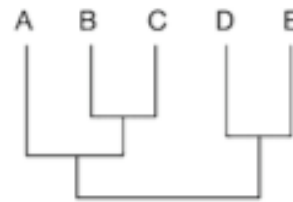
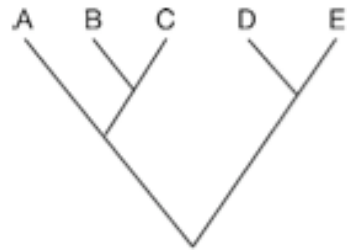


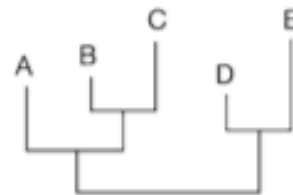
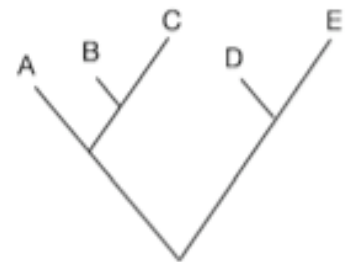
Φυλογένεση

Φυλογένεση

- Η εκτίμηση της εξελικτικής ιστορίας γονιδίων/πρωτεϊνών ή οργανισμών.
- Η απεικόνιση αυτής της ιστορίας γίνεται με φυλογράμματα/ κλαδογράμματα



Cladogram



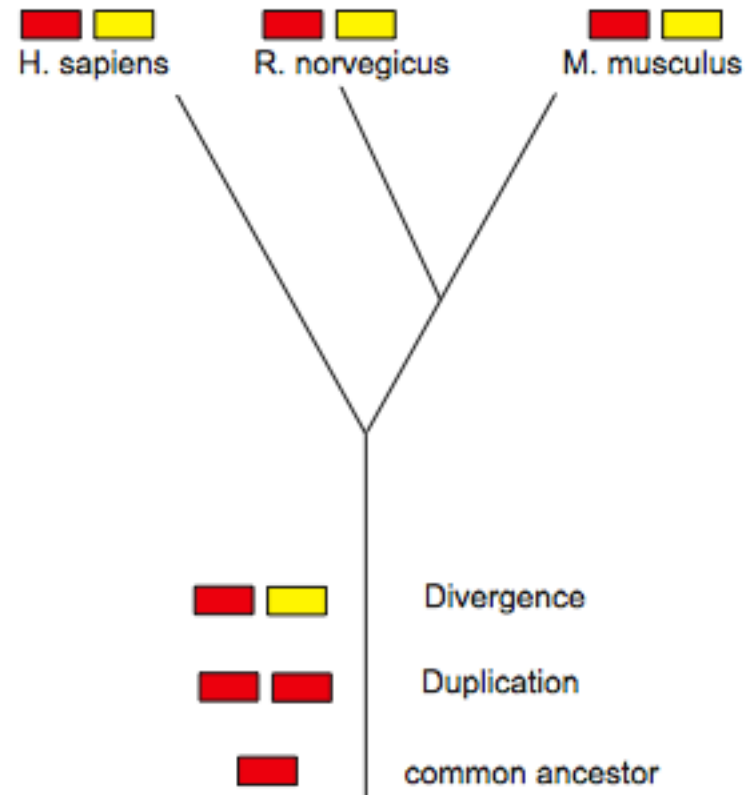
Phylogram

Figure 10.4: Phylogenetic trees drawn as cladograms (*top*) and phylograms (*bottom*). The branch lengths are unscaled in the cladograms and scaled in the phylograms. The trees can be drawn as angled form (*left*) or squared form (*right*).

Λίγη εξέλιξη: ομολογία

- Ομόλογα γονίδια: κοινός εξελικτικός πρόγονος.
- Ορθόλογα γονίδια: προέρχονται από ειδογένεση. Ουσιαστικά, ένα γονίδιο a (μεταλλαγμένο) σε δύο διαφορετικούς οργανισμούς. Συχνά έχουν την ίδια λειτουργία
- Παράλογα γονίδια: προέρχονται από γονιδιακό διπλασιασμό. Ανήκουν στην ίδια οικογένεια
- Ξενόλογα γονίδια: από οριζόντια μεταφορά

Λίγη εξέλιξη: ομολογία (II)

