

# r8s 使用指南

## *r8s version 1.71*

Analysis of rates ("r8s") of evolution

programmed by

Mike Sanderson

中国科学院植物研究所

张金龙 编译

[zhangjl@ibcas.ac.cn](mailto:zhangjl@ibcas.ac.cn)

# 前 言

r8s 是美国加利福尼亚大学戴维斯分校的进化生物学家 Mike Sanderson 编写的用于估算进化树分化时间的软件，在进化生物学、分子生物地理学等学科有着广泛的应用，已经成为估算分化时间不可或缺的软件之一。该软件中的一些方法如 NPRS 和 PL 是软件作者最先提出的，目前在同类的其他软件中还难以实现。R8s 的运行平台为 MacOS 和 Linux，在国内应用的还不多，也难以找到中文的练习资料和说明。本文基于当前版本 r8s 1.7.1，参照其说明书，介绍该软件在 Linux 下的安装和操作，并对其模块的功能和选项进行简要的说明。

译者 于北京香山  
2010 年 1 月 23 日

# 目 录

一 r8s 下载与安装.....	1
下载 .....	1
安装 .....	1
1 在 MacOS 上 .....	1
2 在 Linux 上 (以 Ubuntu 9.0 为例) .....	1
(1) 下载源程序.....	1
(2) 解压缩.....	1
(3) 源代码的编译.....	1
注: g77 编译器的安装.....	1
3 Windows 用户 .....	2
二 程序运行 .....	2
1 在 Linux 中(Ubuntu linux 或 PHYLIS) .....	2
2 在 WindowXP 中运行.....	3
程序运行模式 .....	3
1 交互模式 .....	3
2 批处理模式.....	3
三 命令行说明 .....	4
blformat 命令: 进化树的基本信息.....	4
mrca 命令 为节点定名.....	5
fixage 命令: 设定节点的分化时间 .....	5
constrain 命令: 限定节点的分化时间.....	5
divtime 命令 分化时间估算.....	5
showage 显示分化时间和分化速率: .....	6
describe 显示进化树及树的说明 .....	6
set 命令 .....	7
calibrate 时间校对 .....	7
profile 从多个树中提取某个节点的信息.....	7
rrlike 检验进化速率.....	7
四 数据处理过程中的建议.....	7
关于进化模型的说明 .....	7
局部进化时间模型 localmodel.....	7
对于获得时间的建议 .....	8
关于时间估算的 bootstrap 的方法.....	8
改错 .....	8
五 实例分析 .....	8
附录 命令参考 .....	11
blformat .....	11
calibrate .....	11
cleartrees .....	11
collapse .....	11
constrain.....	11
describe .....	11

divtime.....	11
execute.....	12
fixage.....	12
localmodel .....	12
mrca.....	12
profile.....	12
prune .....	12
quit.....	12
reroot .....	12
rrlike .....	12
set .....	12
showage.....	13
unfixage .....	13
mrp.....	13
bd .....	14

# 一 r8s 下载与安装

## 下载

r8s 的下载网址 <http://loco.biosci.arizona.edu/r8s/>  
<http://loco.biosci.arizona.edu.sixxs.org/r8s/r8s1.71.dist.tar.Z>

## 安装

### 1 在 MacOS 上

在 MacOS 上运行，在 UNIX shell 中运行已经编译好的可执行文件即可。

### 2 在 Linux 上（以 Ubuntu 9.0 为例）

#### (1) 下载源程序

将 r8s 软件的源代码下载到本地，如存放在“下载”文件夹中  
源代码网址为 <http://loco.biosci.arizona.edu/r8s>

#### (2) 解压缩

在 Linux 终端键入“ cd 下载/”，  
uncompress r8s1.71.dist.tar.Z  
tar xvf r8s1.71.dist.tar  
此时，出现了 r8s1.71 目录，该目录下有四个子目录，分别为 bin, doc, sample, src，  
其中 src 为需要编译的源代码。

#### (3) 源代码的编译

键入如下命令

```
cd r8s1.71/src/  
make  
即可完成 r8s 的编译。
```

编译过程需要用到 gcc 和 g77 编译器，一般情况下，系统均已经安装了 gcc 编译器，若没有安装，则可键入

```
sudo apt-get install build-essential
```

