

情報科学総合演習・実験レポート

00-1346-8 鷹岡 良治
00-1006-2 齊藤 耕二郎

平成14年12月27日

目次

1 Introduction	3
1.1 DNA配列データの入手	3
2 Method	4
2.1 データの取り出し, アライメント	4
2.2 系統樹の推定	5
2.2.1 NJ法	5
2.2.2 最尤法	5
2.3 系統樹の信頼集合	6
3 Results	6
3.1 NJ法での結果	6
3.2 最尤法	6
3.3 系統樹の信頼集合	7
3.4 枝の信頼集合	8
3.5 全体的な結果	9
4 Discussion	9
5 Consideration	11
5.1 E~Jの系統樹の信頼集合	11
5.2 E~Jの枝の信頼集合	12
5.3 結果の考察	13

1 Introduction

地球上のあらゆる生物は、ひとつ又は少数の共通祖先からの種分化と進化によって誕生したと考えられる。進化系統樹は生物がその祖先から子孫へ枝分かれしながら進化して行く様子を表すものである。共通祖先は根に対応し、現存生物は葉に対応する。

従来の生物系統学は主に現存生物や化石などの形態を比較することによってなされてきた。ところが、形態の比較には研究者の主観的な判断の入る余地が多く、どのような形態的特徴を重要視するかという研究者の立場によって結論が食い違うことが多かった。

しかし、現在では遺伝子解析の技術が進み、現存生物のDNAが解析されてきた。DNAによって客観的基準として生物の系統的な位置を評価することができるようになった。

哺乳類の進化系統樹を調べるために哺乳類のミトコンドリアのDNAを比較、評価することにした。現在分かっている哺乳類から代表的な動物のDNAを比較して、これまでの形態による系統樹が正しいかどうかについて調べてみた。

1.1 DNA配列データの入手

哺乳類のDNA配列データの入手には公共のデータベース、“NCBI Home Page”からダウンロードした。

比較・評価する哺乳類として、哺乳類の各目から代表的なものを選びだしてきた。

選び出してきた哺乳類は以下の通りである。
(隣には従来の分類が記してある)

カモノハシ	:単孔目カモノハシ科
ワラロー	:有袋目フクロネコ科
ウォンバット	:有袋目ウォンバット科
アルマジロ	:貧歯目アルマジロ科
コアリクイ	:貧歯目アリクイ科
ハネジネズミ	:食虫目ハネジネズミ科
ヨーロッパハリネズミ	:食虫目ハリネズミ科
ネズミ	:齧歯目ネズミ亜目ネズミ科
ノルウェイラット	:齧歯目ネズミ亜目ネズミ科
ウサギ	:ウサギ目ウサギ科
ヨーロッパウサギ	:ウサギ目ウサギ科

ネコ	:食肉目ネコ科
イヌ	:食肉目イヌ科
ホッキョククマ	:食肉目クマ科
アメリカクロクマ	:食肉目クマ科
ヒト	:霊長目ヒト科
チンパンジー	:霊長目オラウータン科
ジャマイカフルーツコウモリ	:翼手目ヘラコウモリ科
ニュージーランドカグラコウモリ	:翼手目カグラコウモリ科
マレーヒヨケザル	:皮翼目ヒヨケザル科
ウマ	:奇蹄目ウマ科
ロバ	:奇蹄目ウマ科
ブタ	:偶蹄目イノシシ科
カバ	:偶蹄目カバ科
ジュゴン	:海牛目ジュゴン科
シロナガスクジラ	:クジラ目ヒゲクジラ亜目ナガスクジラ科
アフリカゾウ	:長鼻目ゾウ科

2 Method

哺乳類自体の遺伝子データを比較することも出来るがそのデータ量は莫大なものなので、生物が親から子へと受け継がれていくミトコンドリアの遺伝子データによって系統樹の評価をする。

2.1 データの取り出し、アライメント

上記のホームページから取り出したデータは遺伝子の配列のみのデータとはなっていないので、まず遺伝子のDNA配列データを上記のデータから取り出す。

その後、遺伝子の種類であるND1, ND2, COX1, COX2, ATP8, ATP6, COX3, ND3, ND4L, ND4, ND5, CYTBの12種類の遺伝子のデータに分類分けをする。(先に取り出したデータはこの遺伝子の混合したものである)

分類した遺伝子のデータをコドン変換テーブル2を適用して、比較に使うアミノ酸配列に変換して新たなファイルとして出力した。

この出力されたアミノ酸配列データをもとにしてアライメントを行う。

しかし、生物は進化の過程でそのDNAシーケンスに挿入、欠損が起こっていることがある。そのため、ミトコンドリアの遺伝子の長さは生物によって若干異なるので、アライメントでは位置を調整し、欠損している部分には

ギャップ(記号-)を挿入し変化が最小となるようにしている。また、ギャップのある列は後の確率計算に支障をもたらすと考えられるので、取り除くようにした。

2.2 系統樹の推定

生物は共通祖先から進化、枝分れすると考えられている。

遺伝子は、親のものを受け継いで進化する過程で若干の変化の可能性があるとはいえ、共通祖先のものに近いはずである。よって、比較的近くで枝分れした動物同士のDNAの違いはごくわずかであり、ずっと昔に枝分れした動物同士ではDNAの違いは大きくなる可能性が大きいと考えられる。