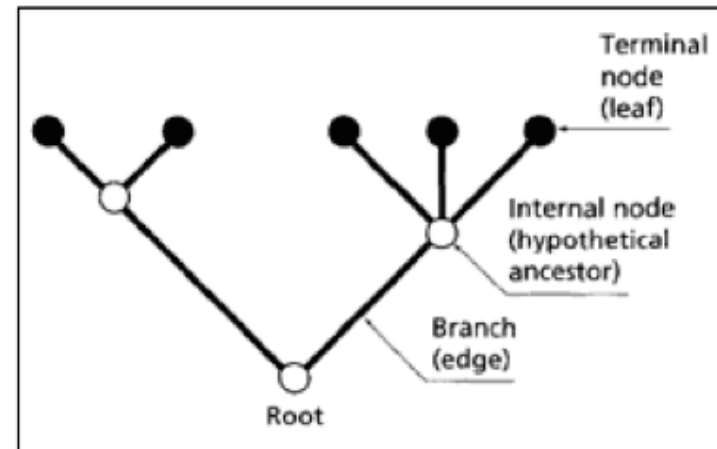


Στάδια φυλογενετικής ανάλυσης

- Επιλογή ακολουθιών:
 - Επιλογή μοριακών δεικτών
 - Εντοπισμός ομόλογων ακολουθιών
 - Π.χ. Blast, HMMs
- Πολλαπλή στοίχιση
 - Διορθώσεις στην στοίχιση
- Υπολογισμός φυλογενετικού δένδρου
 - Επιλογή εξελικτικού μοντέλου
 - Επιλογή μεθόδου δημιουργίας του δένδρου
 - Αξιολόγηση/αξιοπιστία του δένδρου

Στοιχεία ενός φυλογενετικού δένδρου

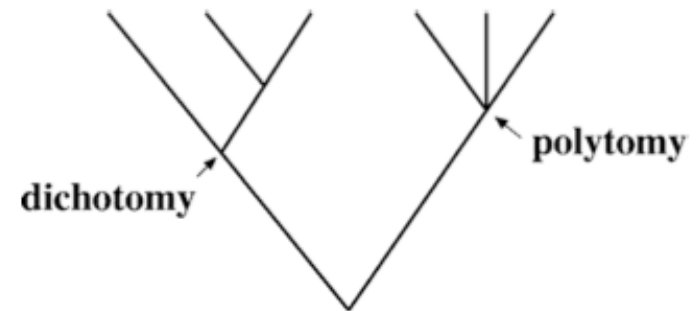
- Φύλλα (leafs)
 - Taxon
 - Operational taxonomic units (OTUs)
- Βραχίονες (branches)
- Κόμβοι (nodes)
- Κλάδοι (clades)
 - Μονοφυλετικά group
- Ρίζα (root)



Στοιχεία ενός φυλογενετικού δένδρου

- Τοπολογία του δένδρου
 - Διχοτόμιση (dichotomy)
 - Πολυτόμιση (polytomy)
 - Radiation
 - Unresolved phylogeny

Figure 10.2: A phylogenetic tree showing an example of bifurcation and multifurcation. Multifurcation is normally a result of insufficient evidence to fully resolve the tree or a result of an evolutionary process known as *radiation*.



Δένδρα με/χωρίς ρίζα

- Χωρίς ρίζα
 - Δεν γνωρίζουμε τον κοινό πρόγονο.
 - Απεικονίζονται μόνο οι σχετικές θέσεις των taxa.
 - Δεν φαίνεται η εξελικτική πορεία.
- Με ρίζα
 - Γνωρίζουμε τον κοινό πρόγονο.
 - Φαίνεται η εξελικτική πορεία.
 - Χρησιμοποιούνται:
 - Outgroup
 - Midpoint rooting approach (υποθέτει την ύπαρξη μοριακού ρολογιού - σταθερού ρυθμού εξέλιξης για όλες τις ακολουθίες).

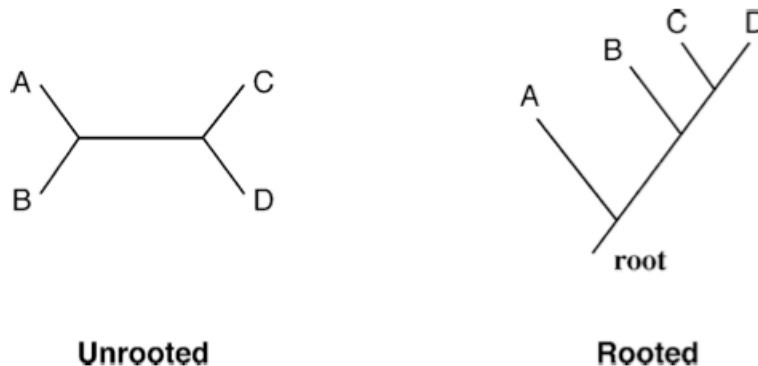


Figure 10.3: An illustration of rooted versus unrooted trees. A phylogenetic tree without definition of a root is unrooted (*left*). The tree with a root is rooted (*right*).

