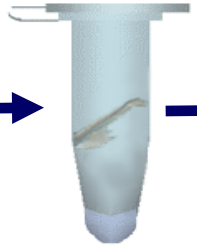
Парсимония

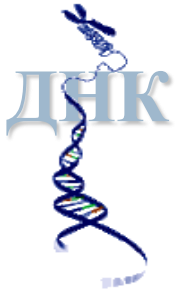
Прикладная генетика для зоологов, лекция 6

Мюге Н.С.

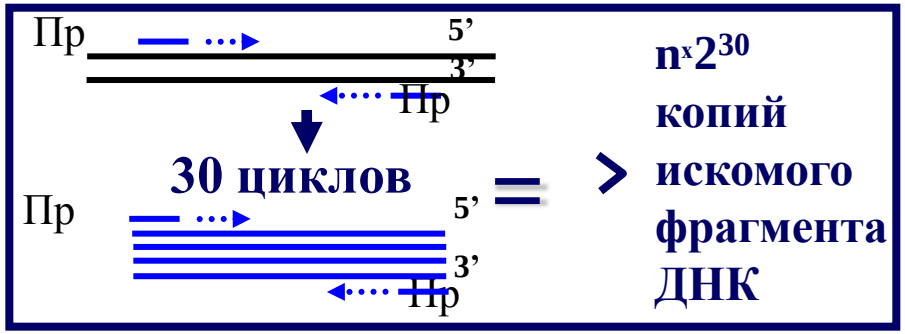
Общая схема изучения нуклеотидных последовательностей

1. Сбор материала



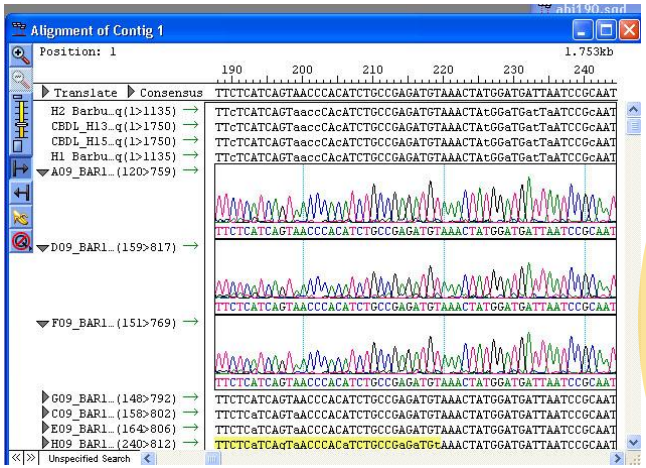


2. Выделение ДНК

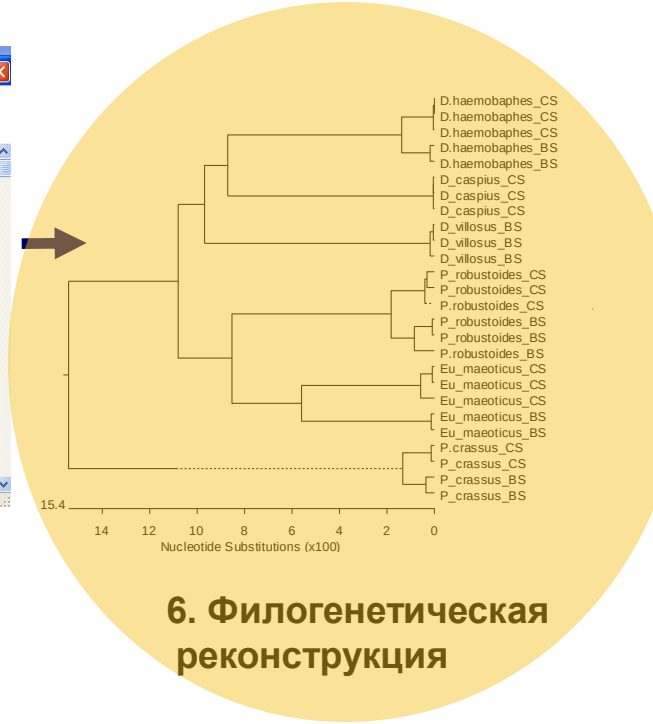


3. ПЦР-амплификация фрагмента мтДНК

4. Сиквенс пцр-фрагмента



5. Стыковка и множественное выравнивание последовательностей



6. Филогенетическая реконструкция

Парсимония

- Ведет начало от кладистики Хеннинга (Henning, 1966)
- Eck и Dayhoff (1966) – первый анализ MP для белков
- Fitch (1971) и Hartigan (1973) – анализ нуклеотидных последовательностей

Программы для анализа парсимонии:

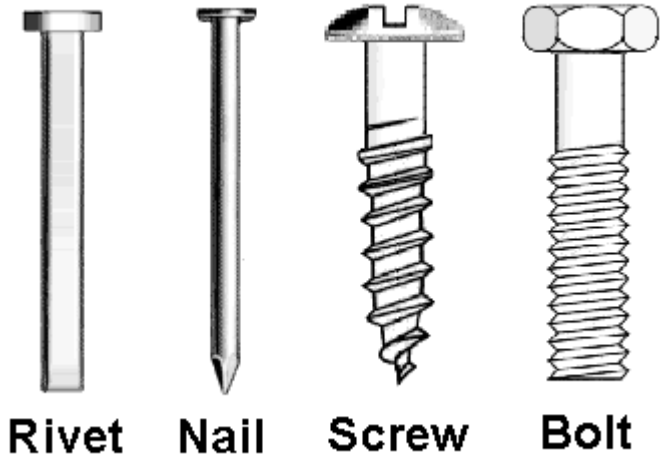
Phylip http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html
Paup http://paup.csit.fsu.edu/
Mega http://www.megasoftware.net/

parsimony сущ. (multitran)
общ. бережливость; экономия; скупость; скряжничество
экон. экономность

