

国際シンポジウム
『樹について考える』シンポジウム
大阪、国立民族学博物館 2013年2月10日(日)

講演要旨

【遺伝学におけるツリーモデル】
「進化遺伝学における系統解析」

木村 亮介

(琉球大学亜熱帯島嶼科学超域研究推進機構)

進化遺伝学の分野では、分子の系統を調べることにより、種あるいは集団間の系統関係を推定することに役立ってきた。これまでに、正しい分子系統樹を作成するための方法が開発され、それらは元となるデータの種類(距離行列あるいは塩基配列)や最良の系統樹を選ぶ基準と原理から主に1)最小進化法、2)最節約法、3)最尤法などに整理される。また、無数に存在する可能な系統関係を網羅的に探索することは非効率的であるため、段階的構築を行うアルゴリズムも開発されている。広く用いられている近隣結合法などは、その例である。

しかしながら、個々の遺伝子座において正しい分子系統樹を描けたとしても、正しい集団間の系統関係を反映しない場合が存在する。このような事象を incomplete lineage sorting と呼ぶ。incomplete lineage sorting が観察される場合、正しい集団間の系統関係を得るためには、多数の遺伝子座を調べなければならない。従来のミトコンドリア DNA を用いた解析と比べ、近年の全ゲノムを用いた解析が優れている点は、単に調べている塩基数が多だけでなく、非常に多くの独立した遺伝子座が含まれているからである。

また、系統樹は、系統の分岐を枝として表したものであり、系統間の合流を表すことができない。系統間の合流とは、分子で言えば遺伝子組換えのことであり、集団で言えば遺伝子流動や混血のことである。遺伝子流動や混血が存在する場合において、集団間の系統樹を描こうとすると、系統樹は歪むことになる。それに対して、系統ネットワークは集団間の合流の存在を示す有効な手段となる。しかしながら、集団間の合流を含むとき、無数の可能なデモグラフィモデルから正しいものを探索することは難しく、限られた少数の候補から尤度をもとに最良のモデルを選択することになる。近年の進化遺伝学においては、通常、集団の複雑な歴史を分子から解き明かすために、このようなモデルベースのデモグラフィ解析が採用されている。