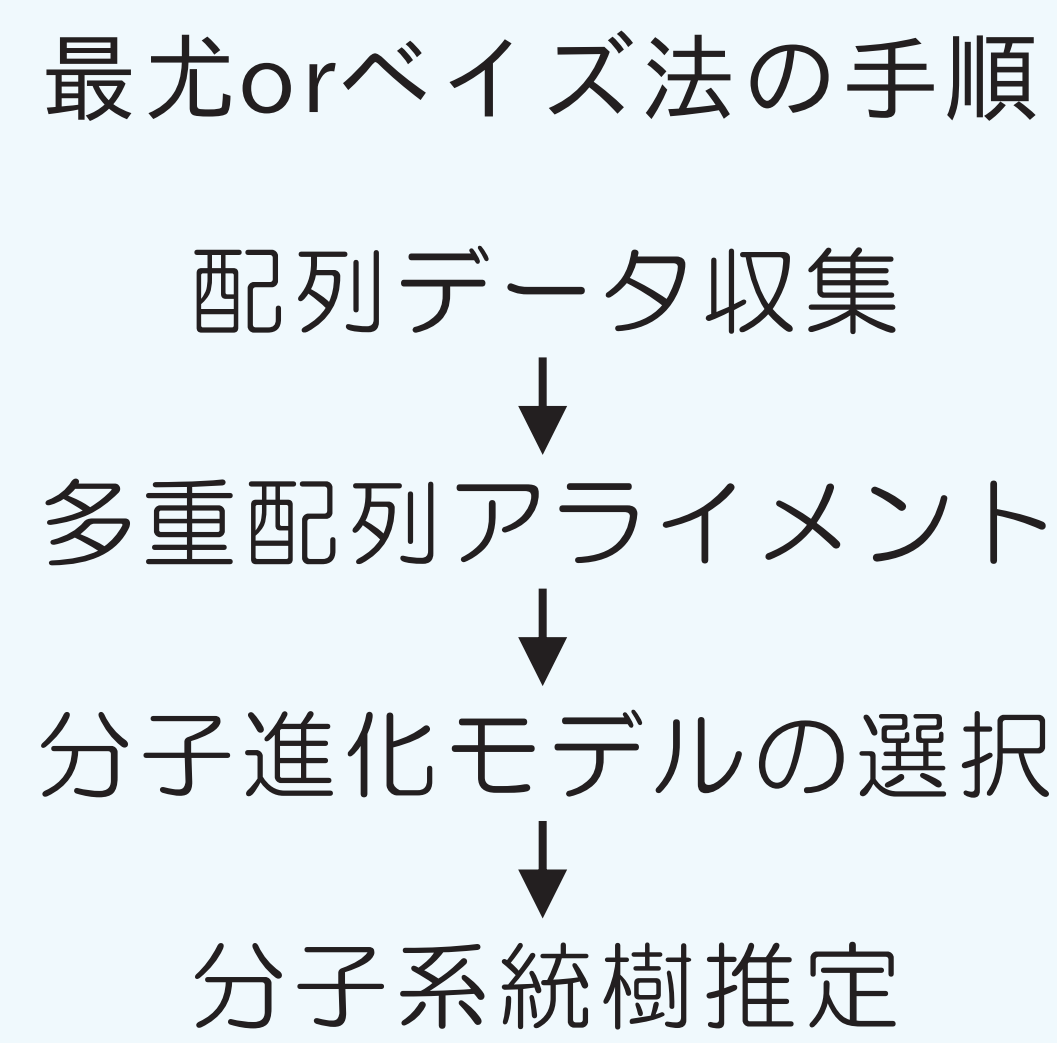
データから求めた情報量規準に基づいてモデル選択するプログラムを開発した。それをいくつかのデータに適用したところ、データごとに最適モデルは異なっていた

結果

生態学における分子系統樹の必要性

- 進化過程がわかる
⇒ 進化機構・適応的意義の理解に役立つ
- 系統的に独立した種はいない!!
⇒ 通常の統計解析は種や個体の独立性を仮定しているが、この問題を解決できる
- 系統的距離がわかる
⇒ この距離に基づいて多様性を定量化できる