Принципы кладистики: Хенниг (1966) «Филогенетическая систематика»

- 1. Кладограммы (филогенетические схемы) строятся по дихотомическому принципу.
- 2. Таксоны выделяются только по вертикальному принципу.
- 3. Ранг таксонов определяется последовательностью их ответвления на кладограмме, понижаясь от основания кладограммы к вершине; таким образом, степень родства таксонов соответствует времени их разделения.
- 4. Все признаки, характеризующие таксон, подразделяются на плезиоморфные (унаследованные, примитивные) и апоморфные (производные, прогрессивные).
- 5. Таксоны выделяются только по апоморфным признакам.
- 6. Критерием родства является синапоморфия; соответственно последовательность обособления различных таксонов на кладограмме определяется путем сопоставления их апоморфных признаков.
- 7. Пары таксонов, исходящие на кладограмме из одной точки, образуют «сестринские группы», связанные друг с другом максимальным родством и характеризующиеся наиболее полной синапоморфией.
- 8. Из пары сестринских групп одна обычно сохраняет значительно большее сходство с предковым таксоном, чем другая (правило девиации); обоим сестринским таксонам придается тем не менее одинаковый ранг.
- 9. Предковый таксой, давая начало двум сестринским, исчезает, что определяется требованиями дихотомического принципа построения кладограмм.

Разные подходы к сравнению организмов (фенетика, кладистика)



признак	Заклепка	гвоздь	шуруп	винт
шлиц	0	0	1	0
закругл. гол-ка	0	0	1	0
шестигр гол-ка	0	0	0	1
резьба	0	0	1	1
сужающ вниз	0	0	1	0
острый конец	0	1	1	0
большой диаметр	0	0	1	1

Plesiomorph / Plesiomorphic / Plesiomorphy (плезиоморфный, плезиоморфия) - признак, который присутствует в наследственной форме и также сохранен в потомке или потомках.

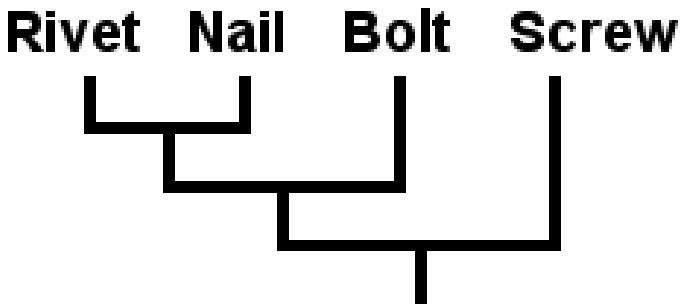
Apomorph / Apomorphy / Apomorphic (аноморф, аноморфный, аноморфия) - Признак в организме, который получен из другого, но уже больше не являющийся тем же самым как предыдущий признак.

Фенетический анализ
(сумма общих признаков)

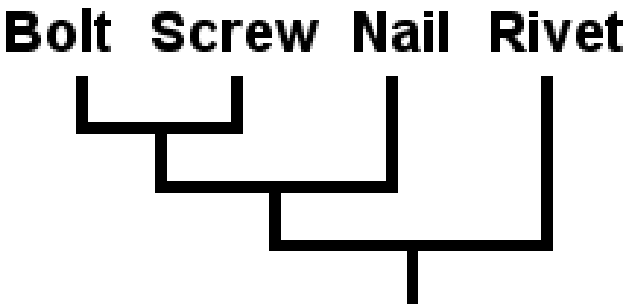
	Заклепка	гвоздь	шуруп	винт
Заклепка	-	6	1	4
гвоздь		-	2	3
шуруп			-	2
винт				-

Кладистический анализ
(сумма производных признаков)

	Заклепка	гвоздь	шуруп	винт
Заклепка	-	0	0	0
гвоздь		-	1	0
шуруп			-	2
винт				-

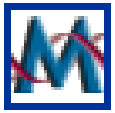


Phenogram



Cladogram

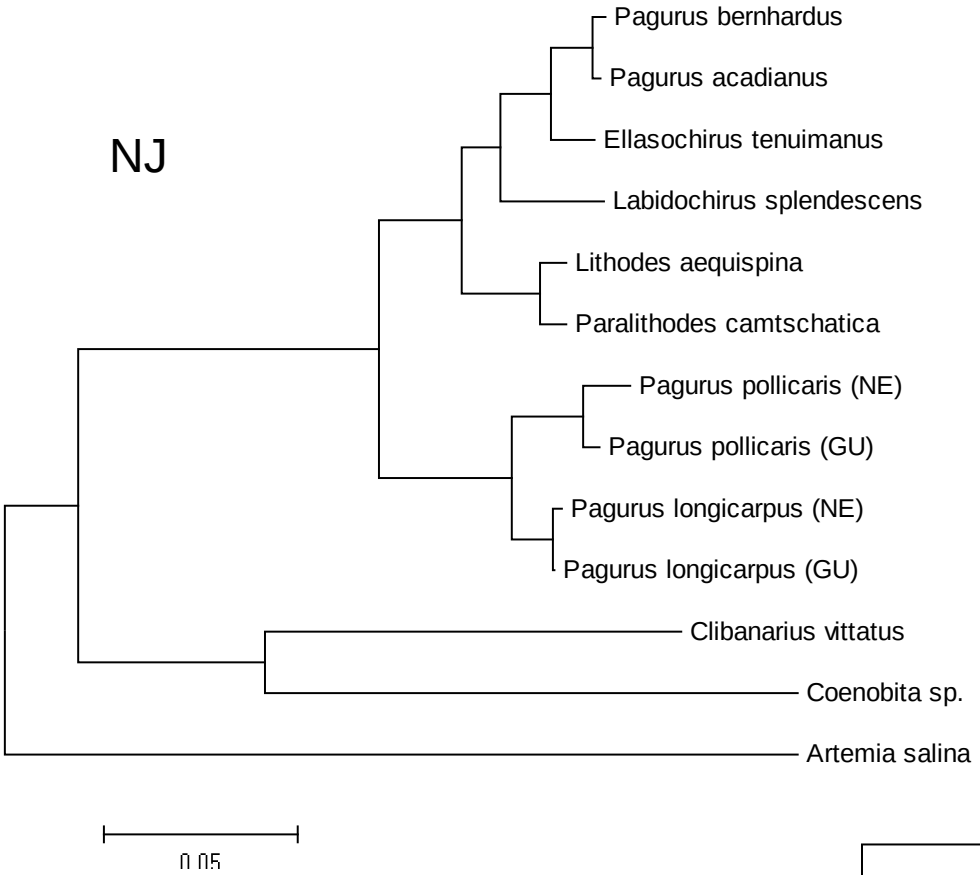
Три основных метода реконструкции филогении:



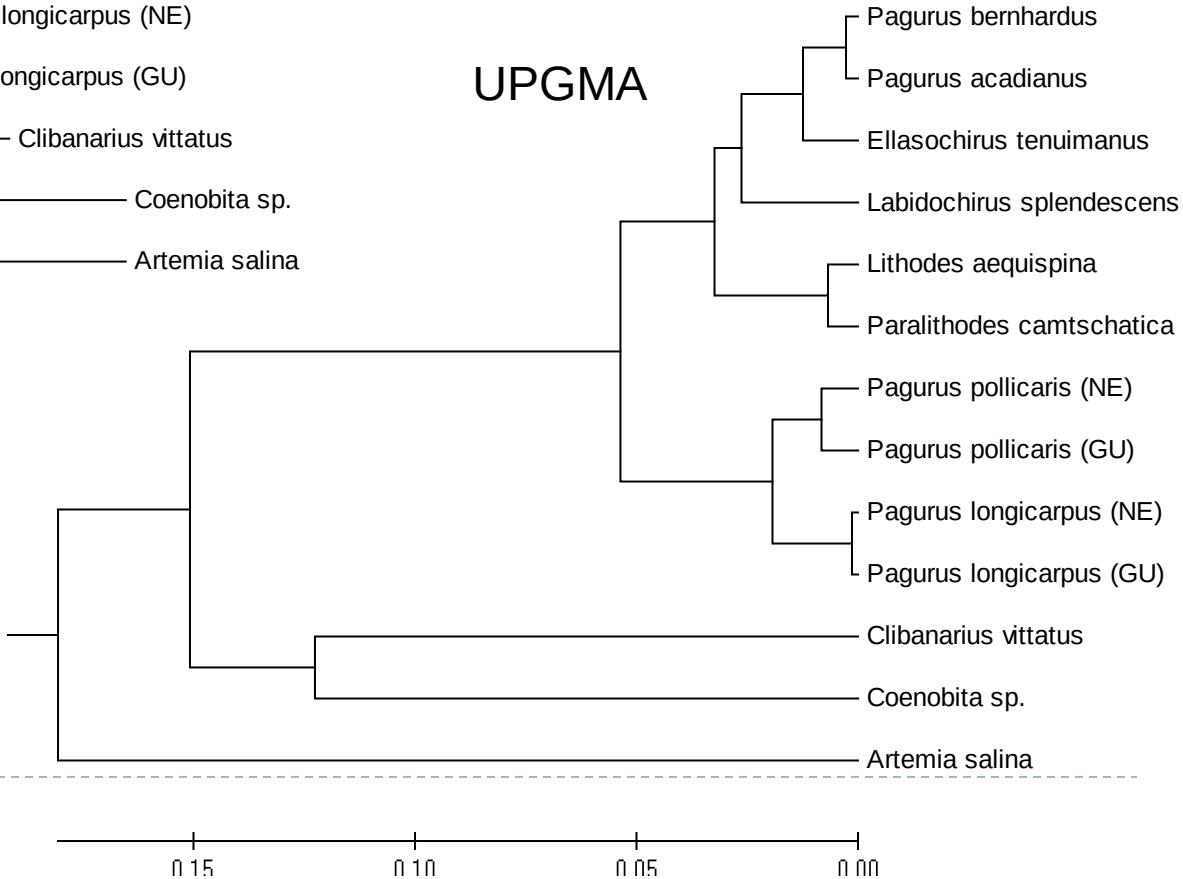
- Парсимония (Parsimony) (PAUP, MEGA, Phylip)
- Максимального правдоподобия (maximum likelihood) - (PAUP, Phylip)
- Обратной вероятности, байезиан (bayesian) – (MrBayes)