よってここでは、この違いの情報によって生物がどのような順序で進化、枝分れしたかを推定することができる。

2.2.1 NJ法

最初に近隣結合法(NJ法)を用いて推定を行う。

NJ法では、まず一つの生物のDNAに注目して、そこから他の生物のDNAシーケンス間の「距離」を求める。距離行列を求め、その距離行列からNJ法で系統樹を推定する。そして、どの生物からも一番距離がある(即ち、一番最初に分岐した)生物に注目し、距離行列を求め、NJ法により系統樹を推定した。

2.2.2 最尤法

NJ法は一つの評価方式なので必ずしもその系統樹が信頼性が高いとは限らない。これに対して最尤法はより良い方法といわれている。

最尤法とは、候補となる系統樹ごとそのもってもらしさの指標である尤度を進化確率モデルに基づいて計算する。そして最も尤度の高い系統樹を最尤系統樹として推定結果とする。

ここでは尤度の対数をとった対数尤度を計算して比較する。最尤法の問題点は尤度の計算に時間がかかることである。そこでNJ法で求めた系統樹から出発して尤度を大きくするように系統樹を少しずつ変更していき、もうそれ以上尤度を大きく出来なくなったら最尤推定の近似とみなすという方法が考えられる。

また、計算結果にはその枝の信頼性を表す目安としてローカルブートストラップ確率を表示するようにしている。ローカルブートストラップ確率とは、無作為抽出により疑似的母集団を形成させ、そのデータをもとに作成した系統樹が何回同じ分岐を示したかをパーセンテージで表したものである。

最尤法によって求めたローカルブートストラップ確率が高くないということは、信頼がおけないということである。よって、ブートストラップ確率が高くなかった枝に対して、枝の長さをゼロにし不確定なところをひとつにまとめ、そして枝の信頼性の高いところを部分系統樹としてまとめ部分系統樹の組合せを展開し、正確な尤度を系統樹一覧に対して全て計算し、尤度を最大にする系統樹を作成した。

2.3 系統樹の信頼集合

系統樹の対数尤度を分解してアミノ酸配列のひとつひとつの列に対して対数尤度を計算したものを全ての系統樹に計算したサイズ105 x 3582の行列を用いると、対数尤度のブートストラップ複製というものが計算できる。(マルチブートストラップ法)

系統樹、枝の確率値を計算し、それぞれの信頼集合を形成した。

3 Results

3.1 NJ法での結果

NJ法で調べてみた結果、一回目には図1のような結果が出た。しかし、この結果はただ似た塩基配列を持つものが集まっているだけで根が指定されていないので見にくい。そこで、既知の事実から最も遠い哺乳類であることがわかっているカモノハシ (*platypus*—NC000891) を系統樹の根(アウトグループ)として再度NJ法を行い、系統樹を出した。このようにして出来た系統樹が図2である。

3.2 最尤法

NJ法によって出来た系統樹をもとに最尤法を実行した。図3が最尤法を行った結果の系統樹である。この系統樹の各枝についている数字はローカルブートストラップ確率である。

次に、ブートストラップ確率の高くない枝(ここでは図3においてブートストラップ確率が69, 57, 80となっている枝)の信頼性について、信頼性の高い枝を部分系統樹として、展開される系統樹全ての中で尤度が最大であったものの系統樹が図4である。

ここで、以下のようにグループ分けを行っている。

グループA:ブタ, クジラ, カバ
 グループB:ウマ, ロバ
 グループC:ネコ, イヌ, クマ, ホッキョクグマ
 グループD:コウモリ2種
 グループE:ウサギ2種
 グループF:アルマジロ, アリクイ
 グループG:ハネジネズミ, ゾウ, ジュゴン
 グループH:ヒヨケザル, ヒト, チンパンジー
 グループI:ネズミ2種
 グループJ:ハリネズミ
 グループK:ワラロー, ワンバット
 グループL:カモノハシ

今, グループA~Gまでを展開し, 尤度を求めた。

3.3 系統樹の信頼集合

系統樹について確率値を求めた。系統樹の確率値は, 以下のようになっている。

#	rank	item	obs	au	np	bp	pp	kh	sh	wkh	wsh
#	1	20	-7.4	0.901	0.531	0.522	0.999	0.720	0.999	0.720	1.000
#	2	5	7.4	0.533	0.193	0.195	0.001	0.280	0.970	0.280	0.936
#	3	17	21.3	0.357	0.095	0.097	6e-10	0.159	0.853	0.159	0.815
#	4	1	13.1	0.270	0.050	0.055	2e-06	0.138	0.940	0.138	0.795
#	5	37	25.2	0.182	0.040	0.040	1e-11	0.078	0.794	0.078	0.597
#	6	18	29.0	0.169	0.024	0.024	2e-13	0.086	0.743	0.086	0.633
#	7	36	42.0	0.138	0.016	0.014	5e-19	0.062	0.550	0.062	0.520
#	8	3	32.8	0.109	0.008	0.008	6e-15	0.070	0.697	0.070	0.578
#	9	4	32.6	0.094	0.006	0.006	7e-15	0.063	0.703	0.063	0.561
#	10	2	33.7	0.078	0.005	0.004	2e-15	0.048	0.690	0.030	0.363
#	11	23	25.1	0.077	0.009	0.008	1e-11	0.044	0.816	0.044	0.458
#	12	9	35.8	0.076	0.005	0.006	3e-16	0.043	0.648	0.043	0.450
#	13	33	49.0	0.070	0.004	0.003	5e-22	0.034	0.460	0.034	0.376
#	14	21	53.6	0.063	0.002	0.001	6e-24	0.027	0.406	0.027	0.333
#	15	19	53.0	0.044	0.001	0.001	1e-23	0.025	0.409	0.025	0.320

```

((((((((((A,B),C),D),E),F),G),H,I,J),K,L); 20 <- 20 (0.0095)
((((((((((A,(B,C)),D),E),F),G),H,I,J),K,L); 5 <- 5 (0.0095)