#### 注：g77 编译器的安装

如果在编译过程中出现找不到 g77，则表明没有安装 g77 编译器，安装 g77 编译器的方法：

(1) 将如下地址粘贴到源 /etc/apt/sources.list

```
deb http://hu.archive.ubuntu.com/ubuntu/ hardy universe  
deb-src http://hu.archive.ubuntu.com/ubuntu/ hardy universe  
deb http://hu.archive.ubuntu.com/ubuntu/ hardy-updates universe  
deb-src http://hu.archive.ubuntu.com/ubuntu/ hardy-updates universe
```

(2) 键入如下命令，安装 g77 编译器

```
sudo aptitude update  
sudo aptitude install g77
```

在整个安装过程，需要保证电脑联网。

备注 Phylis 是基于 Ubuntu8.0 的一个操作系统，已经配置好大量系统发育相关软件的操作系统（参见 [www.eve.ucdavis.edu/rcthomson/phyllis/](http://www.eve.ucdavis.edu/rcthomson/phyllis/)）中，r8s 也已经编译为可执行文件，直接在终端输入 r8s 即可运行。

## 3 Windows 用户

：已经有网友（参见 <http://bbs.bioon.com/bbs/archiver/tid-300674.html>）将源代码编译为 exe 文件，该文件可在 DOS 下运行，使用方法与在 MacOS 和 Linux 中类似。

如果想输入 r8s 即运行该程序，则应该做如下配置：

假设已经将 r8s.exe 文件拷贝到 c:\r8s\ 文件夹下

则按照以下路径 我的电脑>鼠标右键>属性>高级>环境变量>系统变量>

在变量值一栏中加入 “;c:\r8s\”（不带引号），确定。

在开始>所有程序>附件>命令提示符>

或者开始>运行 输入 cmd，待出现命令提示符界面之后，输入 r8s 即可运行该程序。

但该程序的 Windows 版本的稳定性还有待测试。

## 二 程序运行

在不同系统中运行

### 1 在 Linux 中(Ubuntu linux 或 PHYLIS)

menu>Accessories>Terminal

假设要处理的文件存储在 Documents 文件夹中，则相应的运行命令为：

```
cd Documents
```

```
r8s -b -f nnn.nex>nnn.out
```

批处理模式，将计算结果保存到 nnn.out 文件中

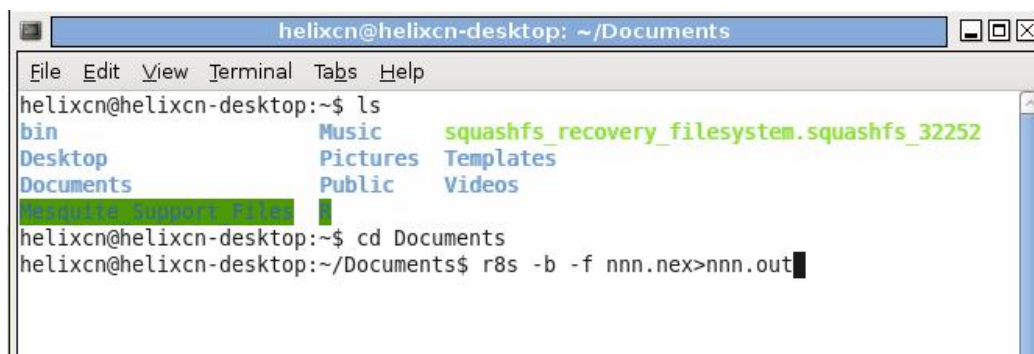


图 1 PHYLIS 系统的中运行 r8s

## 2 在 WindowXP 中运行

假设要处理的文件为 `nnn.nex`, 存储在 `C:\r8s\` 文件夹下, 则相应的运行命令为:

开始>运行>`cmd`>

```
cd C:\r8s\
```

```
r8s -b -f nnn.nex>nnn.out.txt
```

批处理模式, 将计算结果保存到 `nnn.out.txt` 文件中

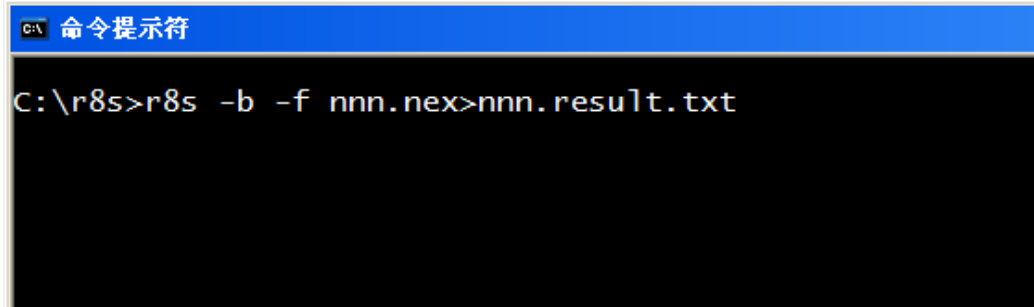


图 2 cmd 中运行 r8s (Windows XP)

## 程序运行模式

R8s 可以逐行输入命令 (交互模式), 也可以以批处理的方式运行。由于批处理模式较为方便, 因此建议以批处理模式运算 (图 1, 2)

(1) 交互模式, 输入 `r8s`, 即可进入 `r8s` 程序, 逐条输入命令, 进行相应的计算。

(2) 批处理模式 首先是在要处理的 `nexus` 格式的系统树后面加上 `r8s` 的模块, 即一系列 `r8s` 的命令及其选项, 再用 `r8s -b -f datafile` 调用文件的格式

### 1 交互模式

例如, 现在有一个 `mmm.nex` 的文件, 内容如下:

该 `nex` 文件中至少应该有一个带有枝长的系统树, 该文件应该以 `#nexus` 开始, 进化树部分以 `begin trees` 开始, 以 `end` 结束。

```
#nexus
begin trees;
tree bob = (a:12,(b:10,c:2):4);
end;
```

相应的运行命令为 `r8s -f mmm.nex`, 进入交互模式。

### 2 批处理模式

批处理模式下, `mmm.nex` 文件除了带有系统树模块之外, 还应该有一个 `r8s` 模块, 该模块以 `begin r8s` 开始, 以 `end` 结束, 其间包含 `r8s` 的多行命令及参数设置。

```
#nexus
begin trees;
```

```

tree bob = (a:12,(b:10,c:2):4);
end;

begin r8s;
blformat lengths=total nsites=100 ultrametric=no;
set smoothing=100;
divtime method=pl;
end;

```

批处理文件的运行方式 `r8s -b -f mmm.nex`

## 三 命令行说明

估算分化时间的 `r8s` 的模块通常需要包括各参数的设定  
以 `begin r8s` 开始，以 `end` 结束，其间按照顺序包括如下命令：

<b>blformat</b>	描述进化树的基本信息
<b>collapse</b>	如果树内部有多分枝结构，则需增加此条命令
<b>prune</b>	排除某些分类单元，例如系统关系很远的外类群，或枝长为 0 的类群等
<b>mrca</b>	指定两个分类单元的最近共同祖先
<b>fixage</b>	固定最近共同祖先的分化时间
<b>constrain</b>	限定表定点时间上下限
<b>set</b>	设置计算分化时间的参数
<b>divtime</b>	选定一定的算法计算分化时间
<b>describe</b>	描述修匀结果
<b>showage</b>	显示分歧时间

以下分别介绍各模块的功能及设定参数的注意事项：

### **blformat** 命令：进化树的基本信息

在 `r8s` 中第一行命令需要给出树的一些基本信息，命令如下：

用法：`blformat lengths=total|persite nsites=nnnn ultrametric=no|yes round=no|yes;`

各选项介绍如下：

#### (1) **lengths** 选项 描述进化树长度的单位。

- ①对于简约法给出的进化树，应该选用 `total`，因为简约法给出的结果是碱基替换的个数。
- ②对于极大似然法给出的进化树，应该用 `persite`，因为极大似然法给出的结果是期望的碱基替代数。

#### (2) **nsites** 选项 表示在进化分析中用到的碱基位点数

#### (3) **ultrametric** 选项 表示该进化树是否经过了校正。

如果设定为 `yes`，则直接给出树的进化时间，而不对内部进行任何更改。如果要校对，则应该用 `calibrate` 命令。如果不想对 `ultrametric` 的进化树的分化时间全部重新估算，应



该设定其为 yes.