現在の分子系統樹推定法の問題点



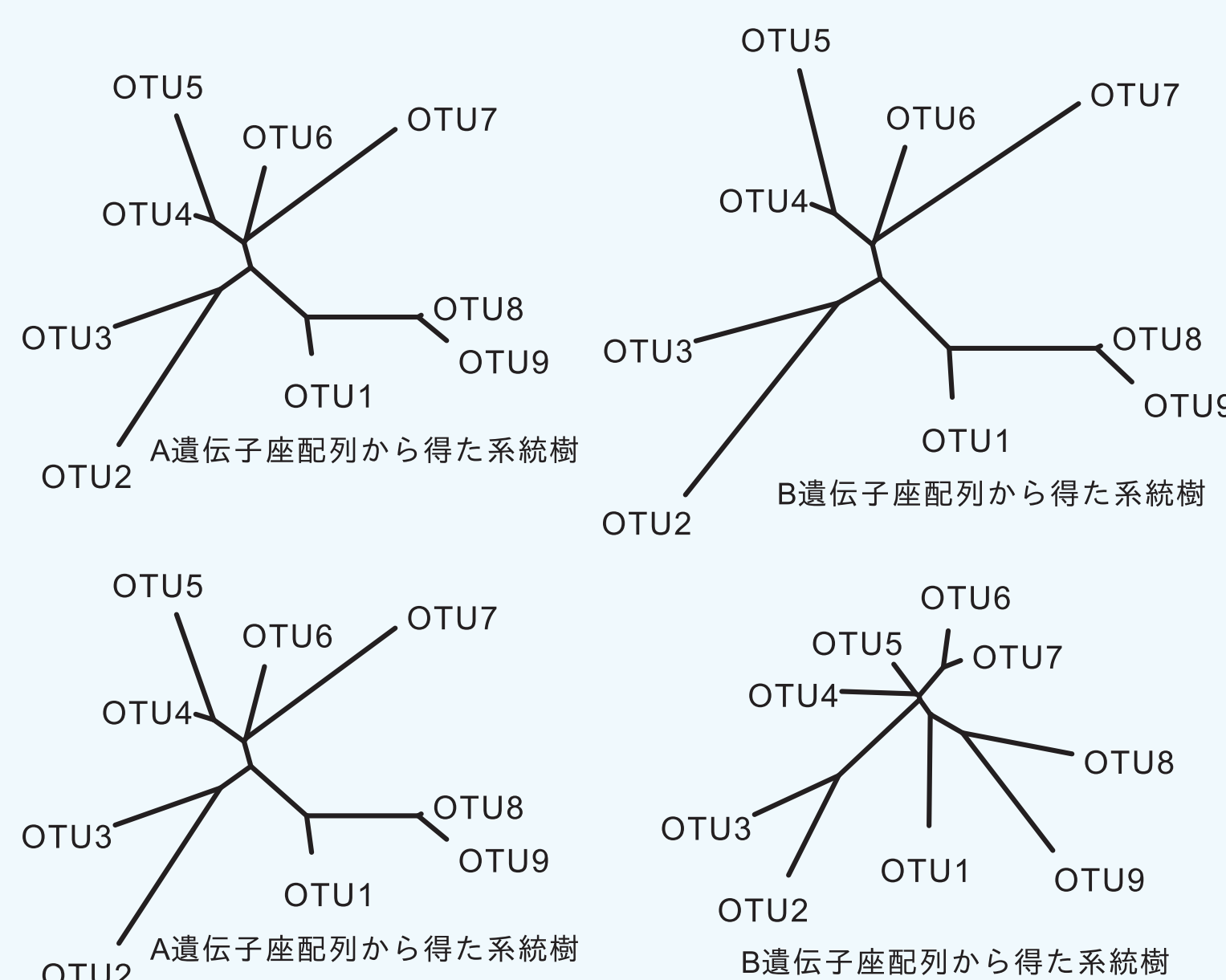
現状ではどのモデルを当てはめるかは研究者が任意に決定

比例モデル

系統樹は遺伝子座間で相似形
進化速度比が枝間で共通と仮定

分離モデル

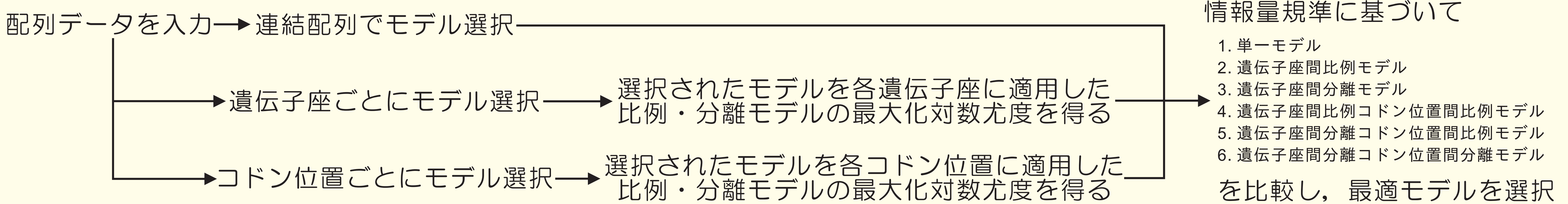
系統樹は遺伝子座間で相似形でない
進化速度比は枝ごとにバラバラでもよい



- ## 目的
1. 単一・比例・分離モデルを比較できるようにする
 2. 複数の実データでどのモデルが選択されるのかを調べる

方法

1. 以下の手順で単一・比例・分離モデルを比較し最適モデルを選択 (Kakusan4, Aminosanに実装)



2. 以下のデータを用意して解析

結果

結論

塩基	論文	モデル
	Als et al. (2004) Nature COX1, COX2, EF1a	遺伝子座間比例コドン位置間比例
	Davenport et al. (2006) Science COX1, COX2, a1,3-GT, TSPY intron	遺伝子座間比例コドン位置間比例
	Filardi and Moyle (2005) Nature ND2, myoglobin intron 2	遺伝子座間比例コドン位置間比例
	Fry et al. (2006) Nature C-mos, HOXA13, R35, RAG1, RAG2	遺伝子座間比例コドン位置間比例
	Murphy et al. (2001) Nature 12S rRNA, 16S rRNA, ADORA3, ADRB2, APP non-coding region, ATP7A, BDNF, BMI1 3'-UTR, CNR1, CREM 3'-UTR, EDG1, PLCB4 3'-UTR, PNOX, RAG1, RAG2, TYR, ZFX	遺伝子座間分離コドン位置間比例 (AIC) 遺伝子座間比例 (AICc) 遺伝子座間比例コドン位置間比例 (BIC)
アミノ酸	Als et al. (2004) Nature	遺伝子座間比例
	Fry et al. (2006) Nature	遺伝子座間比例
	Hwang et al. (2001) Nature ATP6, COX1, COX2, COX3, Cyt-b, ND1, ND4, ND5	遺伝子座間分離 (AIC, AICc), 遺伝子座間比例 (BIC)

- 比例・分離モデルのどちらが選択されるかはデータや情報量規準によって異なる。このことから、任意に設定することは不適切と言える
- 遺伝子座間・コドン位置間の区別をしないモデルが選ばれることは無かった。このことから、区分しないモデルを検討対象から外してもいいかもしれない