

# R编程与进化分析

## 内容与目标

张金龙

[jinlongzhang01@gmail.com](mailto:jinlongzhang01@gmail.com)

2016年5月9日 北京

# 目录

- 1 进化树之后要回答的问题
- 2 本领域主要学者
- 3 掌握CRAN Task View上的工具
- 4 学习目标

# 进化树能帮我们回答哪些问题？

- 1. 分类单元之间的系统发育关系
- 2. 物种的形成速率受什么影响？ 如类群的古老程度, 类群的丰富度, 类群所处的纬度, 类群的特殊生境。
- 3. 物种形成速率和灭绝速率在历史上发生过哪些变化？
- 4. 物种的进化历史越独特, 越应该受到保护吗？
- 5. 相近的物种有相似的性状吗？ 有相似的习性吗？

# 进化树能帮我们回答哪些问题？

- 6. 如果已知某一分支的性状， 是否能够了解其祖先的性状？
- 7. 物种的适应性是如何进化的？
- 8. 已知物种的当前分布区， 如何获得其祖先分布区？
- 9. 群落内物种的组成是随机的， 还是由于对生境的偏好造成的？

# 系统发育比较分析的主要学者

- M. Donoghue, L. Harmon,
- A. Purvis, A. Rambaut
- D. Sluter, J. Weir
- R. E. Ricklefs
- J. J. Wiens
- R. A. Pyron
- J. Losos, W. Jetz J.L. Gittleman

# 系统发育比较分析的主要学者

- T. Garland, S. Blomberg
- D. Ackerly, Cam Webb
- J. Felsenstein
- D. Maddison & W. Maddison
- N. Swenson, N. Kraft, Marc Cadotte
- R. Freckleton, M. Pagel, E. Paradis
- D. Rabosky, R. FitzJohn
- R. Ree, S. Smith

# R CRAN Task Views 的内容 I

- 基于序列或者植物名录建立进化树 Phylogenetic Inference
- 进化树导入R Getting trees into R
- 进化树基本调整 Utility functions: eg. resolving/ladderize
- 进化树的基本操作 Tree Manipulation
- 进化树绘制 Tree Plotting and Visualization
- 祖先状态重建 Ancestral state reconstruction
- 物种分化分析 Diversification Analysis
- 分子钟 Divergence Times
- 进化树的模拟 Tree Simulations

## R CRAN Task Views 的内容 II

- 性状进化 Trait evolution
- 性状模拟 Trait Simulations
- 群落系统发育 Community/Microbial Ecology
- 气候适应性进化 Phyloclimatic Modeling
- 重建祖先分布区 Phylogeography/Biogeography
- 物种与种群的界定与模拟 Species/Population Delimitation
- Taxonomy



# 本课程能学到什么？

- 搭建开发平台：R程序包的维护，CRAN, R-forge, Github, Bioconductor, 版本控制 git
- R语言的基本用法，对象，编写函数
- 文本处理与大数据，正则表达式
- S3 与 S4, Rcpp与其他语言混合编程
- R编程的习惯
- 建立进化树，与分子钟校对
- 进化树读取以及基本操作: ape

# 本课程能学到什么？

- ① R绘图基础，以及绘制进化树 ape, ggplot2, ggtree
- ② 系统发育比较分析的基本原理
  - ▶ 极大似然分析
  - ▶ 贝叶斯推断
  - ▶ 数值优化方法
  - ▶ 随机化零模型
  - ▶ 模型选择
  - ▶ Bootstrap

# 本课程能学到什么？

- 系统发育多样性与进化独特性
- 群落系统发育 Phylomatic, Phylocom , picante
- 分化速率与灭绝速率推断, diversitree, laser, geiger, MEDUSA