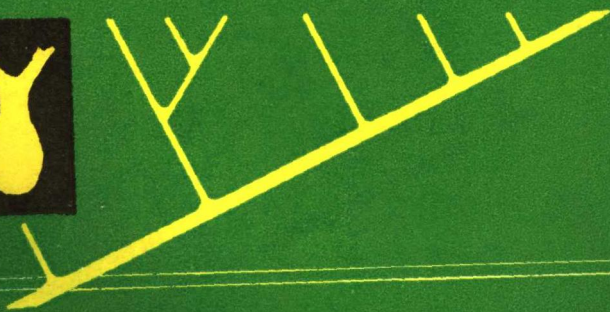


# 支序分类学的 原理和方法

支序分类学工作手册

[英] D·R·布鲁克斯 著  
戴爱云 薛大勇 译 朱弘复 校



北京大学出版社

# 支序分类学的原理和方法

## ——支序分类学工作手册

〔英〕D.R.布鲁克斯等 著

戴爱云 薛大勇 译

朱弘复 校

北京大学出版社

## 内 容 提 要

近十余年来，支序分类学已成为比较生物学中的一个有效的分析工具。

本书概要地介绍了支序分类学的主要原理，并为进行支序分类学中数值与非数值的形态分析以及分支图解的绘制提供了具体的方法和步骤。

全书共分五章，包括零散的单元和特征，非数值法分析，数值法分析，以及有关支序分类学的目的和原理，并附有插图47幅，与本课题有关的近期文献168篇。

本书可供动物分类学工作者及广大生物科学工作者阅读参考。

## 支序分类学的原理和方法

——支序分类学工作手册

[英] D. R. 布魯克斯 著

康爱云 廖方勇 译

朱弘毅 校

责任编辑：李学翼

\*

北京大学出版社出版

(北京大学校内)

北京昌平环球科技印刷厂印刷

新华书店北京发行所发行 各地新华书店经售

787×1092毫米 32开本 2.25印张 42千字

1987年9月第一版 1987年9月第一次印刷

印数：00001—1800册

统一书号：13209·181 定价：0.45元

## 原 序

本书旨在对支序分类学分析的原理及方法的使用作一介绍。支序分类学已成为比较生物学中的一个有效的分析工具。由 Hennig (1966) 发展，作为重建系统发育的辅佐，相继被近期学者所提炼（见文献目录），支序分类学可对任何系列生物学观察提供最丰富的信息累积。所得结果始终如一，可检验并且可重复。但是由于缺少对支序分析程序的简单易懂的叙述，妨害了分类学家使用这一技术并将其原理引用到比较生物学的其它领域。这一工作手册试图使有兴趣的生物学家认识了解支序分类学中非数值的及数值的方法的技巧，提供一份关于其原理与技术的有代表性的文献目录，并且概要地介绍支序学的主要原理。本书最初是为美国寄生虫学会主办的支序分类学方法讲习班而编写的辅助教材。因此，以寄生虫为假设的分类单元，但方法和原理是普遍适用的。

本手册包括五个部分。前三个部分包括：（1）描述和解释八个假设的寄生虫单元的特征，其中七个是分类研究对象，一个作为外群；（2）用非数值方法逐步对这些分类单元进行支序分析；（3）纽约州立大学的 J.S. Farris 博士发展了 Wagner 算法，用这一方法逐步进行数值分析；（4）有关支序分析的目的和原理；最后，我们囊括了有关本题的近期文献，其中包括 1959 至 1980 年在《系统动物学》杂志 (*Systematic Zoology*) 所发表的全部有关文献的目录。为了更

HA 03/06

深入的研究，我们推荐E.O.Wiley (1981) 所著的《系统发育学——系统发育系统学的理论与实践》“Phylogenetics——The Theory and Practice of Phylogenetic Systematics”一书（见文献部分）。

## 译 序

近十余年来,在分类学领域中兴起了使用Hennig(1966)所发展的支序分类学进行系统分类分析的热潮,发展至今已成为探索生物系统发育的有效工具之一。但国内尚无一本有关支序分类学原理和方法的参考书,鉴于《支序分类学工作手册》系用假定的寄生虫分类单元进行支序分类学中数值及非数值的形态分析以及分支图解的绘制,并提供了具体的工作步骤,具有深入浅出,易懂可行的特点,特此译成中文,供我国动物分类学工作者参考。错误不当之处,望读者批评指正。