```

```

(((((((A,(C,D)),B),E),F),G),H,I,J),K,L); 17 <- 17 (0.0095)
(((((((A,C),B),D),E),F),G),H,I,J),K,L); 1 <- 1 (0.0095)
(((((((A,B),C),D),E),F),G),H,I,J),K,L); 37 <- 37 (0.0095)
(((((((A,(B,C)),D),E),F),G),H,I,J),K,L); 18 <- 18 (0.0095)
(((((((A,(C,D)),B),E),F),G),H,I,J),K,L); 36 <- 36 (0.0095)
(((((((A,D),C),B),E),F),G),H,I,J),K,L); 3 <- 3 (0.0095)
(((((((A,C),D),B),E),F),G),H,I,J),K,L); 4 <- 4 (0.0095)
(((((((A,D),B),C),E),F),G),H,I,J),K,L); 2 <- 2 (0.0095)
(((((((A,B),C),D),E),F),G),H,I,J),K,L); 23 <- 23 (0.0095)
(((((((A,C),B),D),E),F),G),H,I,J),K,L); 9 <- 9 (0.0095)
(((((((A,(C,D)),B),F),E),G),H,I,J),K,L); 33 <- 33 (0.0095)
(((((((A,D),C),B),E),F),G),H,I,J),K,L); 21 <- 21 (0.0095)
(((((((A,C),D),B),E),F),G),H,I,J),K,L); 19 <- 19 (0.0095)

```

上の結果から有意水準5%で考えると、棄却できないものが14個となっている。

最も au 値が高いものが0.901となっていて、かなり高い数値となっている。

3.4 枝の信頼集合

次に枝の確率値についても調べてみた。枝の系統樹の確率値は以下のようになっている。

#	rank	item	obs	au	np	bp	pp	kh	sh	wkh	wsh
#	1	1	-25.2	0.949	0.898	0.897	1.000	0.922	0.998	0.914	1.000
#	2	3	-21.3	0.906	0.845	0.846	1.000	0.841	0.999	0.841	0.999
#	3	8	-7.4	0.833	0.583	0.573	0.999	0.720	0.995	0.720	0.998
#	4	2	-108.4	0.613	0.981	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
#	5	5	7.4	0.382	0.228	0.228	0.001	0.280	0.949	0.280	0.896
#	6	9	21.3	0.196	0.130	0.132	6e-10	0.159	0.820	0.159	0.745
#	7	11	21.3	0.191	0.126	0.128	6e-10	0.159	0.831	0.159	0.768
#	8	6	13.1	0.170	0.062	0.068	2e-06	0.138	0.924	0.138	0.751
#	9	7	25.2	0.082	0.091	0.092	1e-11	0.078	0.762	0.086	0.540
#	10	10	32.8	0.048	0.019	0.015	8e-15	0.070	0.682	0.070	0.536

```

#           1           2
# 123456789012345678901234567
# AAACCCCBBDDEEFFGGGHHHIJKKL
1 ++++++----- ; (0.5143); (A,B,C,D,E)
3 ++++++----- ; (0.3048); (A,B,C)
8 +++----- ; (0.1619); (A,B)

```


2	+++++++-----	; (0.4286); (A,B,C,D)
5	---++++-----	; (0.2381); (B,C)
9	+++++---+-----	; (0.1524); (A,C,D)
11	---++++---+-----	; (0.1524); (C,D)
6	+++++-----	; (0.2286); (A,C)
7	-----++++-----	; (0.1714); (E,F)
10	+++-----+-----	; (0.1524); (A,D)

こちらでは、(有意水準5%において)棄却できないものが10個となっている。上から四つがとても大きな値となっており、その四つに共通するA、Bという枝の信頼度が高いと考えられる。

3.5 全体的な結果

以上の結果についてまとめてみる。

最も尤度が高かった系統樹は、やはり最尤法で求めた系統樹であり、そのau値も90%という大きな値となって出た。

A~Gまでを検討の範囲に選んだが全くGについては変化が見られない結果となった。また、系統樹の中で信頼度の高いもののうちの上位4つの系統樹ではEまでがまったく変化が見られず、また変化が見られても、EとFが同時に分岐するような近い種であるということがわかった。

4 Discussion

現在、分かっている系統樹を Tree of Life Web Project (<http://tolweb.org>) というホームページから参照した。この情報は2001年のもので若干古いですが、それを参照した図が図5である。

図5には、A~Lまでのグループがどこの属するかも書いています。いま、最新の論文の結果よりクジラはカバに進化の過程上近いとされている。(<http://www.mainichi.co.jp/eye/feature/details/science/Bio/199909/01.html> 参照)

そのことは今回の実験でブートストラップ確率が100%であること(図3参照)などから既知として、以下のことを議論していきます。

まず、今回分かったことは、EグループとFグループがミトコンドリアの遺伝子からみると、近い種であるということがわかりました。今、Eグループはウサギのグループで、Fグループはアルマジロなどの貧歯目のグループです。

