

# マクロ進化分析におけるBSDSモデルの検討

大久保 祐作 モデリング研究系 特任研究員

## 【背景】

系統比較法(Phylogenetic Comparative Method): 生物のマクロ進化を分析する統計的手法

目的1: 進化の速度やパターン、祖先種における状態を推定

目的2: 複数種のデータを比較する際、進化史の共有に起因する交絡を補正(e.g. ランダム効果)

進化生物学、生態学、比較心理学などで応用が広がる

↑一部の種が極端な淘汰圧の元で進化してきたときにうまく機能しないことが問題となってきた

## 【既存法: どのように極端な進化を表現するか】

0) 標準的なBrownian Motionモデル

- ・形質進化をBrownian Motionモデル(BM)で表現
- ・極端な進化は表現できない

| 拡張1: variable-rate BMモデル   | 拡張2) evolutionary phenotype(EP)モデル   |
|--|--|
| 形質進化をBrownian Motionモデル(BM)で表現   | 形質進化を集団遺伝学のプロセスモデルで表現  |
| <ul style="list-style-type: none"> <li>・ BMの拡散係数を可変パラメータしより柔軟に</li> <li>・ 極端な淘汰圧の検出に広く応用</li> </ul> (Venditti et al. 2011, Baker et al. 2015, Baker et al. 2019) | <ul style="list-style-type: none"> <li>・ 尤度関数を書けない⇒近似ベイズ計算</li> <li>・ シミュレーション+要約統計量比較で母数推定</li> </ul> (Kutsukake et al. 2013, 2014, 2018, 2019) |
| <b>Q: 実データに対してどの程度適合性があるだろうか</b>   | <b>Q: 要約統計量による推定は信頼できるだろうか</b>   |

## 【提案手法: BSDSモデル(Ohkubo et al. under review)】

- ・ 拡張2)のEPモデルを解析
- ・ ある系統樹 $\psi$ 上で祖先種 $i$ から子孫種 $j$ への進化がEPモデルに従うとき、形質分布は下記を満たす

$$\mathbb{E}[j] = \frac{bl * ev * (k^2 - 1)}{k\theta} + \mathbb{E}[pa(j)] \quad (1)$$

$$Var[j] = \frac{2 * bl * ev * (k^2 + 1)}{k\theta^2} + Var[pa(j)] \quad (2)$$

- ・  $pa()$ : 直接の祖先種状態を返す関数、 $bl$ : 祖先種 $i$ から子孫種 $j$ までの枝の長さ、 $ev$ : 進化率、 $k$ : 淘汰の強さ( $0 < k < 1$ は負、 $k = 1$ は酔歩、 $k > 1$ 正の淘汰)
- ⇒近似ベイズなしに尤度計算が可能に

## 【結果: 既存法との比較】

1) BSDS vs variable BM:

- ・ 実データ(霊長類や人類の脳サイズ)に適合し事後予測分布を生成(右上図)
- ・ 極端に肥大化した人類の脳サイズをうまく表現できるか?

- ・ BSDSは実データの多峰性や分散をより正確に再現

2) BSDS vs evolutionary phenotypeモデル&近似ベイズ

- ・ 人工データに適合させMAP推定の性能を検討(各1000試行)

- ・ BSDS: 真値まわりで分布(右下図)

- ・ 近似ベイズ: バイアス(左下図)

## 【ソフトウェア】

- ・ RとStanでBSDSモデルを実装
- ・ GitHubページにて公開済

