分子物种定界研究取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/5116.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

分子物种定界研究取得进展。近日，中国科学院数学与系统科学研究院科研人员在分子物种定界方面取得新进展，其成果发表在生物系统学杂志Systematic Biology上。该项工作与加州大学戴维斯分校、西雅图大学合作完成，数学院博士朱天琪和海外科学家杨子恒分别是第一作者和通讯作者。

物种定界是分类学最基本的问题，基于贝叶斯模型选择方法的BPP软件是最为广泛使用的分子物种定界软件。一些对贝叶斯物种定界的模拟研究认为BPP软件检测到的是群体分化而非物种分化，并且当分析多基因数据时，该软件倾向于过度定界，即过度划分物种。

数学院科研团队通过数学推导确认了这一结论。他们的研究指出，在延迟物种分化模型(protracted speciation model,PSM)中，物种分化和群体分化之间的差异并不会影响到基因树和数据的产生，所以依赖这样的数据进行分析是无法区分物种分化和群体分化的。同时，他们指出，由于延迟物种分化模型假设物种分化瞬时完成，这与自然界大多数的成种过程相悖，因而是不合理的进化模型。通过模拟研究，他们确认了当存在基因流的情况下，随着数据中基因个数增加，BPP软件更倾向于检测出物种分化，即认为群体是独立物种。

此外，科研人员对最近提出的用于进行物种定界的经验谱系分化指数(gdi)进行了讨论。在计算gdi时，需要进行参数估计。研究指出，BPP所使用的基于全似然方法的参数估计比PHRAPL使用的近似估计方法得到的结果可靠得多。在进行分子物种定界时，可以使用贝叶斯模型选择方法和参数估计方法。同时，研究也指出，贝叶斯模型选择方法适合于分析同域模式形成的物种和隐藏物种，而使用经验准则的参数估计方法更适合于分析异域模式形成的物种。

论文信息：Leache AD, Zhu T, Rannala B, Yang Z. 2019.The spectre of too many species.SystBiol. 68: 168-181.

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发