Tree of Life Web Project というホームページでは、EグループとFグループは近縁な関係ではありませんが、「ベイズの推論」を用いて有胎盤哺乳類の

早期の放散を解決」(12.19.01)(サイエンス 12月14日号掲載)という論文において、分子的な方法を用いて、有胎盤哺乳類は4つのグループから成ることが確認されています。最も古いグループ Afrotheria(象、ツチブタ、およびイワダヌキなどを含む)はローラシア大陸に起源をもつが、およそ1億3千万年前に他のグループと分かれています。これはアフリカと南米の大陸分離によるものであり、Xenarthra(アルマジロ、ナマケモノ、アリクイを含む)は南米起源で、さらに Laurasiatheria(肉食動物、クジラ、牛、および馬などを含む)、Euarchontoglires(齧歯動物、ウサギ、および霊長類などを含む)と分かれたとあります。

よって、ウサギは、Euarchontoglires の中でも比較的早くにアルマジロのグループと分かれて、そのまま存在する生物でないかと推測できます。

また、ウマ、カバ、ブタ、クジラなどがグループになっており、ウサギと霊長類がグループになっていることにも納得が行きます。

しかし、「ウサギ類、齧歯類および他の現生真獣類哺乳類に近縁な白亜紀後期の動物 11.01.01(ネイチャー 11月1日号掲載)」には、Kulbeckia kulbecke という化石はウズベキスタンの Dzharakuduk で見つかったものは、年代は9千万～8千5百万年前のもので、まだ不明な点の多いザランブダレステス科の哺乳類の仲間で、系統解析の結果、それは現在のウサギ類や齧(げっ)歯類(ネズミの仲間)に近縁だと考えらる動物あるそうです。

このように、ウサギとネズミなどの共通祖先が発見されているのに今回の解析ではウサギとネズミが近くならなかったのは何か原因があるのではないかと考えられます。(のちに考察)

また、コウモリたちのグループとヒヨケザルとは、Tree of Life Web Project において近縁な関係となっていますが、今回の結果近くならなかったのは、次の論文、「コウモリのエコロケーション(反響定位)と飛行の起源 1.14.00」(ネイチャー 1月13日号掲載)の中には皮翼目(ヒヨケザルの目)が翼手目の姉妹群とする見方を否定しており、皮翼目と翼手目で起源が共通だと考えられていた特徴が、それぞれ滑空と飛行に伴って収斂進化したものであることを示しているので実際にはサル仲間となっています。

以上より、象のグループを基準に考えると有胎盤類については、殆どのことが納得でき、これ以外のグループは有袋類と単孔類でそのグループはこれらは有胎盤類が現れる前、1億年以上前に爆発的に進行した哺乳類の初期の進化の生き残りとしてされており、ミトコンドリアの塩基配列から考えるにはネズミなどと近くなっているだけで象から逆に有袋類と単孔類に近くなるような形でミトコンドリアが進化したのがネズミ、ヒトなどのグループなのかもしれないという推論に導かれます。

5 Consideration

ウサギとネズミが近くならなかったのはなぜか、について考察します。

今使えるのはミトコンドリアの塩基配列を見て、それらの違いを見てグループに分ける方法しか持ち得ていないので、先に分けたE~Jまでのグループを展開し、尤度を求めます。この分け方では、ウサギはEグループ、ネズミはIグループです。(なお、先に分けたA,B,C,Dグループは便宜上、まとめてDグループとしています)

その系統樹、枝の信頼集合は次のようになりました。

5.1 E~Jの系統樹の信頼集合

計算の結果次のようになりました。有意水準5%において棄却できないのは37個あり、そのうちの20個を以下に示しました。

#	0	1	2	9+	10		3	4	5	6	7	8
#	rank	item	obs	au	np		bp	pp	kh	sh	wkh	wsh
#	1	38	-2.3	0.756	0.133		0.129	0.878	0.578	0.996	0.578	0.997
#	2	88	2.3	0.665	0.111		0.105	0.086	0.422	0.985	0.422	0.979
#	3	46	3.2	0.658	0.086		0.084	0.034	0.398	0.984	0.398	0.980
#	4	102	6.8	0.606	0.171		0.168	0.001	0.410	0.950	0.410	0.962
#	5	86	9.8	0.510	0.080		0.080	5e-05	0.357	0.936	0.357	0.948
#	6	27	8.4	0.440	0.035		0.036	2e-04	0.247	0.965	0.247	0.928
#	7	74	7.2	0.416	0.034		0.036	0.001	0.247	0.960	0.247	0.902
#	8	78	29.6	0.413	0.028		0.029	1e-13	0.186	0.732	0.186	0.868
#	9	73	10.0	0.397	0.059		0.058	4e-05	0.293	0.931	0.281	0.905
#	10	36	12.1	0.387	0.040		0.037	5e-06	0.272	0.931	0.272	0.924
#	11	65	11.8	0.360	0.026		0.027	7e-06	0.271	0.925	0.258	0.907
#	12	47	30.5	0.315	0.027		0.027	5e-14	0.198	0.712	0.198	0.869
#	13	41	35.0	0.302	0.011		0.010	6e-16	0.162	0.650	0.162	0.844
#	14	104	27.8	0.299	0.055		0.058	7e-13	0.190	0.746	0.190	0.780
#	15	75	34.8	0.271	0.009		0.007	7e-16	0.155	0.654	0.155	0.833
#	16	57	36.9	0.242	0.035		0.034	8e-17	0.170	0.604	0.170	0.738
#	17	20	34.8	0.236	0.011		0.011	7e-16	0.180	0.645	0.150	0.793
#	18	69	19.2	0.214	0.005		0.005	4e-09	0.139	0.859	0.139	0.786
#	19	53	23.5	0.195	0.005		0.004	5e-11	0.113	0.823	0.113	0.751
#	20	31	19.1	0.193	0.008		0.008	4e-09	0.103	0.872	0.103	0.690