译者

一九八五年九月于北京

# 录 目

- 第一章 分类单元和特征..... (1)
- 第二章 非数值法 (Hennig 的论证法) ..... (10)
- 第三章 数值法 (Farris的Wagner分析法) ..... (24)
- 第四章 支序分类学简评..... (43)
- 第五章 文献目录..... (55)

## 第一章 分类单元和特征

我们将要观察的 8 个假定的寄生虫分类单元如图 1.1 所示。作为分类的 7 个分类单元标以 1—7。“×”作为外群，或是在支序分析中帮助进行特征分析的一个近缘类群的成员。

我们将使用 12 个特征来对这些单元进行分类。图 1.2—图 1.13 分别画出这 12 个特征以及各个特征在不同分类单元中出现的各种不同的特征状态，比较这些分类单元的图使得出不同分类单元的特征状态。例如，我们选择特征 1 是锚臂长度。假如你观察分类单元，就会发现它们均表现出两种特征状态中的某一种状态，对这一特征，可分为锚臂伸长或锚臂退化。熟悉这 12 个特征及其表现的特征状态。

应该注意到特征 1 及特征 2—6、11 和 12 仅表现两种不同的状态。这种只有两种状态的特征称为二态特征。但并非所有的特征都是二态特征。特征 7—10 在不同分类单元中出现 3—5 个不同的状态。这种复杂的特征称为多态特征。



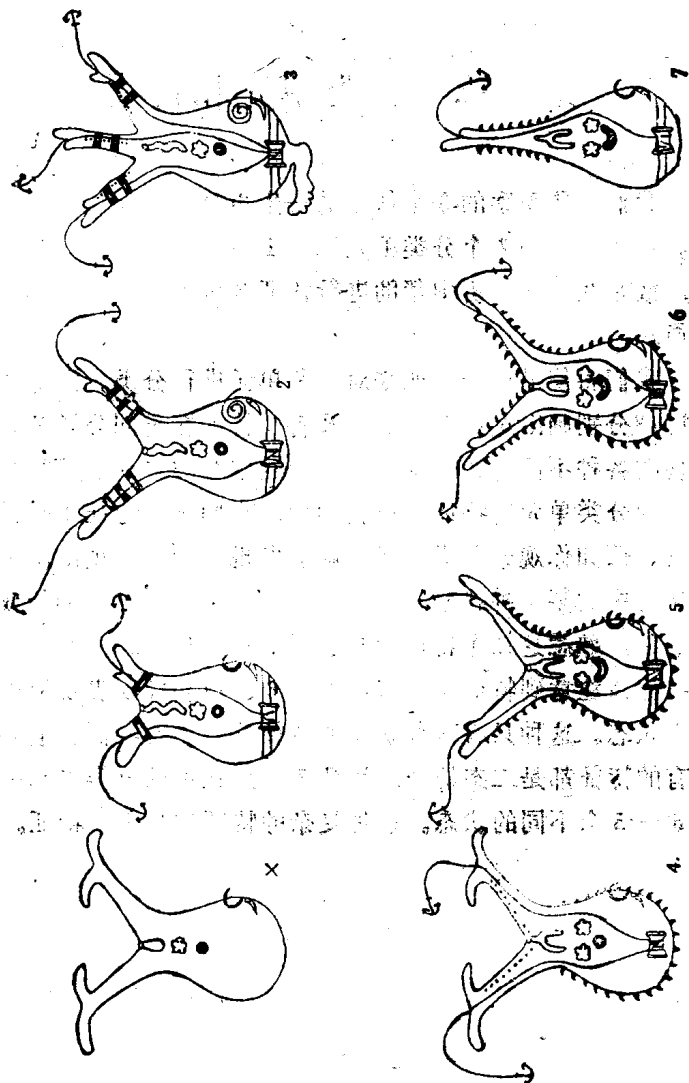
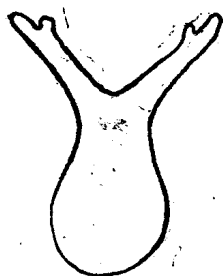
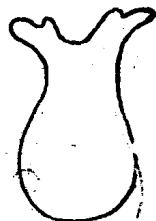


