

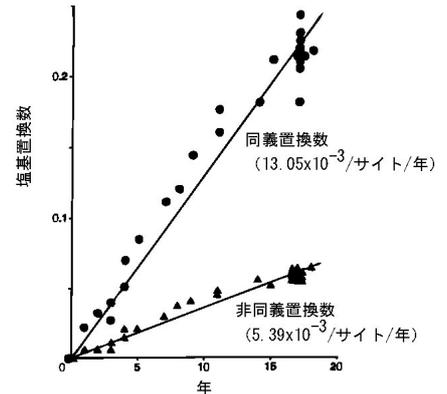
12年度後期分子進化学試験

1. ヒノキ科樹木4種である遺伝子の配列を決め、次のような距離行列 (distance matrix) を得た。この行列を使ってUPGMA法により4種の系統関係を推定しなさい。どのようにして推定したかも書くこと。

	スギ	ヒノキ	ヌマスギ	アスナロ
スギ		0.35	0.10	0.36
ヒノキ			0.37	0.20
ヌマスギ				0.36
アスナロ				

2. 分子進化の中立説 (以下で中立説と呼ぶ) に関する次の問いに答えなさい。

- (1) 中立説とはどのような仮説か。簡単に説明しなさい。
- (2) 中立説は最初どのような理由から提唱されたか説明しなさい。
- (3) 右図を使って中立説の予測について議論しなさい。
- (4) どのような観察結果を得れば、その遺伝子は中立的進化していないと言えるか。例を挙げて説明しなさい。



3. Jukes-Cantor モデルを仮定し、あるサイトでのデータ (T, T, T) が得られた時の下の系統樹の尤度を、下の式を参考にして計算しなさい。

$$h(i, j, k) = \sum_x Q_x P_{xk}(t_1 + t_2) \sum_z P_{xy}(t_1) P_{yi}(t_2) P_{yj}(t_2)$$

JC

$$p_{ij}(t) = \begin{cases} \frac{1}{4} + \frac{3}{4}e^{-4\lambda t} & (i = j) \\ \frac{1}{4}(1 - e^{-4\lambda t}) & (i \neq j) \end{cases}$$

4. ある生物種集団から4個体をサンプルし、それぞれのサンプルから特定領域のDNA配列を決定し、次のようなアラインメントを得た。number of segregating sites S_n , the average pairwise differences k , nucleotide diversity π , Tajima's D の分子 ($k - S_n/a$) を求めなさい。但し・はサンプル1と同じ塩基を示す。

```

サンプル1      A T T C C G A A T G
サンプル2      . . . . . T . . . . C
サンプル3      . . G . . T . . . . C
サンプル4      G . . . . . T . .
    
```

5. サイズが N の二倍体任意交配集団から中立遺伝子座の二つの遺伝子をサンプルした。

- (1) 二つの遺伝子が t 世代前に共通祖先を持つ確率を求めなさい。
- (2) この二つの遺伝子が共通祖先を持つまでの平均世代数は $2N$ である。これを示しなさい。
- (3) 突然変異が起こると全く新しい対立遺伝子になるとする (無限対立遺伝子モデル)。また1代あたりの突然変異率を u とする。サンプルした二遺伝子が同じ遺伝子である確率を求めなさい。

6. データ t_1, t_2, \dots, t_n が独立に平均 $1/\lambda$ の指数分布 (下式) で分布しているとする。

$$T \sim \lambda \exp[-\lambda t] \quad (\lambda, t \geq 0)$$

- (1) このデータから λ の最尤推定量を求めなさい。
- (2) λ の事前分布が平均が $1/a$ の指数分布だったとする。 $n=1$ のデータ (t_1) を得た時の事後分布を求めなさい。
- (3) λ の事前分布が平均が $1/a$ の指数分布だったとする ($a \geq 0$)。 n 個のデータ (t_1, t_2, \dots, t_n) を得た時の事後分布を求めなさい。(ヒント: $\lim_{\lambda \rightarrow \infty} \lambda^n \exp[-\lambda t] = 0$ である)