#### (4) **round** 选项 对枝长信息四舍五入

该参数应该只针对 nonultrametric 树, 因为已经为 ultrametric 的树, 枝长经过四舍五入之后会转变为 not truly ultrametric. round 选项将每个分枝上的替换数转换为整数。如果用户自己提供了已经校对时间的进化树, chronograms, 需要设定: round=no.

blformat 命令需要在计算 divergence time/rates analysis之前运行。

#### **mrca** 命令 为节点定名

mrca 是 (most recent common ancestor) 的缩写, 该命令可以命名两个至多个类群的最近祖先例如, 现有进化树名为 betty

用法: tree betty=(a,(b,c));

欲标记 a, b 的共同祖先, 则只需键入命令

用法: mrca boop a b

#### **fixage** 命令: 设定节点的分化时间

一般说来, 需要设定树中某些节点的分化时间 (一个至多个), 才能进一步计算未知节点的分化时间。用设定精确的分化时间的方法为:

用法: fixage taxon=angio age=150;

unfixage taxon=angio;

#### **constrain** 命令: 限定节点的分化时间

给出分化时间的上下限:

用法: constrain taxon=node1 min\_age=100;

constrain taxon=node2 min\_age=200 max\_age=300;

解除上下限:

用法: constrain taxon=node1 min\_age=none;

constrain remove=all;

#### **divtime** 命令 分化时间估算

依照设定好的分化时间, 对未知节点的分化时间进行估算, 用法如下:

用法: divtime method=LF|NPRS|PL algorithm=POWELL|TN|QNEWT;

#### **method** 选项

##### 分化时间估算的方式

(1) **lf** Langley-Fitch 法 . The Langley-Fitch method

设定不同进化速率的数目

(2) **NPRS** 非参数速率平滑法 NPRS 法.

(Nonparametric rate smoothing) a least squares smoothing of local estimates of substitution rates

最优化的标准 sum of squared differences in local rate estimates compared from branch to neighboring branch.

(3) **PL** 罚分似然法 PL method.

(Penalized likelihood) Roughness, 如果各枝长的变化速率差异很大, 则 smoothing 的值应

该取的很小；如果各枝长的变化速率差异很小，则smoothing的值应该取的很大。

用法: `set penalty=log or set penalty=add;`

### 算法:

在NPRS或 local clock mode之外, 作者推荐 TN 算法.

#### (1) Powell 法.

Multidimensional optimization 但是没有quasi-newton methods (QNEWT)运行的快, 可信度也低一些。对于NPRS和PL, Powell算法可能会过早收敛于目标函数的平面上, 或者只找到局部的最优解。建议在以几种从几种不同的情况开始。

#### (2) TN 法 truncated Newton method

对于LF 和 PL,这是最好的算法。

#### (3) Qnewt 法 Quasi-newton methods

Qnewt只对LF 和 PL有作用. 对给出时间上下限的分化时间估算, 一般用Powell 或 TN 法。

### crosssv 选项 基于化石的进化树校正

用法: `divtime crosssv=yes fossilconstrained=yes ...;`

对于第k个节点, 校验的过程如下:

- (1) 解除时间限制
- (2) 对进化树的分化时间和分化速率进行整体的估计
- (3) 如果估算出的k节点的年龄与限制时间有差异, 计算其差异的程度
- (4) 计算研究的每个节点与限制时间的差异

用法: `divtime crosssv=yes fossilfixed=yes ...;`

对于基于fixed age的进化树, 其节点k

- (1) 解除设定的时间
- (2) 对整个树的时间和速率进行估计
- (3) 计算重新估算的k值与原始设定值的差异
- (4) 分析每个研究节点重新估算值与原始设定值的差异