MEGA 4.0
Crab_RNA

NJ

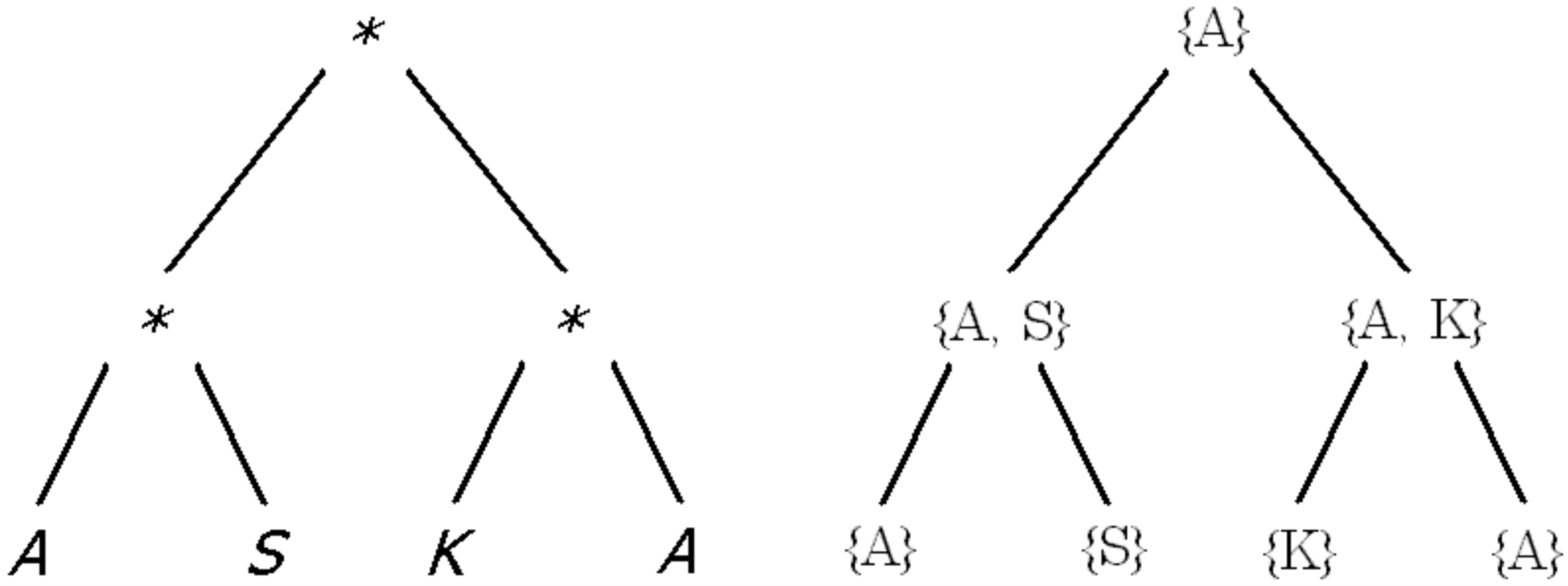


UPGMA



Операторы теории множеств

∪	объединение	[X,Y] ∪ [X,Z] = [X,Y,Z]
∩	пересечение	[X,Y] ∩ [X,Z] = [X]
<>	Экономия (парсимония)	[X,Y] <> [X,Z] = [X] [X] <> [Z] = [X,Z]



Ожидаемый результат – найти топологию дерева , с наименьшим количеством замен (не всегда это будет одно дерево)

http://www.megasoftware.net/

MEGA
Molecular Evolutionary Genetics Analysis

Download MEGA | Windows | DOS/Win | Mac | Linux | PDF Manual

- Home
- Overview
- Features
- Update History
- About the Authors
- Example Data
- Online Manual
- PDF Manual
- A Walk Through MEGA
- Links
- FAQ
- Fixed Bugs
- Report Bugs
- User Discussion Forum
- Suggestions Box
- Acknowledgements
- Contact Us

MEGA 4.1 BETA
Click to Download

New Features
- Excel and CSV Output
- Update Notification
- Interface Improvements

MEGA 4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis

MEGA is an integrated tool for conducting automatic and manual sequence alignment, inferring phylogenetic trees, mining web-based databases, estimating rates of molecular evolution, and testing evolutionary hypotheses.

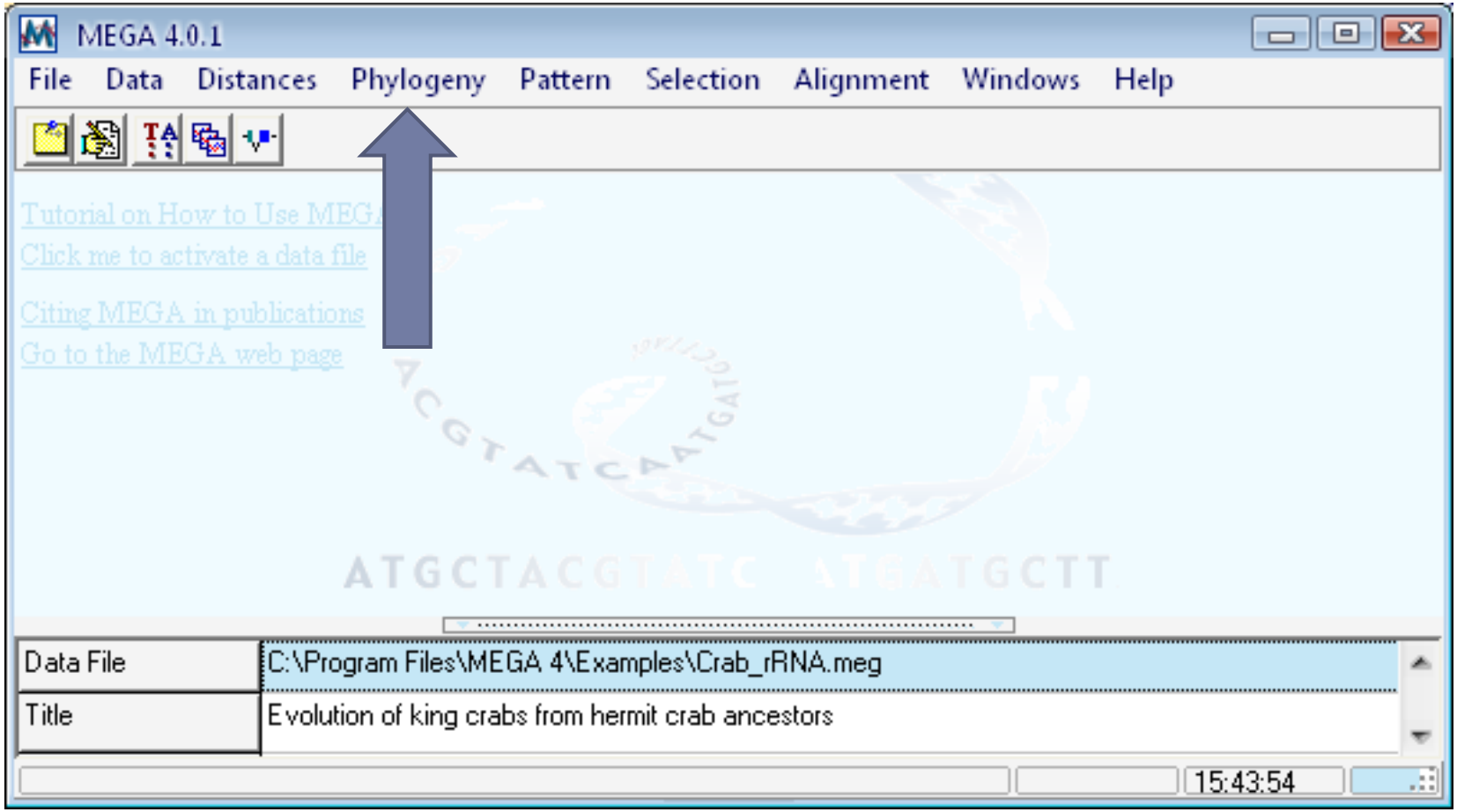
MEGA 4 has been tested on the following Microsoft Windows® operating systems:

Windows 95/98, NT, 2000, XP, and Vista.

New Features:

Kumar S, Dudley J, Nei M & Tamura K (2008) **MEGA: A biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences.** Briefings in Bioinformatics 9: 299-306.
- Download PDF

Построение деревьев в программе MEGA



http://www.megasoftware.net/

MEGA - Molecular Evolutionary Genetics Analysis - Windows Internet Explorer

http://www.megasoftware.net/

Файл Правка Вид Избранное Сервис Справка

Ссылки Google bioinf biosoft conferences friends e-shoping google info library news sturgeon travel Каспий cPanel Mail Management Gmail Horde

Google phylogenetic program Поиск Закладки 77 заблокировано Проверка Переводчик Отправить phylogenetic program Настройки

phylogenetic program - П... MEGA - Molecular Evol... Яндекс Страница Сервис

MEGA
Molecular Evolutionary Genetics Analysis

Download MEGA | Windows | DOS | Mac | Linux | PDF Manual

- Home
- Overview
- Features
- Update History
- About the Authors
- Example Data
- Online Manual
- PDF Manual
- A Walk Through MEGA
- Links
- FAQ
- Fixed Bugs
- Report Bugs
- User Discussion Forum
- Suggestions Box
- Acknowledgements
- Contact Us

Tamura K, Dudley J, Nei M & Kumar S (2007) MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. Molecular Biology and Evolution 24: 1596-1599.
- Download PDF

Kumar S, Tamura K & Nei M (2004) MEGA3: Integrated Software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and Sequence Alignment Briefings in Bioinformatics 5:150-163.
- Download PDF

MEGA update release date: February 27, 2008.

MEGA 4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis

MEGA is an integrated tool for conducting automatic and manual sequence alignment, inferring phylogenetic trees, mining web-based databases, estimating rates of molecular evolution, and testing evolutionary hypotheses.

MEGA 4 has been tested on the following Microsoft Windows® operating systems:

Windows 95/98, NT, 2000, XP, and Vista.

New Features:

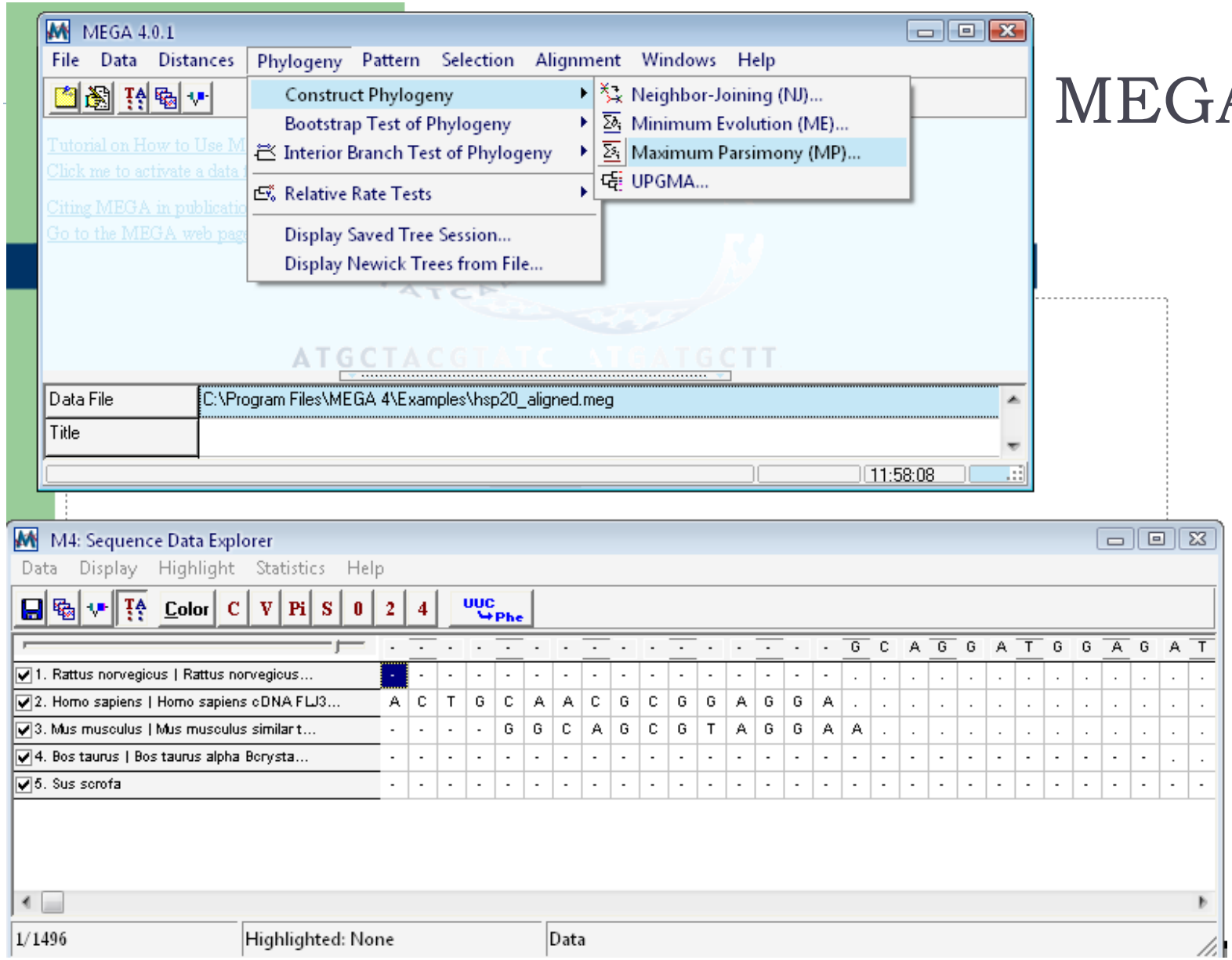
- Real-Time Caption Expert Engine
  A unique facility to generate detailed captions for different types of analyses and results. These captions are intended to provide detailed, natural language descriptions of the methods and models used in analysis. The facility aims to promote a better understanding of the underlying assumptions used in analysis, and also of the results generated.
- Maximum Composite Likelihood Method
  A method for estimating evolutionary distances between all pair of sequences simultaneously, with and without incorporating rate variation among sites and substitution

