

仅凭基因序列信息能否确定物种起源？分子生物学能否独立确定物种起源？

我是一个外行，我大概回答一下。

首先，演化理论本身只是一类理论，因为这类理论在解释实际情况的时候，比其他可供选择的理论往往给出更为可靠的结果，且这类理论往往足够简洁，所以它们特别受人欢迎。其次，演化理论不是单一的理论，而代表了若干个不同的具体理论。这若干个理论可以相互补充，也有相互重叠，甚至有相互抵触的部分。

“演化关系”这个概念本身，就是演化理论坐标体系下的。而使用不同的演化理论，可能会得到不一样的“演化关系”。系统发生是一个复杂的过程，传统达尔文主义的解释在部分情况下趋于机械，从而可能无法完美解释每一个物种的产生。比如一些表观遗传的状况就对突变过程造成了干扰，因而使得演化并非纯粹的达尔文式的。环形种的争论在种的产生过程中也是具有特别意义的，在这种情况下，根本就不存在一个新种形成的精确时间。我们可以通过增补现代演化综论的框架来兼容这些相对较新的观点。也基于以上结论，任何把演化关系描绘在二叉树上的做法都充其量是一个近似解，而并不代表历史事实——因为可能演化上根本不存在完美的二叉树。

一个特别现实的情况是，就算以分子演化的角度出发，选择基因组序列还是线粒体序列，选择DNA序列还是选择RNA序列，都可能会得到矛盾的结论，更别说蛋白序列了。另外，算法也会对演化树的结构产生影响。所以文献中画出来的树，往往也不是唯一的。

系统发生学是如此的脆弱，以至于古基因组学仍然是我们校正现生生物序列比较的重要手段，我们熟悉的分子人类学就非常喜欢古基因组的手段。前不久还[猫演化史的一项研究](#)以及关于[米诺斯与迈锡尼人的遗传背景](#)的研究展示了古基因组学的效果。

这里又扯到了另一个问题。在题目的描述下，我们现有的关于“物种”的定义可能是会失效的。分类学种本身就是一个妥协的结果，而遗传学种的定义又遇到了一个尺度拿捏的问题。亚种水平的杂交、种内的横向传递等问题更进一步的使“严格的”演化树成为一个伪命题。更别说如何从个体推及物种（或特定遗传学分类阶元）过程中信息损失的问题了。

因此，就算我们掌握了地球上每个生物的全部序列，同时我们拥有无限的计算资源，我们仍然不能还原出演化的具体过程。现有的手段只是允许我们在特定的标准下，描绘出一个近似的系统发生关系。

我是搞医疗技术的，生命科学的事情我也不太熟，请指正。

Time: Fri Sep 8 23:18:09 2017

Upvotes: 6