Δένδρα με/χωρίς ρίζα

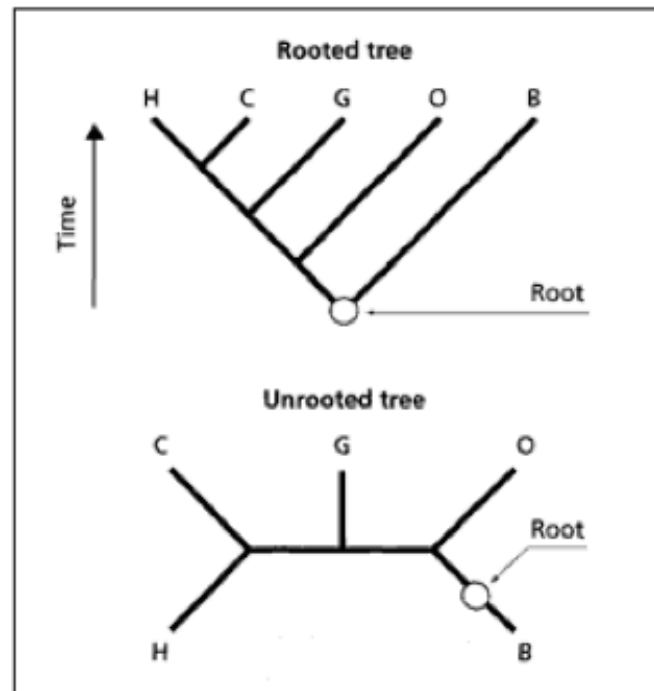


Fig. 2.6

Rooted and unrooted trees for human (H), chimp (C), gorilla (G), orang-utan (O), and gibbon (B). The rooted tree (top) corresponds to the unrooted tree below.

Δένδρα με/χωρίς ρίζα

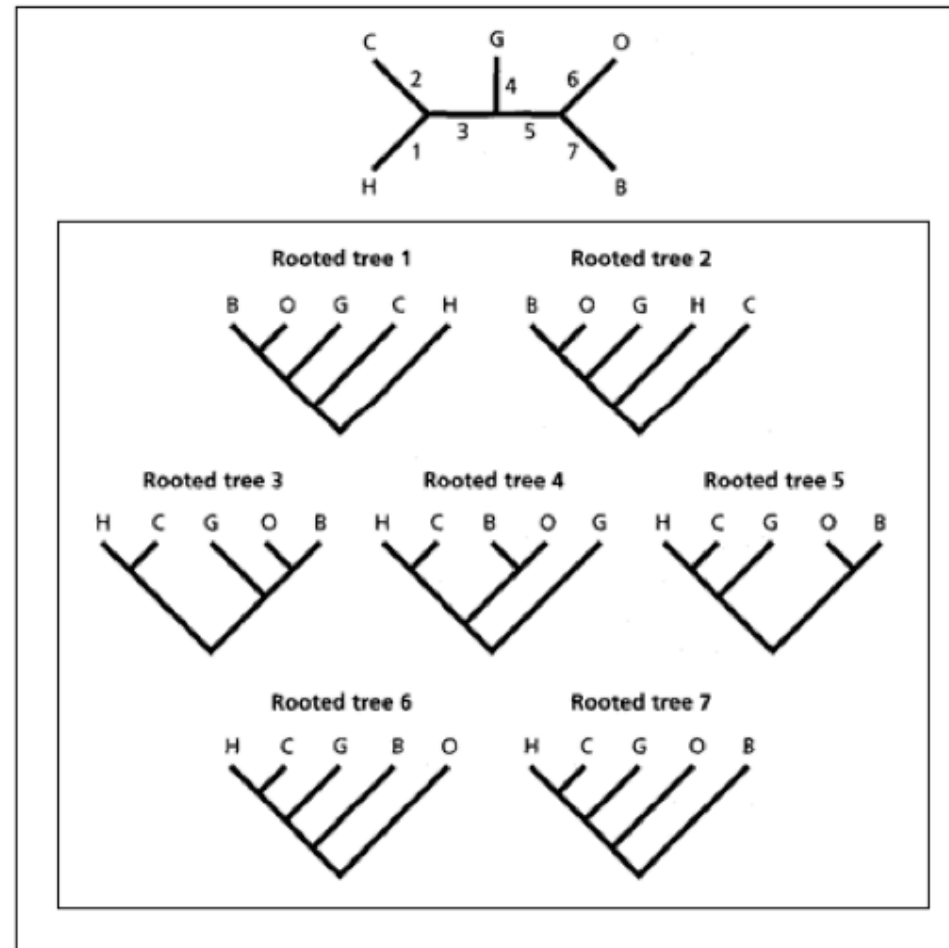
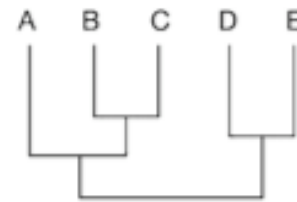
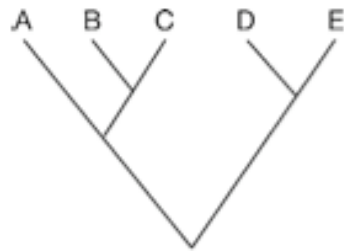


Fig. 2.7

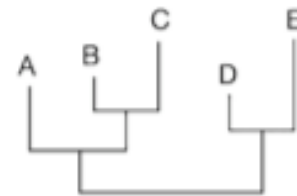
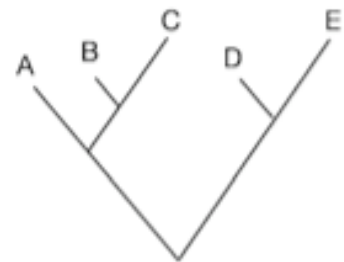
The seven rooted trees that can be derived from an unrooted tree for five sequences. Each rooted tree corresponds to placing the root on the corresponding numbered branch of the unrooted tree.