图 1.1 8个寄生虫分类单元

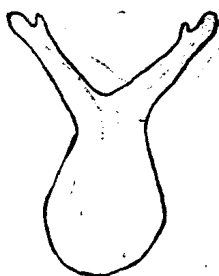


锚臂长

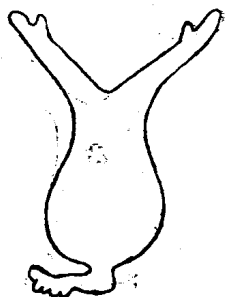


锚臂退化

图 1.2 特征 1 —— 锚臂长度

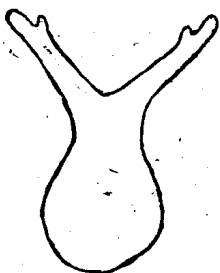


无附足

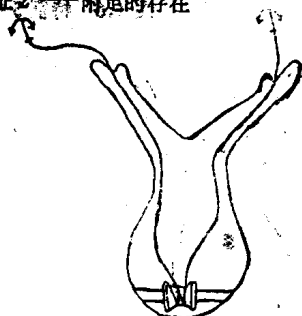


有附足

图 1.3 特征 2 —— 附足的存在

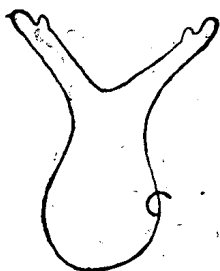


无锚轴及锚

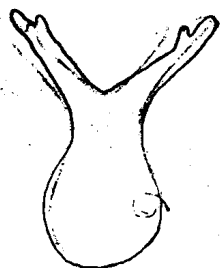


有锚轴及锚

图 1.4 特征 3 —— 锚轴及锚的存在

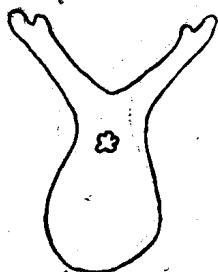


棘毛短且不卷曲

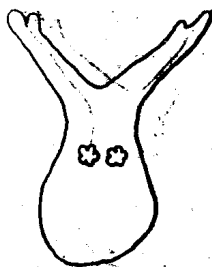


棘毛长且卷曲

图 1.5 特征 4——棘毛形状

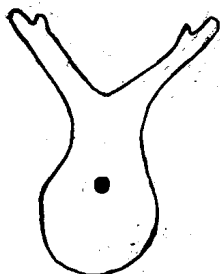


1个卵巢

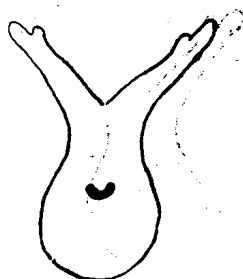


2个卵巢

图 1.6 特征 5——卵巢数

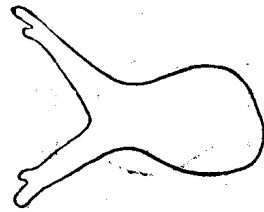


精巢卵形

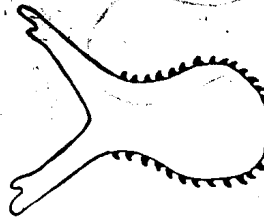


精巢“U”形

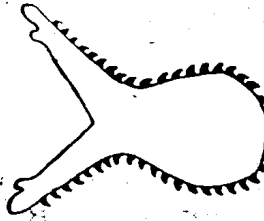
图 1.7 特征 6——精巢形状



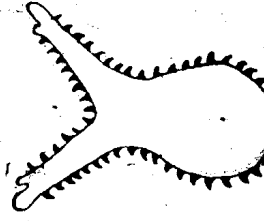
无刺



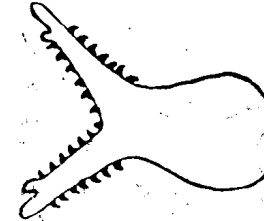
刺仅着生体表



刺着生在体表  
及臂的腹面

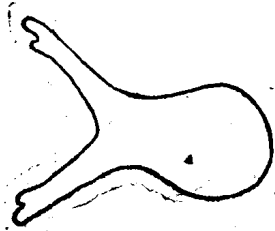


刺着生在体表及  
臂的背腹两面

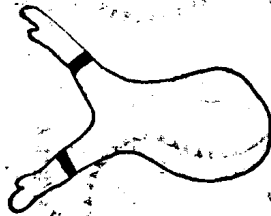


刺仅着生在臂上

