

利用DNA序列构建系统树的方法介绍Introduction to the Methods of Constructing Phylogenetic Trees with DNA sequences

李涛 赖旭龙¹ 钟扬² LI Tao¹, LAI Xu-long¹, ZHONG Yang²

1.中国地质大学地球科学学院,武汉430074; 2.复旦大学生命科学学院,上海 200433 1.Faculty of Earth Sciences,China University of Geosciences,Wuhan 430074,China;2.School of Life Sciences, Fudan University ,Shanghai 200433,China

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要

利用DNA序列进行系统发生分析是分子进化研究的必要手段。构建系统树的方法有距离法、简约法、最大似然法以及贝叶斯推断法等。要解决特定的系统发生问题,首先要挑选合理的分类群及序列,尽量减少数据的偏倚,然后选择构树方法,最后还要对结果进行评价并给出进化学上的解释。本文讨论了挑选数据的原则及存在的问题,介绍了几种构树方法的基本原理及步骤,并列举了它们的优缺点。Abstract: Construction of phylogenetic trees is a key means in molecular evolutionary studies. The methods of constructing phylogenetic trees include the distance-based methods, parsimony, maximum likelihood, and Bayesian inference methods. To resolve a special problem about phylogeny, several notices are necessary: first, to select the reasonable data at less bias as possible; second, to choose the proper method to reconstruct phylogenetic tree; third, to evaluate the conclusions and explain them on the field of evolution. The present paper provides a brief introduction of the principles of data selection and tree-construction methods, and discusses about their advantage and disadvantage points.

关键词 [系统树](#) [距离法](#) [简约法](#) [最大似然法](#) [贝叶斯推断法](#) Key words [Phylogenetic Tree](#) [Distance-based Method](#) [Parsimony](#) [Maximum Likelihood](#) [Bayesian Inference](#)

分类号

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(0KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [复制索引](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“系统树”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [李涛 赖旭龙 钟扬LI Tao](#)
- [LAI Xu-long](#)
- [ZHONG Yang](#)

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者