(Sequence labels as for Fig. 2.6.)

Κλαδόγραμμα/φυλόγραμμα



Cladogram

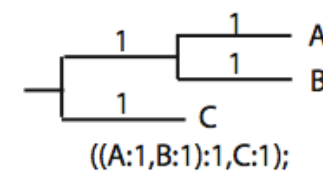
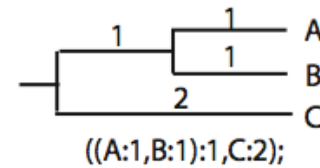
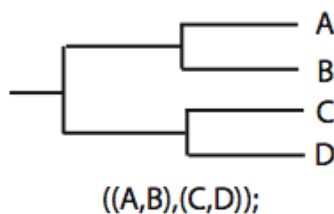
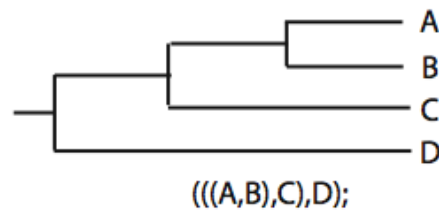
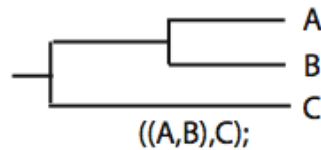


Phylogram

Figure 10.4: Phylogenetic trees drawn as cladograms (*top*) and phylograms (*bottom*). The branch lengths are unscaled in the cladograms and scaled in the phylograms. The trees can be drawn as angled form (*left*) or squared form (*right*).

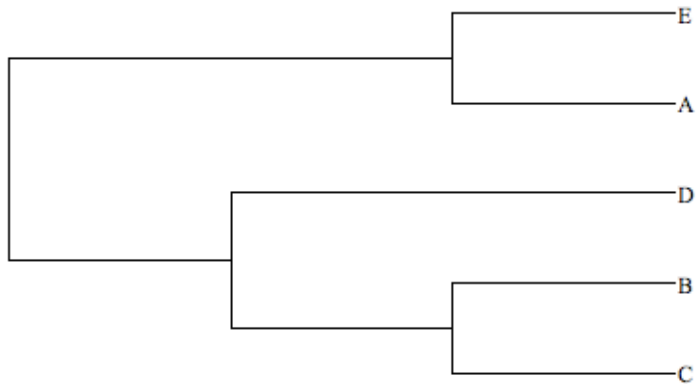
Newick format

- Δένδρα αποθηκεύονται σε μορφή Newick ή Nexus (παραλλαγή του Newick).



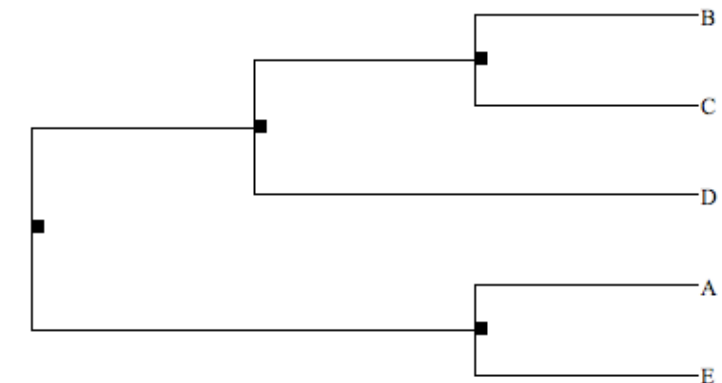
- Ποιό είναι το δένδρο: $((((C,B),D),(A,E));$

Newick format



`((C,B),D),(A,E));`

Είναι το ίδιο δένδρο;