((D,(((E,(H,(I,J))),F),G)),K,L); 38 <- 38 (0.0095)

((D,(((E,F),(H,(I,J))),G)),K,L); 88 <- 88 (0.0095)

```

(D,((E,(H,(I,J))), (F,G)),K,L); 46 <- 46 (0.0095)
(D,((E,((F,H),G)), (I,J)),K,L); 102 <- 102 (0.0095)
(D,((E,(I,J)),((F,H),G)),K,L); 86 <- 86 (0.0095)
(D,(((E,(H,(I,J))),G),F),K,L); 27 <- 27 (0.0095)
(D,((E,(F,(H,(I,J))))),G),K,L); 74 <- 74 (0.0095)
(D,((((E,I),H),F),G),J),K,L); 78 <- 78 (0.0095)
(D,((E,F),(G,(H,(I,J))))),K,L); 73 <- 73 (0.0095)
(D,(((E,G),F),(H,(I,J))))),K,L); 36 <- 36 (0.0095)
(D,((E,(F,G)),(H,(I,J))))),K,L); 65 <- 65 (0.0095)
(D,((((E,I),(F,H)),G),J),K,L); 47 <- 47 (0.0095)
(D,((((E,I),H),G),F),J),K,L); 41 <- 41 (0.0095)
(D,((E,(H,I)),((F,J),G)),K,L); 104 <- 104 (0.0095)
(D,((((E,I),H),(F,G)),J),K,L); 75 <- 75 (0.0095)
(D,((((E,I),G),H),(F,J)),K,L); 57 <- 57 (0.0095)
(D,(((E,I),(F,H),G),J),K,L); 20 <- 20 (0.0095)
(D,((E,G),(F,(H,(I,J))))),K,L); 69 <- 69 (0.0095)
(D,((((E,(I,J)),H),G),F),K,L); 53 <- 53 (0.0095)
(D,((((E,(I,J)),H),F),G),K,L); 31 <- 31 (0.0095)

```

au 値の高い順に 8、12、13 番目などの系統樹では E グループと I グループは近縁な関係であることが示されています。これらの au 値は全て 0.05 以上なので棄却することができません。

5.2 E ~ J の枝の信頼集合

枝の信頼集合については次のようになりました。

棄却できないのは 28 個あり、そのうちの 15 個を以下に示しました。

#	0	1	2	9+	10		3	4	5	6	7	8
#	rank	item	obs	au	np		bp	pp	kh	sh	wkh	wsh
#	1	4	-27.8	0.829	0.805		0.802	1.000	0.810	0.998	0.802	0.996
#	2	5	-3.2	0.741	0.283		0.278	0.965	0.602	0.986	0.590	0.990
#	3	8	-6.8	0.716	0.534		0.529	0.999	0.590	0.984	0.590	0.981
#	4	7	-2.3	0.712	0.267		0.263	0.912	0.578	0.988	0.578	0.992
#	5	20	6.8	0.606	0.171		0.168	0.001	0.410	0.933	0.410	0.941
#	6	18	2.3	0.589	0.170		0.163	0.086	0.422	0.975	0.422	0.968
#	7	17	6.8	0.583	0.260		0.261	0.001	0.410	0.929	0.410	0.934
#	8	11	6.8	0.535	0.291		0.293	0.001	0.410	0.927	0.410	0.932
#	9	10	3.2	0.490	0.129		0.126	0.034	0.398	0.974	0.398	0.965