Готово Интернет 100%

Слайд 19 из 22 Капсулы Русский (Россия)

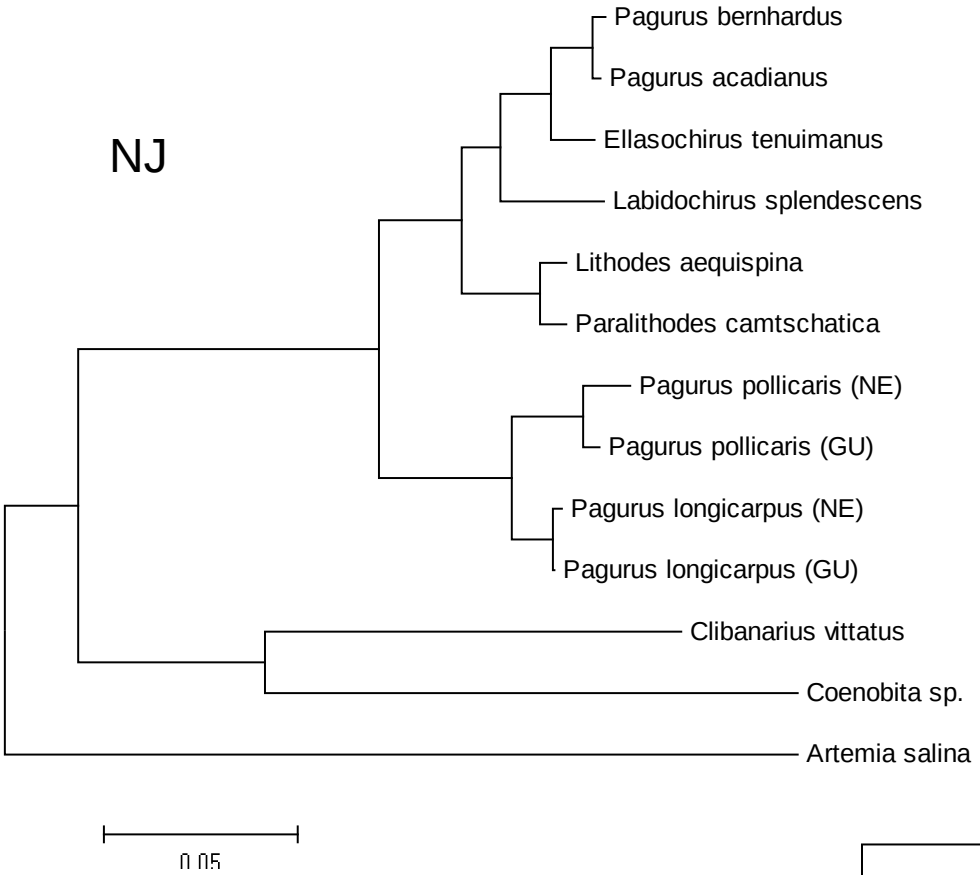
D:\MK\... 2 Mic... 5 Inte... Adobe ... MegAlign Книга1 MEGA 4.0 11:59