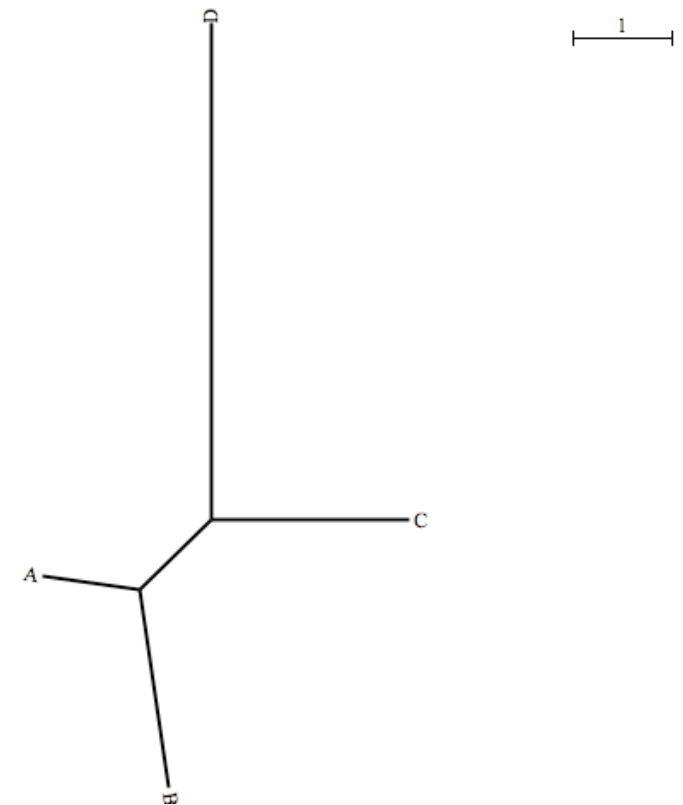
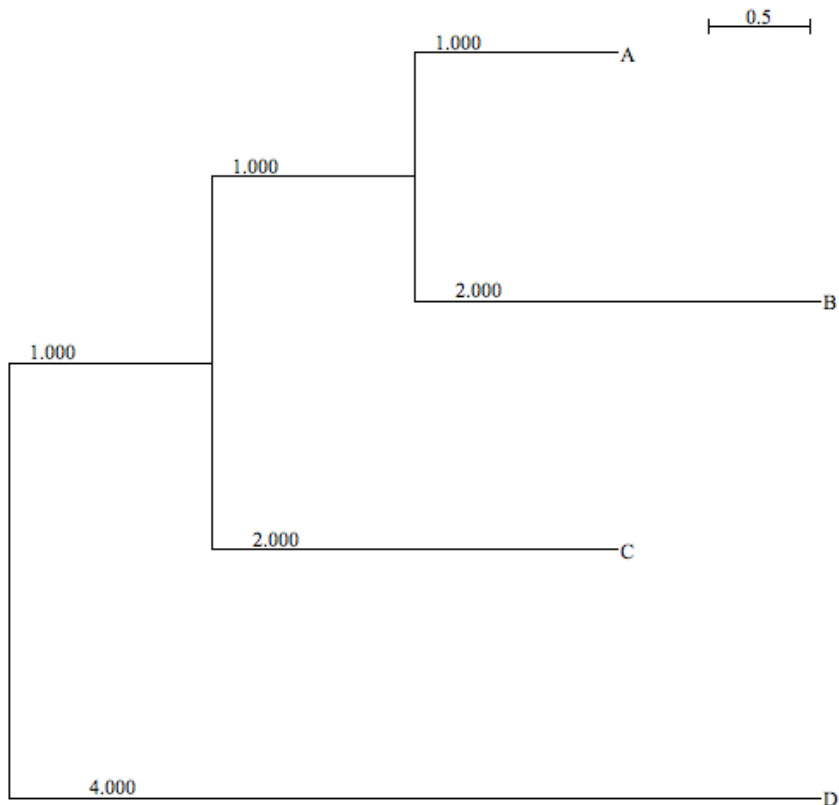
Newick format

Ποιό είναι το δένδρο;

```
((A:1,B:2):1,C:2):1,D:4);
```

Newick format

$((A:1,B:2):1,C:2):1,D:4);$
distanceAC=1+1+2



Φυλογένεση γονιδίων/ πρωτεϊνών

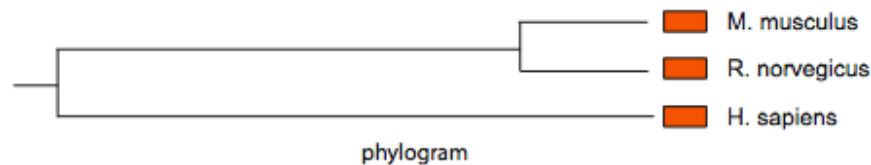
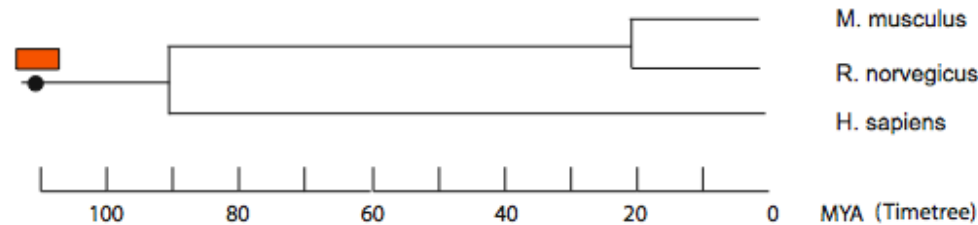
- Φυλογένεση γονιδίων ή πρωτεϊνών.
 - Δείχνει την εξελικτική πορεία μιας οικογένειας γονιδίων.
 - Κάθε κόμβος (node) στο δένδρο είναι ένας γονιδιακός διπλασιασμός ή ειδογένεση.
 - Το κάθε γονίδιο/πρωτεΐνη μπορεί να έχει διαφορετική εξελικτική πορεία (π.χ. Οριζόντια μεταφορά) ή ρυθμό εξέλιξης από τα υπόλοιπα γονίδια ενός οργανισμού.
 - Άρα, η εξελικτική πορεία ενός μόνο γονιδίου/πρωτεΐνης ενδέχεται να μην αντανακλά την εξελικτική πορεία ενός οργανισμού

