

PAUP*软件简明指南

一 PAUP*简介

PAUP* 全称 Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*and Other Methods)是美国佛罗里达大学的 David Swofford 博士编写的，是用最大简约法建立进化树最重要的软件，同时与 ModelTest 软件一起，是进化模型筛选等的必备软件，也可以进行如极大似然法建树及其他分析。在同类软件中，几乎拥有最快的运行速度，性能卓越。PAIP*能在 MacOS, Windows, Unix 等平台上运行。目前最新版本为 4beta10

其网址为 <http://paup.csit.fsu.edu>

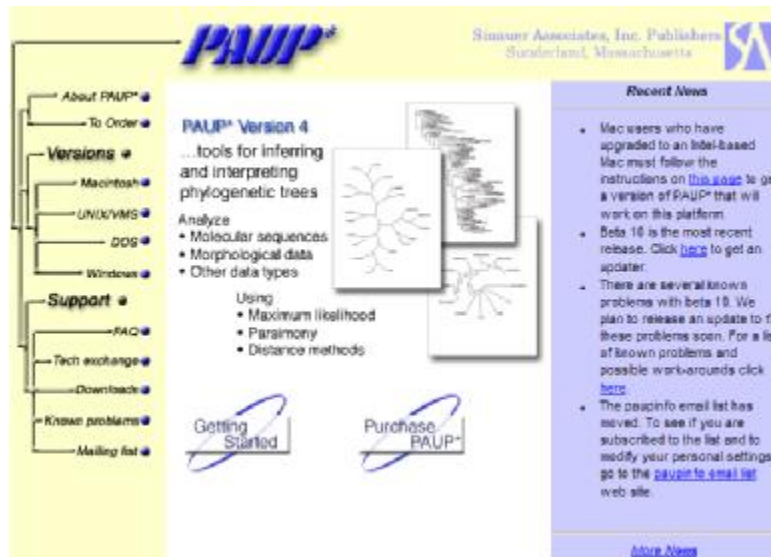


图 1 PAUP*首页

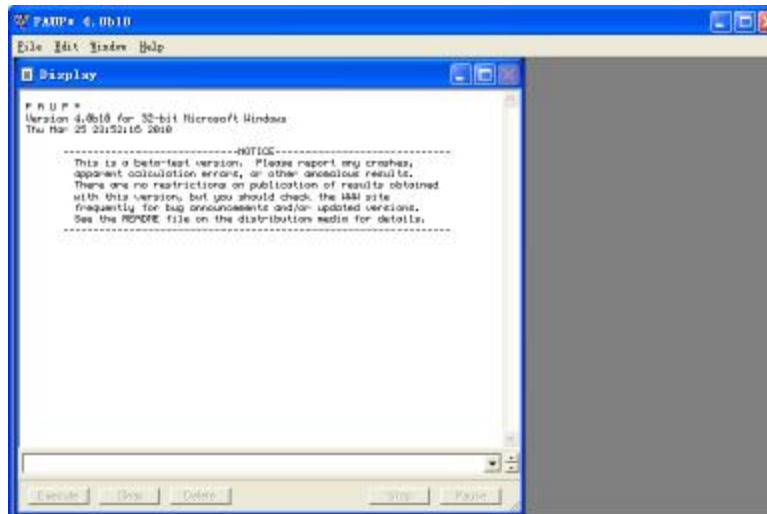


图 2 Windows 版 PAUP*用户界面

二 NEXUS 文件准备

PAUP*所处理的文件格式是 NEXUS, 后缀为 .nex。Nexus 文件是系统进化分析的标准格式之一（另一种格式为 phylip）, 该文件中, 可保存序列信息。

经过测序或在 GenBank 中下载的数据存在 FASTA 文件中, 经 ClustalX 比对后, 生成 nxs 文件, 将后缀名改成 .nex。该文件中的内容如图所示

```
!NEXUS
BEGIN DATA;
dimensions ntax=0 nchar=2600;
format missing=?
symbols="ABCDEFGHIJKLMNPQRSTUWXYZ"
interleave datatype DNA gap ;

matrix
VICIUC      ????2222?? 22222222?? 22222222??
VIGRAD      22AGCGACTC TATTTTTCAC ACATTTCTAT
VIGUNG      22222222?? 22222222AC GCATTTTCAT
PIAVUL      22222222?? 22222222AC ATATTTTCAT
GLYMAX      ACAGGLATTC TATTTTTCAC ACATTTCTAT
PIESAT      22222222?? 22222222?? 22222222??
VTCFAB      22222222?? 22222222?? 22222222??
AIIILL      22222222?? 22222222?? 22222222??
;
end;
```