### showage 显示分化时间和分化速率:

用法: `showage shownamed=yes;`

显示用mrca命名的节点

### describe 显示进化树及树的说明

用法: `describe plot=cladogram | phylogram | chronogram | ratogram | chrono_description | phylo_description | rato_description|node_info;`

前四个选项给出ASCII文本格式的树

- (1) cladogram 仅有拓扑结构
- (2) phylogram 各分枝长度表示碱基替换数
- (3) chronogram 各分枝长度表示时间
- (4) ratogram 表示绝对速率

而接下来的三个, 给出相应的nexus格式的树:

- (5) `chrono_description` 枝长是持续的时间长度
- (6) `phylo_description` 枝长是替换率的估计值
- (7) `rato_description` 估计的单位时间单位位点的变化速率
- (8) `node_info` 给出进化树中每个节点的信息
- (9) `plotwidth=k`; 设定树的显示宽度。

### **set 命令**

设定各参数

#### **calibrate 时间校对**

必须在给出的进化树为ultrametric的情况下，才能使用本命令。

用法: `calibrate taxon=nodename age=x;`

给定了某个节点的分化时间，所有节点的分化时间全部参考已知时间校正。

用法: `calibrate taxon=nodename age=x;`

当从其他程序导入ultrametric树时，(`blformat ultrametric=yes`),

#### **profile 从多个树中提取某个节点的信息**

用法: `profile taxon=nodename parameter=length|age|rate;`

#### **rrlike 检验进化速率**

检验同一祖先的两个或多个分支类群是否按照相同的速率进化?

用法: `rrlike taxon=node_name;`

## 四 数据处理过程中的建议

### 关于进化模型的说明

The approach taken in r8s is to simplify the complexities of the standard Markov formulation, but increase the complexity of models of rate variation between branches. This is an approximation, but all models are.

```
set rates=equal|gamma shape= ;
```

通常情况下，`rates` 设定为`equal`即可，已经可以得到很好的结果。

```
set rates=equal  
algorithm=powell
```

### 局部进化时间模型 `localmodel`

```
localmodel taxon=bob stem=yes rateindex=1;  
divtime method=lf nrates=k;
```

Estimating absolute rates alone.

```
fixage taxon=all;  
set smoothing=500;  
divtime method=pl algorithm=qnewt;
```

## 对于获得时间的建议

PAUP\*中进化树的保存

1 保存进化树为 ALTNEXUS格式，以保证分类单元名称完好的保存。

2 PAUP\*默认保存的树为unrooted，但是r8s需要有根树。

prune 去除外类群？

## 关于时间估算的 bootstrap 的方法

(1) 用phylip 生成一定数量的有放回的抽取的序列(如1000棵)

(2) 转化成NEXUS格式

(3) 每个分别用ModelTest 筛选，用PAUP\*建树

(4) 每棵树后面添加r8s block，

(5) 分别运行每个nexus文件

(6) 用profile 提取每个节点的时间信息。

## 改错

对于LF和PL法估计分化时间，作者推荐TN算法

# 五 实例分析

以下进化树为，将以下内容粘贴到记事本中，并另存为 nex 文件，作为 r8s 的练习。

```
#nexus  
begin trees;  
tree Asterids6sequences =  
(((Cornus:0.033344,Grubbia:0.036720)HironoiaFossil:0.002779,Loasa  
:0.050486):0.007297,((((((((Actinidia:0.027475,Roridula:0.064030)  
SaurauiaFossil:0.008572,(Clethra:0.021295,Cyrilla:0.046044):0.003  
872):0.005097,(Camellia:0.021850,Schima:0.016938):0.010644,(Hal  
esia:0.013596,Styrax:0.032164):0.019832,Symplocos:0.047587):0.001  
631):0.001024):0.000972,(Pentaphylax:0.025918,Ternstroemia:0.015  
396)EuryaFossil:0.007122,Sladenia:0.037020):0.002730):0.000212,((  
Barringtonia:0.055177,Diospyros:0.032376):0.002849,(Manilkara:0.0  
34126,((Myrsine:0.031627,Primula:0.056810):0.024355,Theophrasta:0
```