Φυλογένεση οργανισμών

- Δείχνει την εξελικτική πορεία μιας ομάδας οργανισμών.
- Οι κόμβοι (nodes) στο δένδρο απεικονίζουν γεγονότα ειδογένεσης.
- Η φυλογένεση μπορεί να γίνει από:
 - μια σειρά φαινοτυπικών χαρακτήρων
 - Ένα γονίδιο μοριακό δείκτη (π.χ. 16S rRNA)
 - Μια σειρά γονιδίων
 - Από την πλειψηφία των γονιδίων του κάθε γενώματος

Φυλογένεση οργανισμών

- Επιλέγουμε/βρίσκουμε το ορθόλογο γονίδιο-δείκτη στους οργανισμούς που μελετάμε και ακολουθεί φυλογένεση



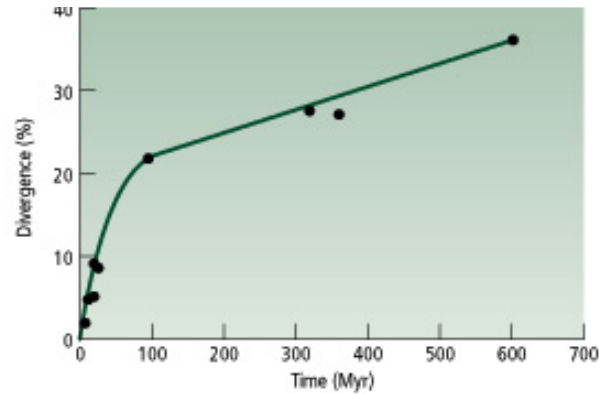
- Το ποντίκι και ο αρουραίος είχαν λιγότερο χρόνο να εξελιχθούν ξεχωριστά, από ότι ο άνθρωπος σε σχέση με το ποντίκι ή σε σχέση με τον αρουραίο. Οι μεταλλάξεις που συσσωρεύτηκαν σε κάθε ορθόλογη ακολουθία πρέπει να είναι ανάλογες του χρόνου απόκλισης των οργανισμών.
- Αν υποθέσουμε ότι ο ρυθμός μετάλλαξης είναι 1/1.000.000 χρόνια, πόσες μεταλλάξεις έχουν συσσωρευθεί σε κάθε ακολουθία, σε σχέση με τον κοινό πρόγονο;

Μοριακοί δείκτες για φυλογένεση οργανισμών

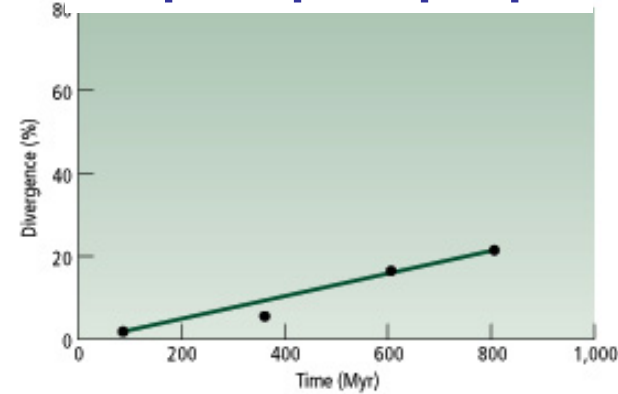
- DNA ή πρωτεΐνη, ανάλογα με την εξελικτική απόσταση των οργανισμών.
- Για πολύ 'κοντινούς' οργανισμούς:
 - Περιοχές του DNA που εξελίσσονται γρήγορα.
 - Π.χ. Για άτομα ενός ή περισσότερων πληθυσμών του ίδιου είδους, χρησιμοποιείται mtDNA που δεν κωδικοποιεί πρωτεΐνες.
- Για μέτρια αποκλίνοντες οργανισμούς:
 - rRNA ή πρωτεΐνες.
 - Mt-rRNA 10-100 MY
 - Nuc-rRNA 100-800 MY
- Για βαθιά αποκλείοντες οργανισμούς:
 - Βαθιά συντηρημένες πρωτεΐνες.