MEGA4

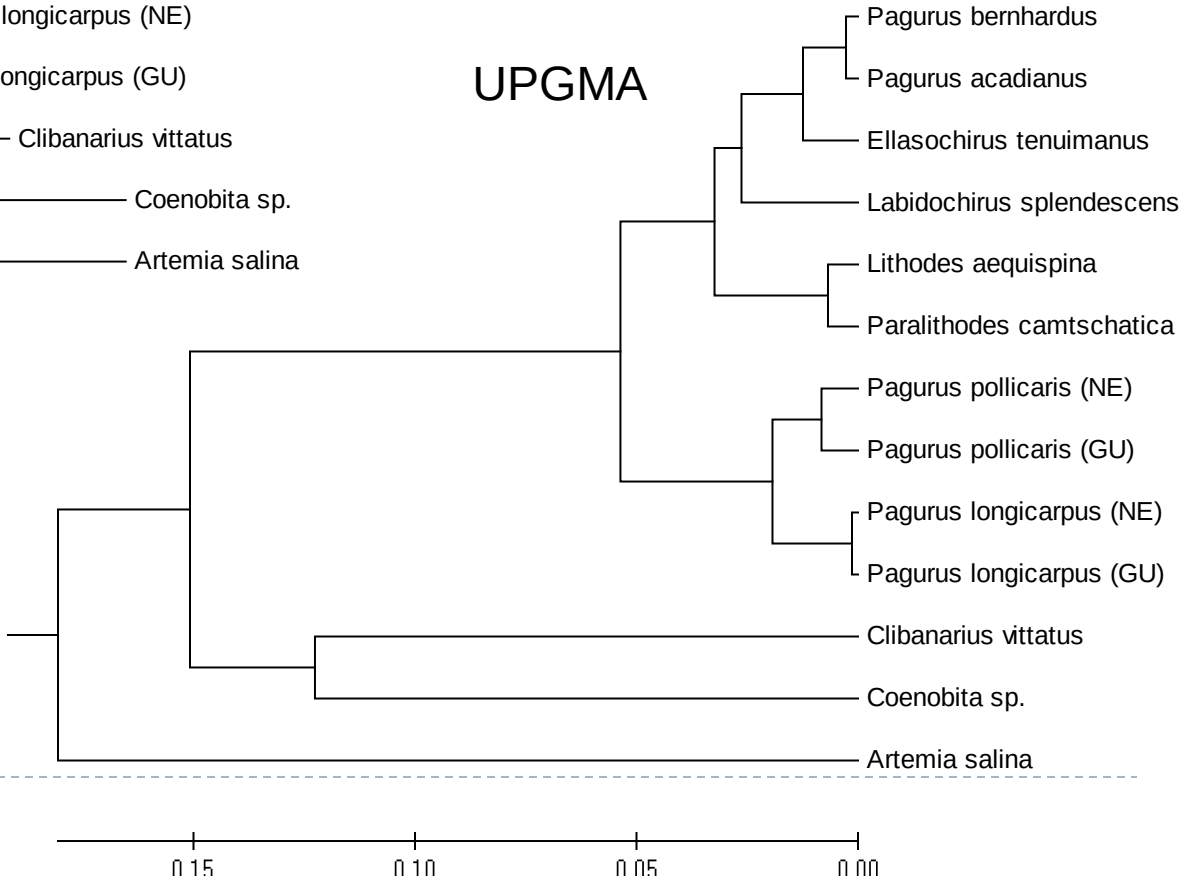

MEGA 4.0.1
File Data Distances Phylogeny Pattern Selection Alignment Windows Help
Construct Phylogeny
Bootstrap Test of Phylogeny
Interior Branch Test of Phylogeny
Relative Rate Tests
Display Saved Tree Session...
Display Newick Trees from File...
Neighbor-Joining (NJ)...
Minimum Evolution (ME)...
Maximum Parsimony (MP)...
UPGMA...
Data File
C:\Program Files\MEGA 4\Examples\hsp20_aligned.meg
Title
11:58:08
M4: Sequence Data Explorer
Data Display Highlight Statistics Help
Color C V Pi S 0 2 4
1. Rattus norvegicus | Rattus norvegicus...
2. Homo sapiens | Homo sapiens cDNA FLJ3...
3. Mus musculus | Mus musculus similar t...
4. Bos taurus | Bos taurus alpha Bcrysta...
5. Sus scrofa
1/1496
Highlighted: None
Data