.056845):0.037045):0.002338):0.000843):0.000435,(Fouquieria:0.027071,Polemonium:0.081346):0.005239):0.007882,((Impatiens:0.083922,(Pelliciera:0.040265,Tetramerista:0.025141):0.012394):0.003428,Marcgravia:0.020516):0.048613):0.019181,((((((Brunia:0.053312,(Columellia:0.047898,Desfontainia:0.033550):0.029574):0.001410,((((((A cicarpha:0.011488,Boopis:0.015587):0.013311,Helianthus:0.045257):0.006027,Scaevola:0.093022):0.025051,Menyanthes:0.022324):0.006260,((Alseuosmia:0.041692,Phelline:0.021791):0.001769,Argophyllum:0.037024):0.002591):0.005052,(Pentaphragma:0.076646,(Roussea:0.059265,Stylidium:0.142503):0.003237):0.001489):0.020634):0.001803,((Eremosyne:0.128158,Escallonia:0.042197):0.006358,(Polyosma:0.041906,Tribeles:0.054876):0.000821):0.004491):0.000519,(((Paracryphia:0.019133,Quintinia:0.023970):0.002678,(((Diervilla:0.015704,(Dipsacus:0.035314,Valeriana:0.086088):0.007744,(Linnaea:0.013926,Morina:0.021660):0.000750):0.017155):0.006656,Lonicera:0.028906):0.020884,Viburnum:0.024812):0.006809):0.001038,(((Apium:0.067128,Pittosporum:0.039950):0.003543,Aralia:0.029296)AraliaFossil:0.006883,Griselinia:0.014517):0.002293,(Aralidium:0.009240,(Melanophylla:0.009026,Torricellia:0.014151):0.001714):0.014724):0.017736):0.000982):0.009105,(Cardiopteris:0.080762,((Helwingia:0.036317,Phyllonoma:0.060317):0.006752,Ilex:0.029581)IlexFossil:0.019998):0.005551):0.004191,((Apodytes:0.038237,(Aucuba:0.045675,Oncotheca:0.046818):0.002054):0.000261,(((Borago:0.113830,Vahlia:0.050253):0.002874,((Plocosperma:0.069702,((((((((Acanthus:0.065707,Avicennia:0.045134):0.013275,Schlegelia:0.013921):0.000932,(Sesamum:0.020531,Stilbe:0.026057):0.001350):0.000321,(Jacaranda:0.011320,(Lamium:0.071306,Verbena:0.046395):0.003311):0.001207):0.001310,Proboscidea:0.017023):0.000401,((Cyclocheilon:0.052841,Lindenbergia:0.041852):0.015915,Paulownia:0.015526):0.001561,Phryma:0.038506):0.003228):0.003303,((Androya:0.014876,Myoporum:0.020026):0.011113,(Buddleja:0.012592,(Scrophularia:0.024050,Selago:0.058011):0.002857):0.010787):0.004125):0.001720,(Antirrhinum:0.041777,(Globularia:0.040728,Plantago:0.105433):0.011348):0.010454):0.002046,(Peltanthera:0.014593,Streptocarpus:0.076524):0.004741):0.015247,(Polypremum:0.034510,Tetrachondra:0.027710):0.028594):0.003733,Olea:0.026828):0.009032):0.014183,(((Grevea:0.021931,Montinia:0.026439):0.013159,Kaliphora:0.039820):0.046619,Sphenoclea:0.075440):0.007293,(Ipomoea:0.111866,Nicotiana:0.060155):0.012334):0.005862):0.001160):0.002214,(((Alstonia:0.034547,Gentiana:0.126012):0.007100,(Gelsemium:0.039903,Logania:0.061122):0.002067):0.011619,Luculia:0.042946):0.030885):0.019158,(Cassinopsis:0.019714,(Icacina:0.017279,Pyrenacantha:0.067494):0.052918):0.002524)IcacinicaryaFossil:0.000806):0.006868):0.008989):0.003421)Asterids;  
end;

