
动物所在物种进化历史分歧时间估算方法研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/5350.html>

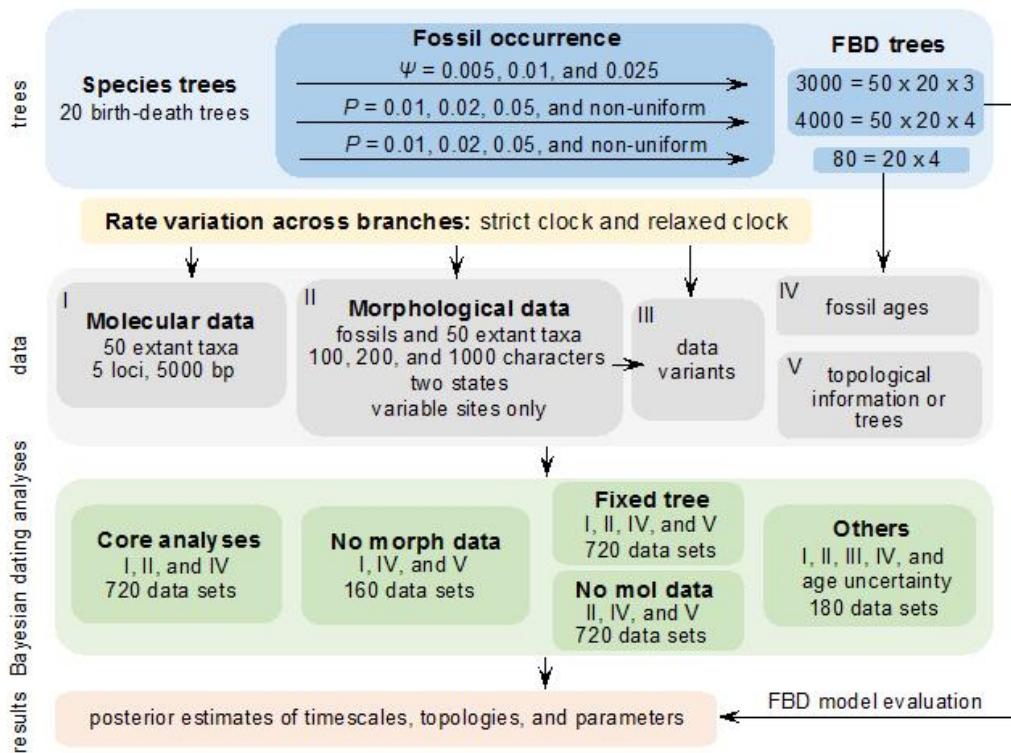
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

动物所在物种进化历史分歧时间估算方法研究中取得进展。物种分歧时间估算一直是生命之树(Tree of Life)进化历史研究中具挑战性的热点工作。分析过程通常涉及：核苷酸序列数据的系统发育分析;在重建的系统发育树的基础上，基于化石信息校准内部节点时点区间。在现有的绝大多数利用基因或基因组数据开展的工作中，来自化石或生物地质事件的外在时间校准信息多由研究者直接赋予某具体的进化树内部节点，存在一定的主观性。同时，校准信息的具体时间统计分布往往不容易确定，但又对分析结果具有重要影响。另一种方法是贝叶斯整合定年，对现生类群的分子数据和现生化石类群形态学数据联合分析。该思路诱人的部分原因在于化石的生灭过程，该过程为系统发育树拓扑和节点时间先验提供了谱系多样化的模型。旨在克服校准信息等诸多弊端的tip-dating方法，则将化石样品和现生物种同时作为进化树枝端信息进行分析。

自Ronquist Fredrik等2012年正式提出以来，贝叶斯整合推断分歧时间方法得到了学界的高度关注，已经被应用到鸟类、鱼类、哺乳动物和植物等的进化历史研究中。然而，整合证据定年面临许多挑战，特别是化石取样和形态特征进化模型相关的挑战;其具体分析功效也受到一些质疑，如容易推算更加古老的历史时间。因此，中国科学院朱朝东研究组成员在已有生命之树工作基础上，加强与国内外同行合作，模拟基因和形态特征数据对tip-dating展开了系统评估。

研究发现：相比进化速率和形态特征数据大小等因素，化石发生概率对进化树拓扑结构和历史时间估算的影响更为显著，其决定了tip-dating分析中化石的数目和化石所能提供时间信息的最大值;tip-dating可以很好地重构现生物种的进化拓扑结构，但是化石样品的进化位置在结果中呈现出很多不确定性;该方法可以比较准确地估算重要历史时间点如树根时间点(root age)和现生物种祖先时间点(crown age)，并且其精确性随化石发生概率增加而增加。与核心分析结果相比，排除形态特征导致节点时间略微过高，而排除核苷酸序列对树形拓扑的推断具有负面影响。总的来说，该结果提供了整合证据定年表现的详细视图，这将有助于进一步发展该方法，并应用于进化生物学中关键问题的研究工作中。

这一研究结果以A simulation-based evaluation of tip-dating under the fossilized birth-death process为题为于5月28日被Systematic Biology杂志在线发表。因其对相关领域的重要性，即揭示了tip-dating用于物种进化历史研究的功效和其后续可能的发展方向，在评审过程中获得了编辑和三位审稿人的一致高度评价。朱朝东研究组博士罗阿蓉作为第一作者主要实施并完成了该研究工作。该研究得到中科院先导专项、中科院青年创新促进会和国家自然科学基金等的持续资助。



图示数据模拟与分析流程

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](https://www.iikx.com)转发