图 3 Nexus 文件格式内容

三 PAUP*的运行

运行 PAUP*主要有两种模式, 这里以 primatespaup.nex 文件为例, 建立最大简约树为例。

1 交互模式

即一行的输入命令, 这种模式可供初学者参考, 因为了解了其中的各步骤, 如启发式搜索的方法, 进化树剪接的方法 TBR 等。

步骤如下:

(1) 双击 win-paup4b10.exe, 则弹出对话框要求输入文件, 选择所需运行的 nex 文件, 选取 primatespaup.nex 文件, 输入

```
>exe cprimatespaup.nex
```

(2) 设定 log 文件, 即程序运行记录

```
>logfile=primateshsearch.log
```

(3) 查看选项

```
>set?
```

```
>setincrease=auto
```

(4) 查看 heuristicsearch 参数选项 (设定启发式搜索)

```
>hsearch?;
```

(5) 设定启发式搜索的选项

```
>hsearchstart = stepwise addseq=randomn reps=20 swap=TBR
```

(6) 查看树

```
>showtree all
```

(7) 设定外类群为 Lemur_catta

```
>outgroup Lemur_catta
```

(8) 查看树

```

>showtreel
(9)列出枝长信息
>describe /plot=phylo
>set rootmethod=mid
>set rootmethod=out;
>describe /plot=phylo;
(10)将树保存到文件
>savetree file=Primate.tre brlen=yes
(11)计算严格一致树 compute a strict consensus of trees
>contree all/strict=yes show = yes
(12)清空内存
> cleartrees;
> logstop;
> defaults hsearch

```

2 批处理模式

即将所有待 PAUP*运行的程序，以模块的形式保存在 nex 文件最后，运行 nex 文件，则无需再输入命令，即可完成数据分析。不同的分析方法需要调用 PAUP*中不同的函数，包括极大似然法（MP），邻位法 NJ，极大似然法 ML 等等。模块的内容与交互模式的语句不同的是，全部的命令都包括在 Begin PAUP*和 end;语句之间。

例如

将以下模块，粘贴到待分析的 nex 文件后面，调整以下相应的参数，即可运行 PAUP*。
 红色部分是需要依据数据做相应更改的，特别是最后，用极大似然法建立进化树的时候，需要用 ModelTest 对进化模型组合进行筛选，一般是依据 AIC(Akaike Information Criterion)，以 AIC 最小的为最优。

例一 启发式搜索，寻找最大简约树

```

BEGIN SETS;
CHARSET beginning = 1-12;
CHARSET end = 895-898;
TAXSET outgroups=outgroupname;
END;
BEGINPAUP;
exclude beginning end;
outgroup outgroups;
setincrease = auto autoclose = yes;
hsearch start = stepwise addseq=random nreps = 20 swap = TBR;
END;

```

例二 启发式搜索，寻找最大简约树

```

beginpaup;
set autoclose = yes;
set criterion=parsimony;
set root=outgroup;
set storebrlens=yes;
set increase=auto;
outgroup outgroupname;
hsearch addseq = random nreps= 1000 swap=tbr hold=1;

```

```
savetrees file= datasetname.pa.tree.nex format=altnex brlens=yes;  
pscores/tlc irirc;  
end;
```

例三启发式搜索，寻找最大简约树并进行 Bootstrap1000 次

```
begin paup;  
set autoclose =yes;  
set criterion = parsimony;  
set root = outgroup;  
set storebrlens = yes;  
set increase = auto;  
outgroup outgroupname ;  
bootstrap nreps=1000 search=heuristic /addseq=randomn reps=10 swap=tbr hold=1;  
savetrees from=1 to=1 file= datasetname.tree.nex format= altnex brlens = yessave  
bootp = NodeLabels MaxDecimals=0;  
end;
```

例四 寻找极大似然树

```
begin paup;  
set autoclose=yes;  
set root=outgroup;  
outgroup outgroupname ;  
set storebrlens=yes;  
set increase=auto;  
logfile=PeterML.log;  
D Set distance=J Cobjective =ME base=equal rates=equal pinv=0 subst=allneg  
brlen=setzero;  
NJ showtree=no breakties=random;  
set criterion=like;  
L set Base=(0.28920.29280.1309) Nst=6 Rmat=(3.728546.52931.38882.379316.4374)  
Rates = gamma Shape=0.9350 Pinvar=0.5691> ;  
hsearch addseq=random nreps=5 swap=tbr;  
savetrees file=dataset name.ml.tree.nex format=altnex brlens=yes maxdecimals=6;  
end;
```

中国科学院植物研究所
张金龙 编
Jinlongzhang01@gmail.com