Διαφορετικά γονίδια για διαφορετικά ερωτήματα

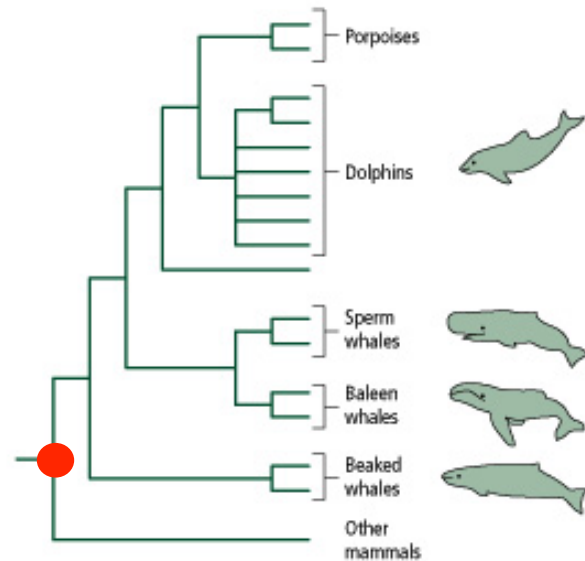
Μοριακό χρονόμετρο



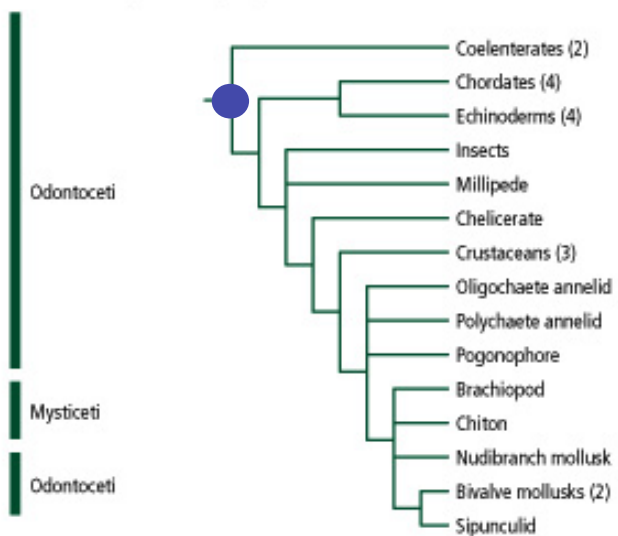
Μοριακή κλεψύδρα



(c) Cetaceans



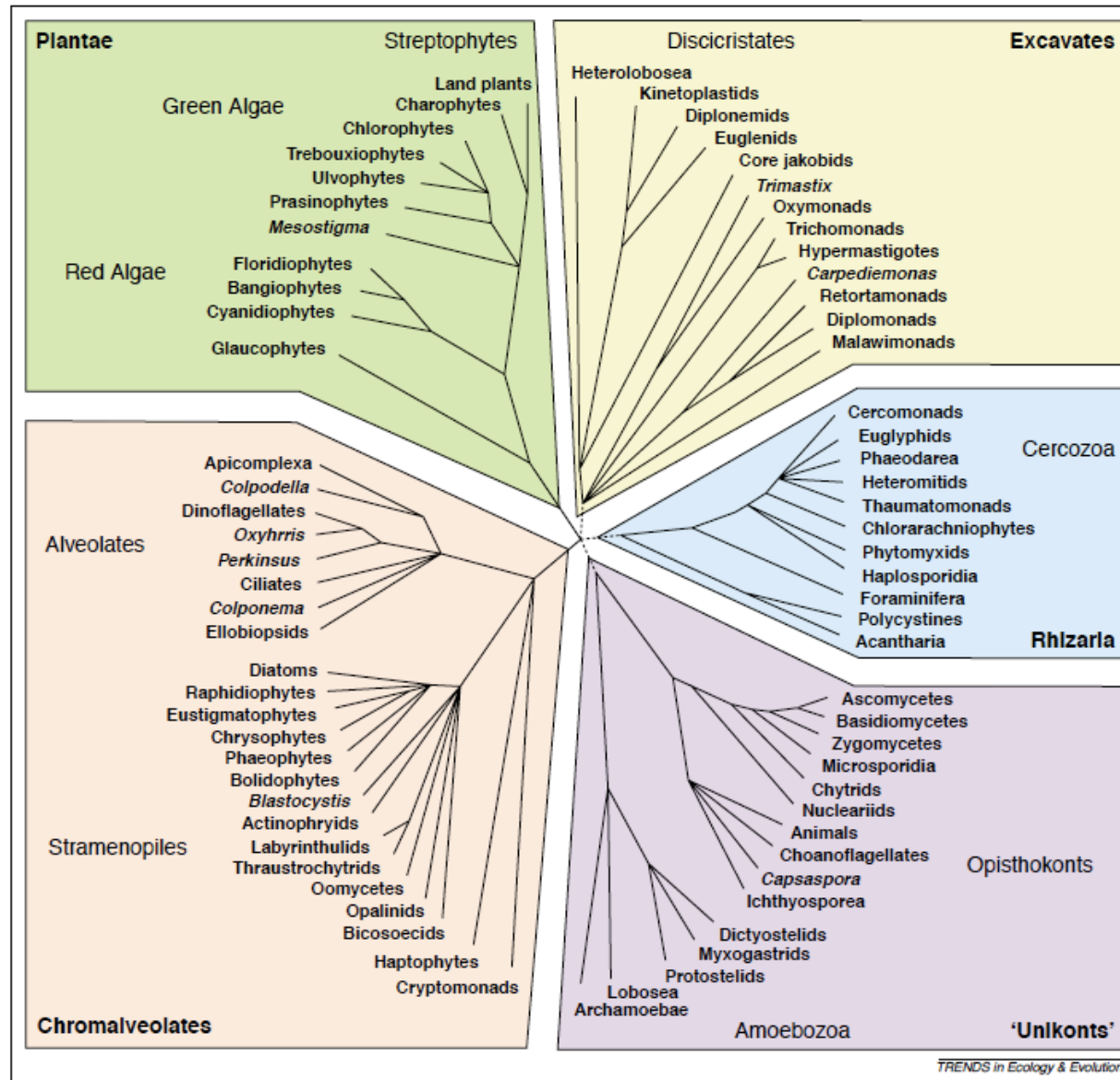
