



CHAPTER 3

NULL EXPECTATIONS IN SUBSPECIES DIAGNOSIS

MICHAEL A. PATTEN¹

*Oklahoma Biological Survey and Department of Zoology, University of Oklahoma,
Norman, Oklahoma 73019, USA*

ABSTRACT.—The utility of subspecies in studies of evolution and migration and in conservation planning has been debated hotly for a half-century. Inconsistent and sometimes sloppy application of the subspecies concept has led some to deem it a failure, but recent quantitative definitions of subspecies have put the concept on more rigorous footing. Nonetheless, the molecular revolution has added fuel to the fire as researchers attempt to test subspecies by genetic means. Until a sound and defensible null expectation is developed for genetic differentiation of subspecies, genetic approaches will be fraught with problems. A test for monophyly is insufficient, because parapatric subspecies interbreed by definition. Moreover, because much geographic variation may arise via natural selection, tests restricted to selectively neutral genetic data are likewise problematic. Moreover, long-standing charges of subjectivity in the naming and diagnosis of subspecies must be addressed if subspecies are to continue to be accepted as valid taxonomic entities. Statistical advances, including pairwise tests, spline regression, module identification in neural networks, Monmonier's algorithm, and unsupervised, fuzzy k -means cluster analysis offer considerable promise as means of identifying and quantifying geographic variation in an objective yet statistically rigorous manner.

Key words: algorithms, diagnosability, null models, statistics, subspecies.

Expectativas Nulas en la Diagnósis de Subespecies

RESUMEN.—La utilidad de las subespecies en los estudios de evolución y migración, así como en la planeación de la conservación, ha sido debatida fuertemente por medio siglo. La aplicación inconsistente y a veces descuidada del concepto de subespecie ha llevado a que algunos lo consideren un fracaso, pero el desarrollo reciente de definiciones cuantitativas de las subespecies ha puesto al concepto sobre unas bases más rigurosas. Sin embargo, la revolución molecular le ha agregado combustible al fuego en la medida en que los investigadores han intentado poner a prueba la validez de las subespecies usando herramientas genéticas. Mientras no se desarrolle una expectativa nula sobre la diferenciación genética de las subespecies que sea razonable y defensible, los enfoques genéticos estarán rodeados de problemas. Una prueba de monofilia es insuficiente, porque las subespecies con distribuciones parapátricas, por definición, se entrecruzan. Además, debido a que buena parte de la variación geográfica puede surgir como consecuencia de la selección natural, las pruebas basadas en datos genéticos que son selectivamente neutros también son problemáticas. Más aún, las críticas en cuanto a que existe subjetividad sobre la nomenclatura y la diagnósis de las subespecies deben ser abordadas para que las subespecies puedan seguir siendo aceptadas como entidades taxonómicas válidas. Los avances estadísticos, incluyendo las pruebas por pares, las regresiones de "splines", la identificación de módulos en redes neurales, el algoritmo de Monmonier y los análisis de conglomerados difusos y no supervisados de k medias, son altamente promisorios como medios para identificar y cuantificar la variación geográfica de manera objetiva y estadísticamente rigurosa.

¹E-mail: mpatten@ou.edu