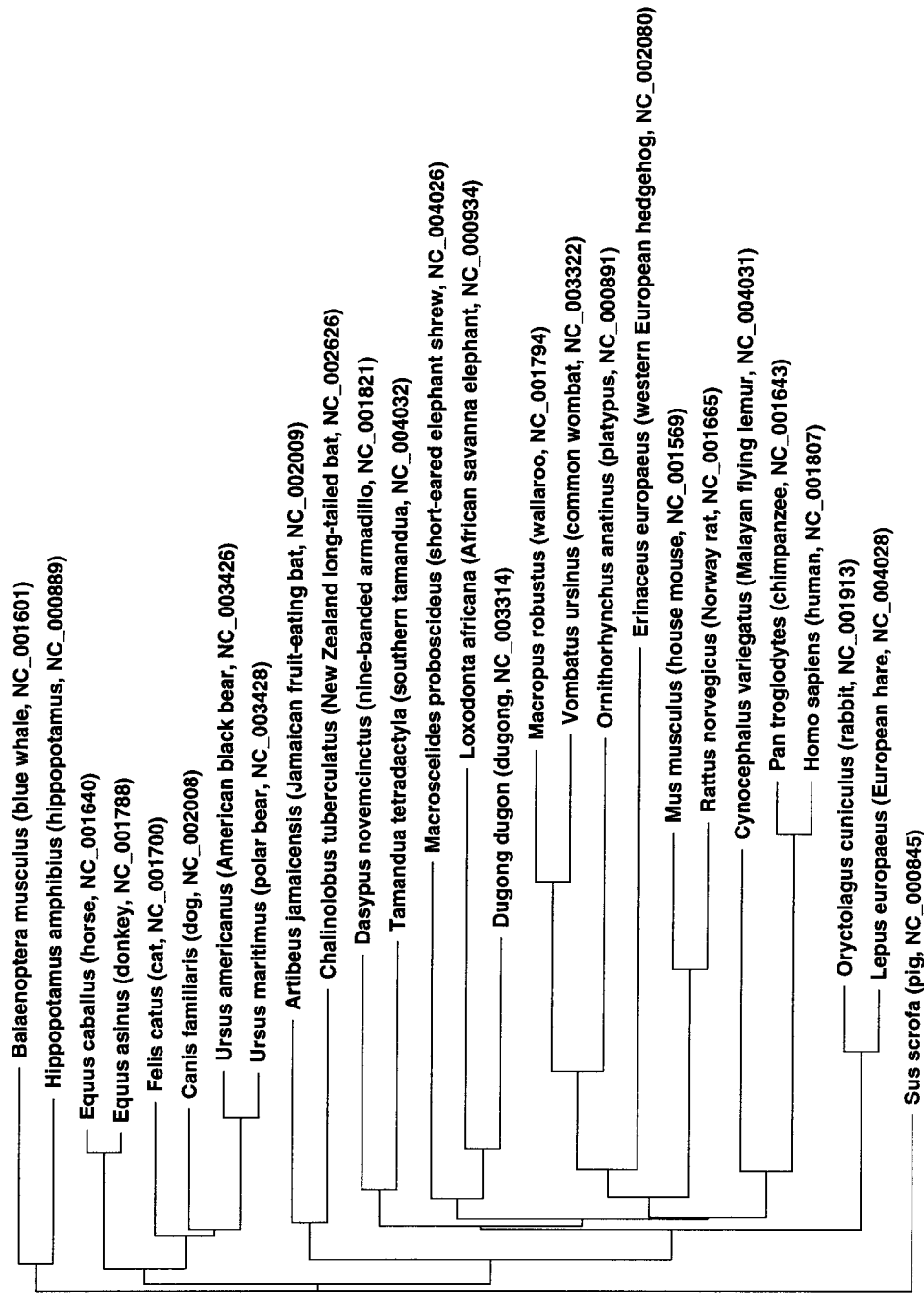
#	10	22	9.8	0.396	0.099		0.099	5e-05	0.357	0.927	0.357	0.935	
#	11	29	11.8	0.376	0.065		0.063	1e-05	0.271	0.922	0.272	0.907	
#	12	40	10.0	0.364	0.063		0.060	4e-05	0.293	0.930	0.281	0.900	
#	13	34	7.2	0.334	0.046		0.047	0.001	0.247	0.953	0.247	0.884	
#	14	14	12.1	0.333	0.047		0.044	5e-06	0.272	0.919	0.272	0.901	
#	15	48	27.8	0.299	0.055		0.058	7e-13	0.190	0.746	0.190	0.780	

4 -----++-----+--- ; (0.2286); (F, J)
 5 -----++++----- ; (0.1810); (E, F, H, I, J)
 8 -----++-----+--- ; (0.1524); (F, H, J)
 7 -----++++----- ; (0.1524); (E, F, H, J)
 20 -----++-----+--- ; (0.0667); (E, G, H, I)
 18 -----++-----+--- ; (0.0762); (E, I)
 17 -----++++----- ; (0.0762); (G, H, I)
 11 -----++++----- ; (0.1429); (H, I)
 10 -----++-----+--- ; (0.1429); (G, I)
 22 -----++++-----+--- ; (0.0667); (E, F, J)
 29 -----++-----+--- ; (0.0571); (E, G, I)
 40 -----++++-----+--- ; (0.0190); (F, G, H, J)
 34 -----++-----+--- ; (0.0381); (F, H, I, J)
 14 -----++-----+--- ; (0.1238); (E, G)
 48 -----++++-----+--- ; (0.0095); (G, I, J)

