

分子系統樹推定法について

長谷川 政 美

DNA の塩基配列データから最尤法にもとづいて系統樹を推定するための方法が, Felsenstein (1981) によって提案されている. 彼の方法ではもともとトランジション型とトランスバージョン型の塩基置換確率に差があることは考慮されていなかったが, その後彼のプログラムパッケージ PHYLIP の Version 2.6 ではその差を考慮できるように改善された. ここではこの方法を用いて, ミトコンドリア DNA の塩基配列データからヒト, チンパンジー, ゴリラの間の系統関係がどのように推定されるかについてみてみよう. この方法では塩基置換速度に関する一切の制約がなく, 系統ごとに速度が異なる場合にも使える (Hasegawa and Yano, 1984).

用いたデータは, ヒト, チンパンジー, ゴリラ, オランウータンについてこれまでわれわれ (Hasegawa et al., 1985) が解析してきたミトコンドリア DNA の class 1 座位 (232 塩基) と class 2 座位 (667 塩基) である. 次の3つの系統樹 (モデル) について, 各クラスごとに枝の長さを変えて最大対数尤度を求め, 3つのクラスの合計を各系統樹の対数尤度とみなす; 1) ヒトとチンパンジーが近縁, 2) ヒトとゴリラが近縁, 3) チンパンジーとゴリラが近縁.

$AIC_1=4134.4$, $AIC_2=4147.3$, $AIC_3=4138.8$ となり, 系統樹 1 が AIC 最小として選ばれる. モデル 1, 2, 3 の事前確率を P_1, P_2, P_3 とすると, それらの事後確率 P'_i は,

$$P'_i = P_i \exp(-AIC_i/2) / \sum_h P_h \exp(-AIC_h/2)$$

で推定される. P_i のそれぞれの値に対して, P'_i が計算され, その信頼区間に関しては bootstrap 法 (Hasegawa et al., 1987) を用いることができる. $AIC_2 - AIC_1$ と $AIC_3 - AIC_1$ の平均と SE は, それぞれ, 12.9 ± 12.1 , 4.5 ± 14.8 となる. ただし class 2 座位には変異不能座位があるのでそれを考慮すると, それぞれ, 9.0 ± 10.3 , 8.2 ± 10.8 となる. 塩基置換速度の一定性 (分子時計) などの制約をとりいれない限り, このデータからは分岐の順番に関して有意な結論を下せない.

本研究は, 昭和 61 年度統計数理研究所共同研究 (61-共研-61) による (共同研究者: 岸野洋久, 矢野隆昭).

参 考 文 献

- [1] Felsenstein, J. (1981). *J. Mol. Evol.*, **17**, 368-376.
- [2] Hasegawa, M. and Yano, T. (1984). *Bull. Biometric Soc. Japan*, **5**, 1-7.
- [3] Hasegawa, M., Kishino, H. and Yano, T. (1985). *J. Mol. Evol.*, **22**, 160-174.
- [4] Hasegawa, M., Kishino, H. and Yano, T. (1987). *J. Mol. Evol.*, in press.

P 波と S 波の分離

北 川 源 四 郎

地震計により観測される地震波はおもに P 波と S 波という性質の異なる 2 種類の波が合成されたものである. もし, この P 波と S 波の分離がうまくできれば地震波のより詳しい解析が可能となる. 以前, 微小地震の解析のために

$$y_n = r_n + s_n + w_n$$

というモデルを導入した. ここで, 常微動成分 r_n と地震波成分 s_n のそれぞれに対して適切な AR モデ