MEGA 4.0
Crab_RNA

NJ

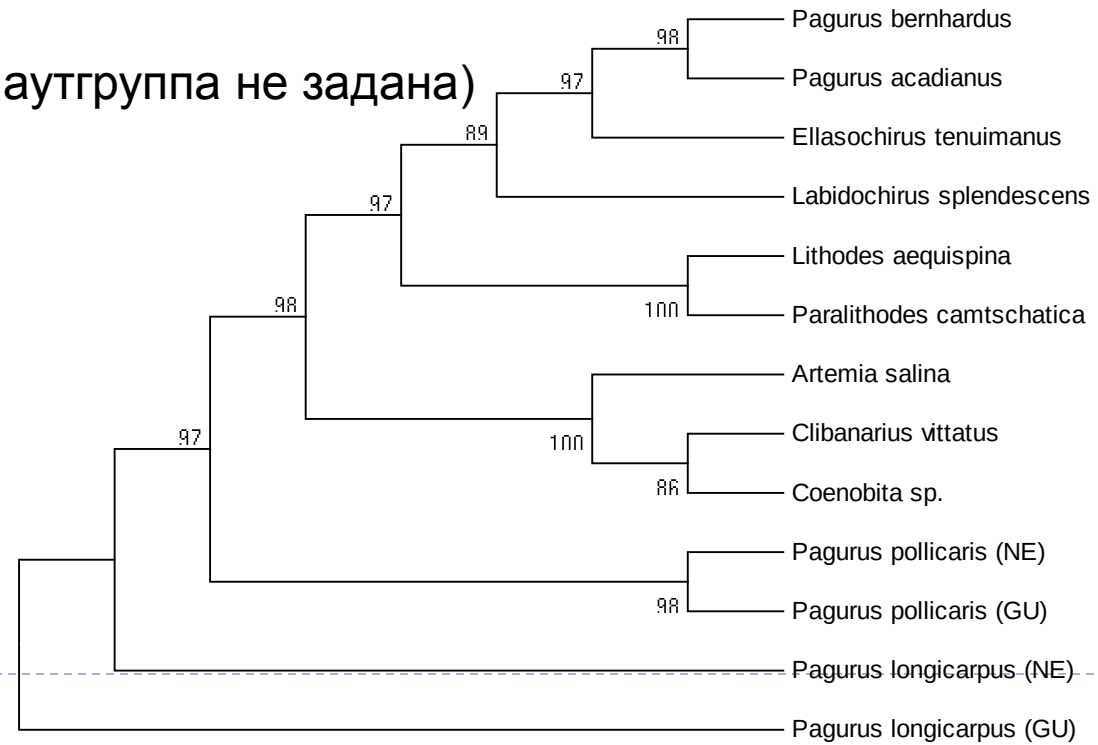


UPGMA

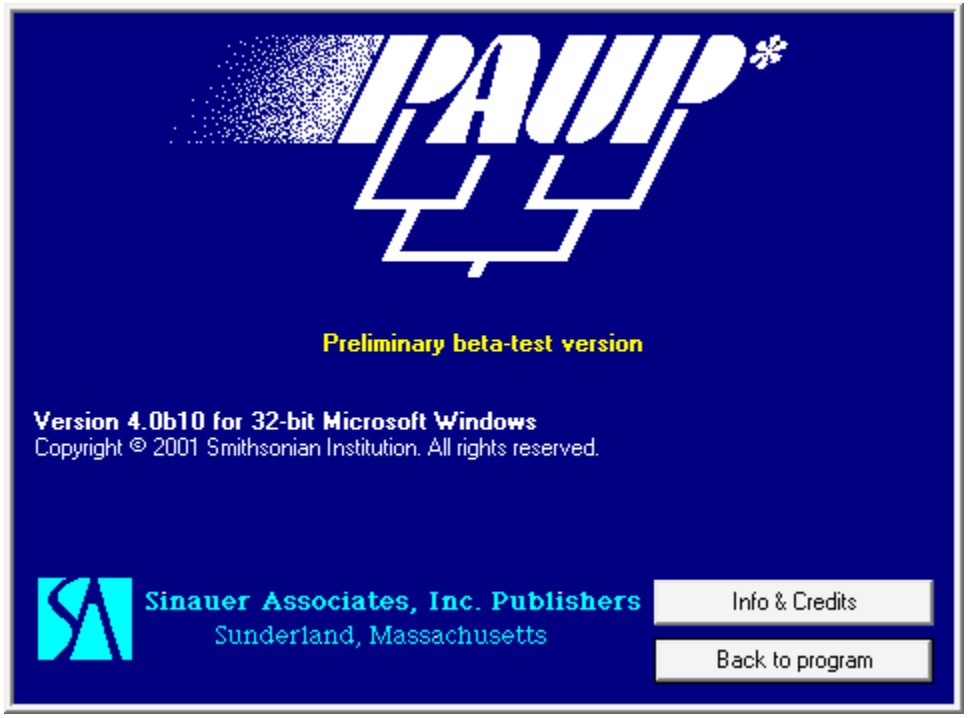


MEGA 4.0
Crab_RNA

MP
(если аутгруппа не задана)



Классика жанра – программа PAUP4.0b10



Работа с программой PAUP (Phylogenetic Analysis Using Parsimony)

- Создать .nex файл (save as.. In MegAlign)
- Аутгруппа должна быть первой (или задать как outgroup=7,8
- Убрать все тире в названиях
- Выбрать критерий анализа (set criterion = likelihood, set criterion = parsimony)
- Bootstrap nreps=1000
- Savetree from=1 to=1 treefile=NNNN.tre

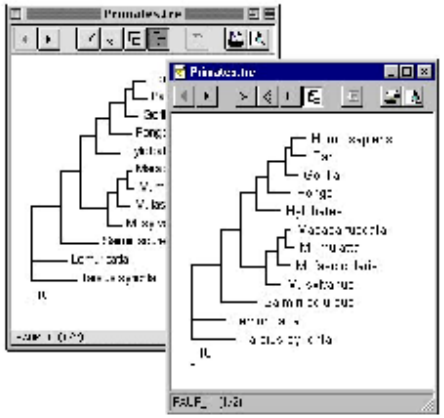
Программа для работы с деревьями- TreeView (http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/treeview.html)

Taxonomy and Systematics at Glasgow

TreeView

Tree drawing software for Apple Macintosh and Windows

(and now Linux and Unix)



TreeView is a simple program for displaying phylogenies on Apple Macintosh and Windows PCs. It has the following features:

Phylogeny Programs - Windows Internet Explorer

http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html

proseq | Phylogenetic programs - ... | Phylogeny Programs

Phylogeny Programs

Changes	Waiting list	Other lists	Old programs	Not listed	???

Here are 362 phylogeny packages and 50 free servers, all that I know about. It is an attempt to be completely comprehensive. I have not made any attempt to exclude programs that do not meet some standard of quality or importance. Updates to these pages are made roughly weekly. Here is a "waiting list" of new programs waiting to have their full entries constructed. Many of the programs in these pages are available on the web, and some of the older ones are also available from ftp server machines.

The programs listed below include both free and non-free ones; in some cases I do not know whether a program is free. I have listed as free those that I knew were free; for the others you have to ask their distributor. Usually when I say that a program is downloadable from a web site, this means that it is available free.

Email addresses in these pages have had the `@` symbol replaced by `(at)` and also surrounded by invisible confusing tags and blank characters in hopes of foiling spambots that harvest email addresses.

If you discover any inaccuracies, or feel that I have left any important programs or facts out, or if links do not work properly, please e-mail me at: (`joe (at) gs.washington.edu`). You can also use the submission form here to submit new entries.

Owing to past NSF support of these pages, I am required to note that any opinions, findings, and conclusions or recommendations expressed in this material are those of the author and do not necessarily reflect the views of the National Science Foundation (NSF supported these pages from 1995-2003).

List of packages arranged ...

... by methods available

... by computer systems on which they work

... cross-referenced by method and by computer system.

... by ones which analyze particular kinds of data.

http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html

Домашнее задание

- Установить на свой компьютер программу MEGA 4
- Скачать и установить программу PAUP
- Скачать #nexus-файл , построить NJ, UPGMA, и MP деревья в программах MEGA и PAUP
- Посчитать бутстреп-поддержку в обоих программах для полученного дерева

- Задание на сайте http://mugue.narod.ru/genetics.html
- - линка Лекция 6