(d) Major animal groups



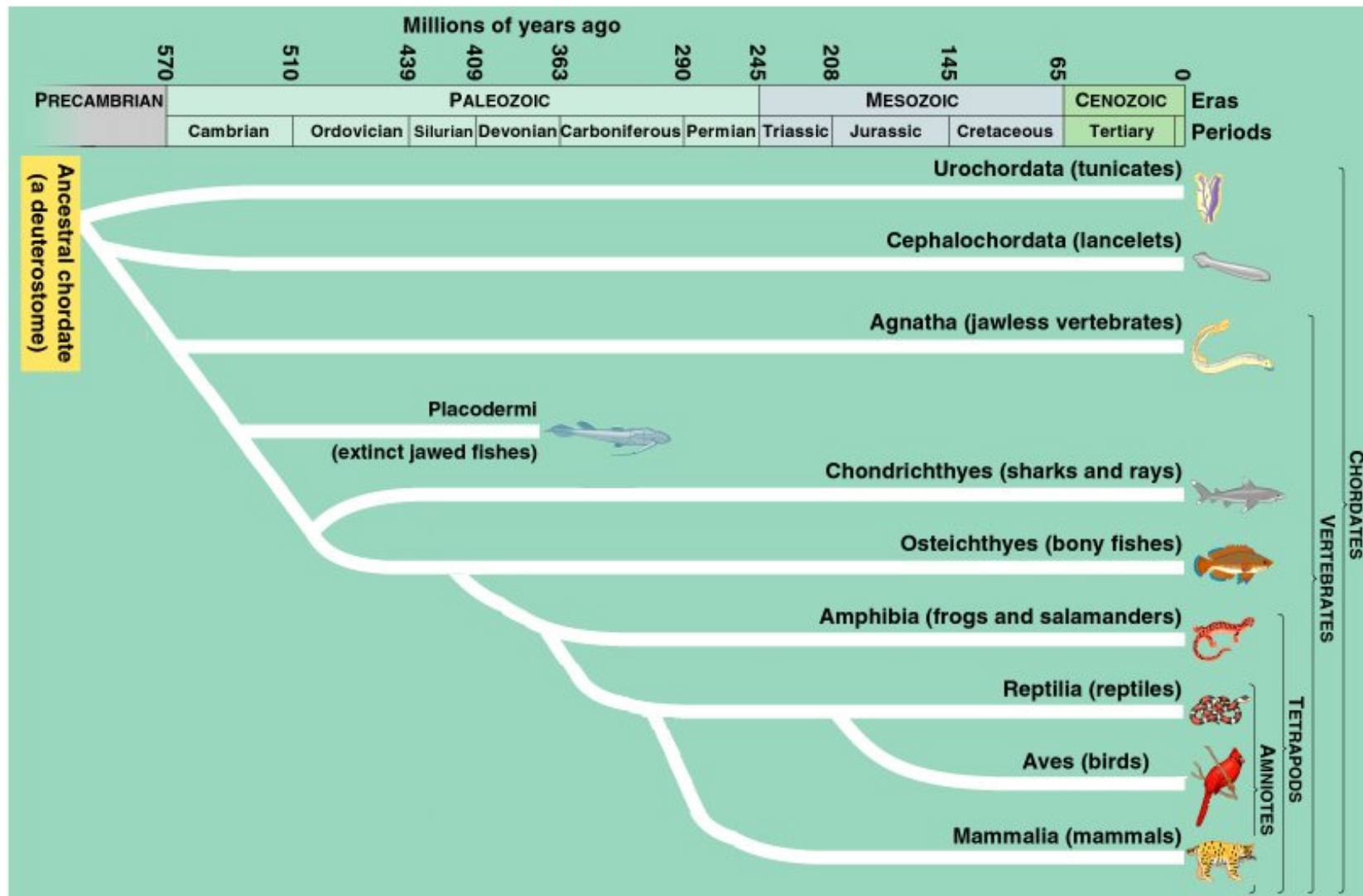
Βαθύτερη ρίζα: **35 mya (με mtRNA)**

600 mya (με πυρηνικό rRNA)

Φυλογένεση οργανισμών



Φυλογένεση χορδωτών



Φυλογένεση σπονδυλωτών