[模块 1 PL 法]

```

begin r8s;
blformat nsites=9914 lengths=persite;
collapse;
fixage taxon=Asterids age=128;
constrain taxon=HironoiaFossil minage=88;
constrain taxon=SaurauiaFossil minage=89;
constrain taxon=EuryaFossil minage=86;
constrain taxon=IcacinicaryaFossil minage=89;
constrain taxon=IlexFossil minage=70;
constrain taxon=AraliaFossil minage=70;
set seed=3 num_time_guesses=3 num_restarts=3 maxiter=3000 verbose=0
smoothing=3;
divtime method=PL algorithm=TN;
describe plot=phylogram;
describe plot=chronogram;
describe plot=tree_description;
describe plot=chrono_description
describe plot=phylo_description
describe plot=rato_description
showage; showage;
end;

```

[模块 2 NPRS 法]

```

begin r8s;
blformat nsites=9914 lengths=persite;
collapse;
fixage taxon=Asterids age=128;
constrain taxon=HironoiaFossil minage=88;
constrain taxon=SaurauiaFossil minage=89;
constrain taxon=EuryaFossil minage=86;
constrain taxon=IcacinicaryaFossil minage=89;
constrain taxon=IlexFossil minage=70;
constrain taxon=AraliaFossil minage=70;
set seed=3 num_time_guesses=3 num_restarts=3 maxiter=3000 verbose=0
smoothing=3;
divtime method=nprs algorithm=powell;
describe plot=phylogram;
describe plot=chronogram;
describe plot=tree_description;
describe plot=chrono_description
describe plot=phylo_description
describe plot=rato_description
showage;
end;

```

## 附录 命令参考

### **blformat**

```
lengths = persite |total  
nsites = <integer>  
ultrametric = yes | no  
round = yes | no
```

### **calibrate**

```
taxon = <nodename>  
age = <real>
```

### **cleartrees**

### **collapse**

### **constrain**

```
taxon = <nodename>  
minage (min_age) = <real> |none  
maxage (max_age) = <real> |none  
remove = all
```

### **describe**

```
plot = cladogram |phylogram |ratogram  
|chrono_description|phylo_description|rato_description |node_info  
plotwidth = <integer>
```

### **divtime**

```
method = LF | NPRS |PL  
algorithm = POWELL |QNEWT|TN  
nrates = <integer>  
confidence = YES | NO  
taxon = <taxonname>  
cutoff = <real>  
crossv = yes | no  
cvstart = <real>  
cvinc = <real>  
cvnum = <integer>  
fossilconstrained= yes | no
```

fossilfixed= yes | no  
tree = <integer>

### **execute**

<filename>

### **fixage**

taxon = <taxonname>  
age = <real>

### **localmodel**

taxon = <taxonname>  
rateindex = <integer>  
stem = yes | no

### **mrca**

cladename  
terminal1  
terminal2  
[etc.]

### **profile**

taxon= <nodename>  
parameter= age|length|rate

### **prune**

taxon= <taxonname>

### **quit**

### **reroot**

taxon= <taxonname>

### **rrlike**

taxon= <taxonname>

### **set**

rates = equal | gamma  
shape = <real>  
smoothing= <real>  
npexp = <real>  
verbose = 0 | >1  
seed = <integer>  
num\_time\_guesses= <integer>



```
num_restarts = <integer>
perturb_factor= <real>
ftol = <real>
maxiter = <integer>
barriertol = <real>
maxbarrieriter = <integer>
barriermultiplier= <real>
initbarrierfactor= <real>
linminoffset= <real>
contractfactor= <real>
showconvergence = yes | no
checkgradient = yes | no
showgradient = yes | no
trace = yes | no
minRateFactor = <real>
minDurFactor = <real>
penalty = add|log
activeEpsilon = <real>
```

### **showage**

```
shownamed = yes|no
```

### **unfixage**

```
taxon = all|<taxonname>
```

“Extra” commands and features

### **mrp**

```
method= baum|purvis
weights= yes|no
```

### **simulate**

```
diversemodel= yule|yule_c |bdfoward
T= <real>
speciation= <real>
extinction= <real>
ntaxa= <integer>
nreps= <integer>
seed= <integer>
charevol= yes|no
ratemodel= normal|autocorr
startrate= <real>
changerate= <real>
ratetransition <real>
minrate= <real>
```

maxrate= <real>  
infinite= yes|no

**bd**

divplot= yes|no