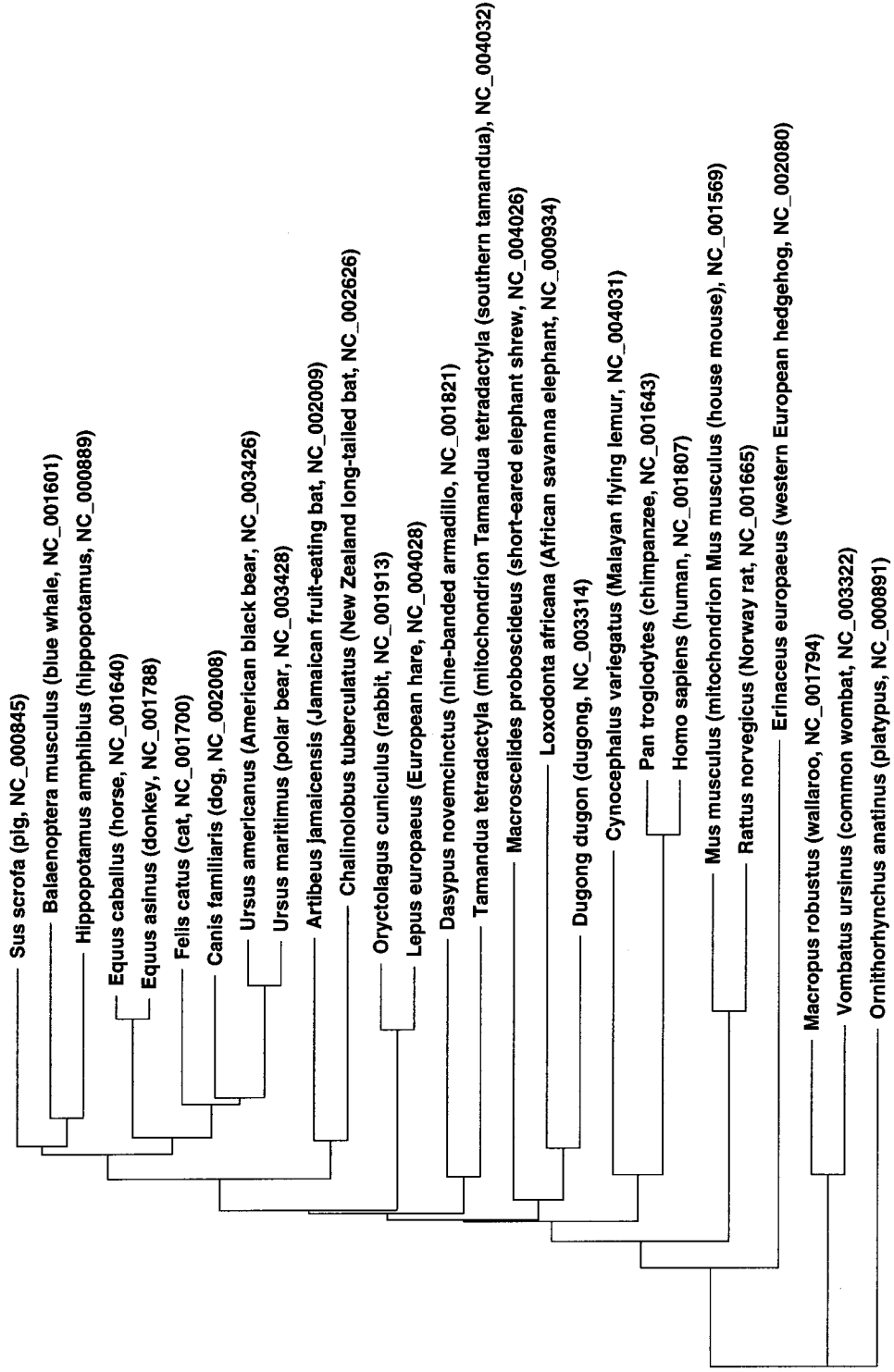
au 値の高い順に見て、(E,I) という枝の信頼集合は 6 番目に入っていることが確認できます。その他にも 2,7,11 番目の信頼集合のように E と I が同時に含まれていて、かつ au 値が 0.05 以上である信頼集合が存在します。

5.3 結果の考察

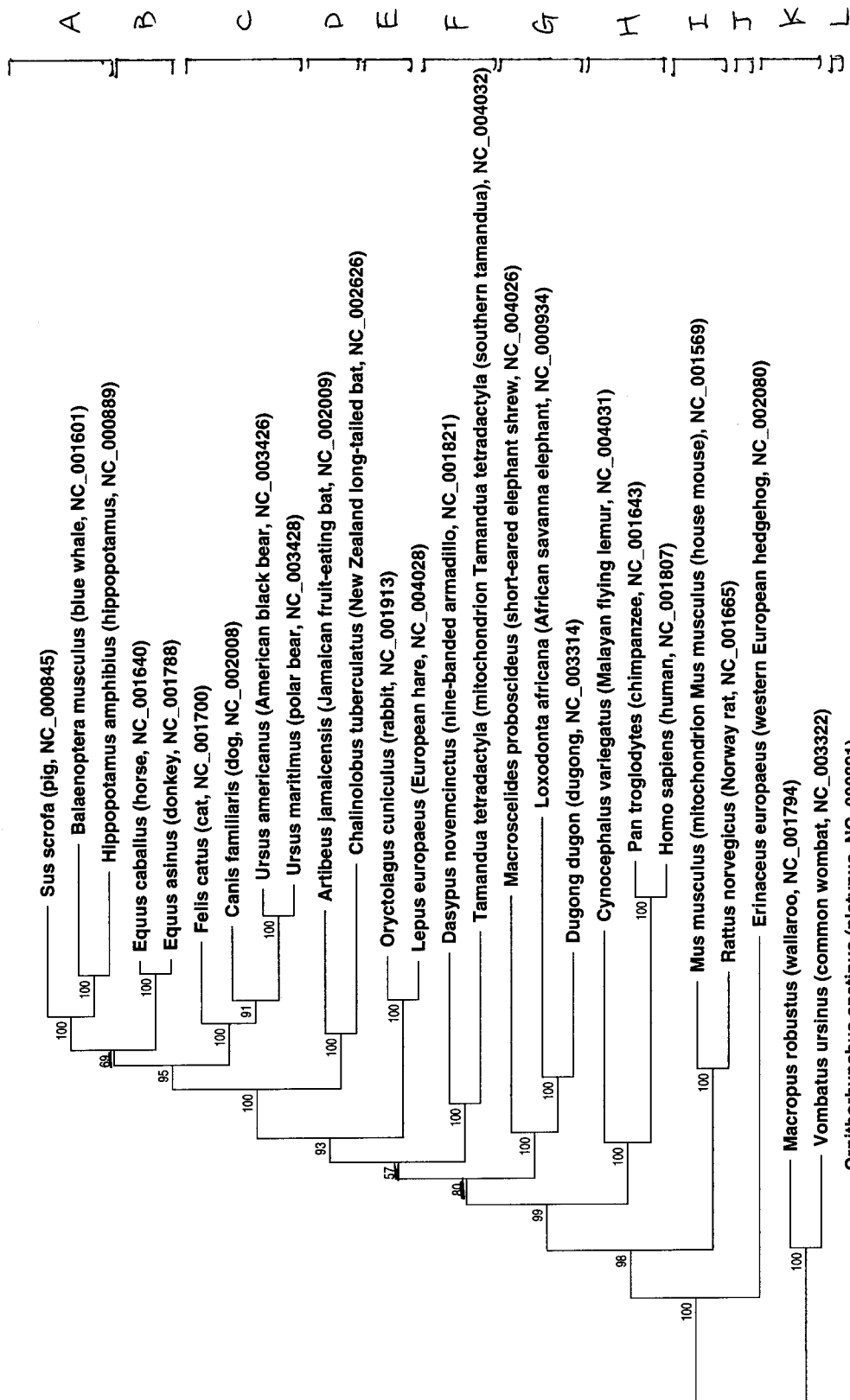
以上から E~J の系統樹の信頼集合、枝の信頼集合のどちらについて考えても、有意水準 5% より大きい各々の信頼集合があることから、「ウサギとネズミは近縁ではない」ということは必ずしも言えないことがわかりました。



