

経済構造の変化は意識の上に明瞭に影を落しているのである。)

つぎに、意識や態度の調査結果は調査方法、殊に質問法に強く依存する。そこで、時事問題、価値観、消費行動などを主題にした調査票による調査結果(計3種延べ6調査)を分析してみたが、「階層帰属意識」に対しては「くらしむぎに対する自己評定」や「くらしむぎに対する満足度」という経済心理的な要因が経済的・社会的な地位指標よりはるかに強い効果をもつという事実が認められた。これは先の「階層帰属意識」の性格規定をより明確にしたものと考えられる。

なお、分析の詳細は『統計数理』, 第35巻, 第2号を参照されたい。

## 予測制御研究系

### DNA による系統樹の推定

長谷川 政 美

DNA の塩基配列データから、塩基置換の確率モデルに基づいて系統樹のトポロジー(枝別れの順番)(Hasegawa and Kishino (1988a), Hasegawa et al. (1988), Kishino and Hasegawa (1988)) と分岐の年代(Hasegawa et al. (1987), 長谷川 (1988), Hasegawa and Kishino (1988b)) をそれぞれ推定するための方法を開発した。DNA 塩基置換の確率は時間的にはほぼ一定であることが一般的であるが、時に一定性が破れることがある(Hasegawa et al. (1987))。したがって、系統樹のトポロジーを推定する際には、あらかじめ一定性を仮定しないモデルに基づいて解析する。ある程度確からしいトポロジーが決まった後で、置換確率が枝ごとに、はたして、一定であるかどうかを検討する。これらの手続きはすべて AIC による統計的モデル選択としておこなわれる。

ただし AIC は確率変数の一つの実現値、つまりたまたま得られたデータに基づくものであるから、AIC 最小のモデルが真のモデルの候補としてどれだけ信頼するにたるかを評価するためには、他のモデルとの AIC の差の分散を推定することが必要であろう。AIC の差が同じでも、その分散が違っていれば、モデルの評価は違って来るからである。分散の推定には、はじめブートストラップ法をもちいた(Hasegawa and Kishino (1988a), Hasegawa et al. (1988)) が、これを explicit に表現することもできる(Kishino and Hasegawa (1988))。

これらの方法を霊長類の各種遺伝子 DNA のデータに適用し、霊長類進化におけるヒトの系統的な位置について新たな知見を得た。

### 参 考 文 献

- [ 1 ] 長谷川政美 (1988). 分子系統学とヒトの起原, 生物物理, **28**, 119-124.
- [ 2 ] Hasegawa, M. and Kishino, H. (1988a). Confidence limits on the maximum likelihood estimate of the hominoid tree from mitochondrial DNA sequences, *Evolution*, 印刷中.
- [ 3 ] Hasegawa, M. and Kishino, H. (1988b). Branching dates among primates inferred from molecular clocks of nuclear DNA which slowed down in Hominoidea, *J. Human Evol.*, (submitted).
- [ 4 ] Hasegawa, M., Kishino, H. and Yano, T. (1987). Man's place in Hominoidea as inferred from molecular clocks of DNA, *J. Mol. Evol.*, **26**, 132-147.
- [ 5 ] Hasegawa, M., Kishino, H. and Yano, T. (1988). Phylogenetic inference from DNA sequence data, *Statistical Theory and Data Analysis II*, (ed. K. Matusita), Elsevier Sci. Publ., Amsterdam, Netherlands, 1-13.
- [ 6 ] Kishino, H. and Hasegawa, M. (1988). Evaluation of the maximum likelihood estimate of the evolutionary tree topologies from DNA sequence data, and the branching order in Hominoidea, *Mol. Biol. Evol.*, (submitted).