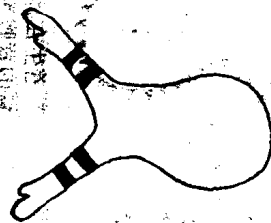
圖 1.8 特征 7——刺的位置



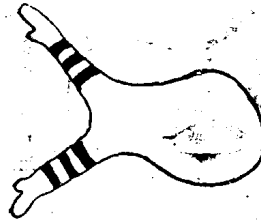
无条纹



每臂上 1 个条纹



每臂上 2 个条纹

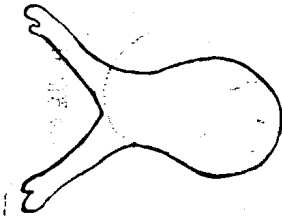


每臂上 3 个条纹

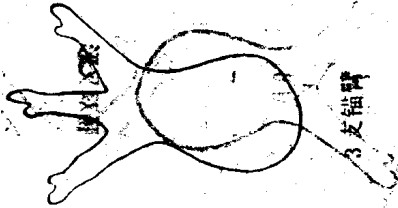
图 1.9 特征 8——满臂上的条纹数



1支锚臂

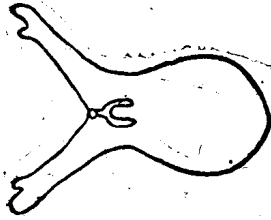


2支锚臂

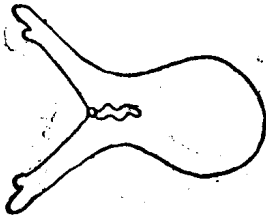


3支锚臂

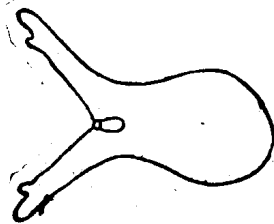
图 1.10 特征 9 —— 锚臂数



肠双叉形

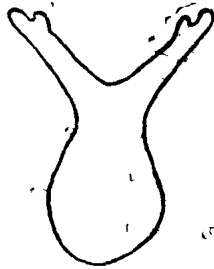


肠弯曲形

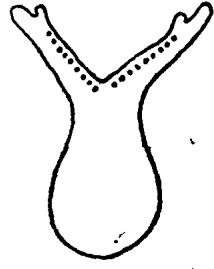


肠囊形

图 1.11 特征10——肠道形状

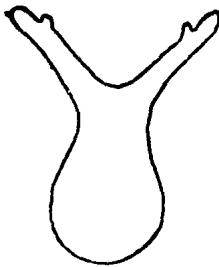


无斑点

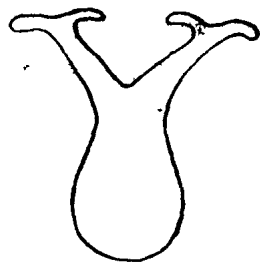


有斑点

图 1.12 特征11——斑点



缩短



扩张

图 1.13 特征12——臂末端的变化



## 第二章 非数值法 (Hennig 的论证法)

**第一步：**应用外群的比较，尽可能地所有的特征进行特征分析。你必须决定所有特征是一般性的，或是祖征的状态。列出外群中具有祖征的每一分类单元。

特征属于祖征状态的：

- 特征 1：长锚臂
- 特征 2：无附足
- 特征 3：无锚或锚轴
- 特征 4：棘毛短且不卷曲
- 特征 5：1 个卵巢
- 特征 6：精巢卵形
- 特征 7：体表无刺
- 特征 8：臂上无条纹
- 特征 9：两支锚臂
- 特征 10：肠囊形
- 特征 11：无斑点
- 特征 12：锚臂末端扩张

**第二步：**决定所有二态变化系列。应决定特征 1—6 和 11—12 的祖征和衍征状态。根据每一特征的衍征将分类单元归类如下：