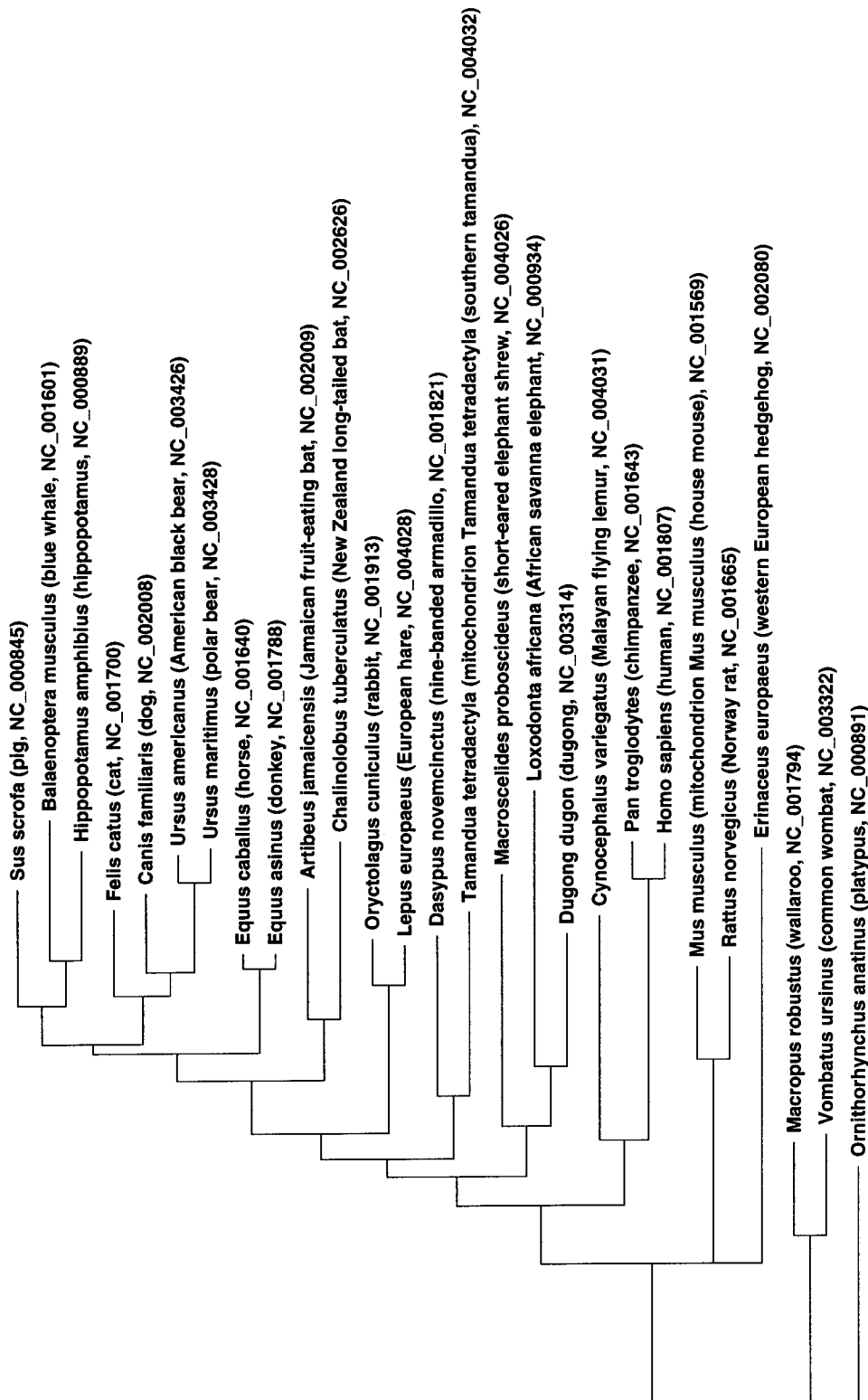
0.1 substitutions/site



0.1 substitutions/site



13



0.1 substitutions/site

4

