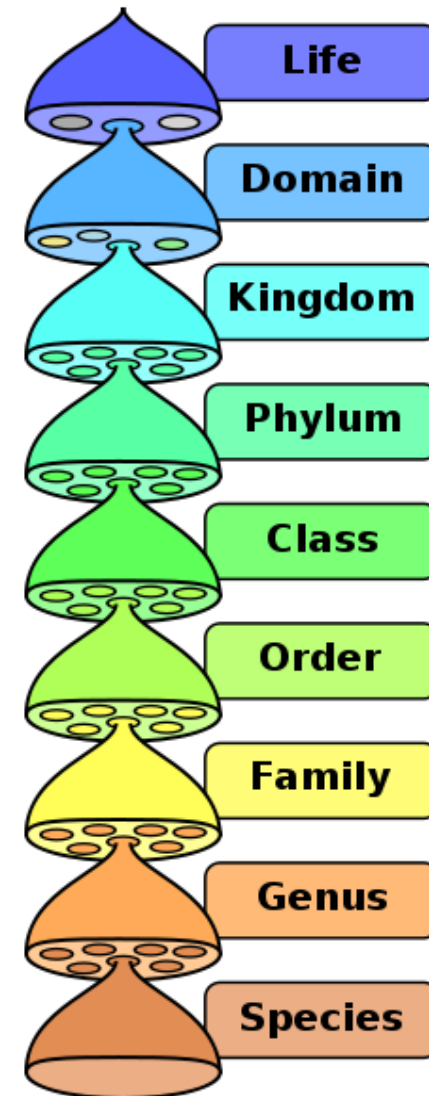


Ταξινόμιση οργανισμών

- Ιεραρχική κατηγοριοποίηση/ομαδοποίηση οργανισμών.
- Linnaeus (1707-1778) ομαδοποίησε οργανισμούς με βάση κοινούς χαρακτήρες.
- Αργότερα, η ταξινόμιση προσαρμόστηκε στην εξελικτική θεωρία του Δαρβίνου, ώστε να ομαδοποιούνται οι οργανισμοί με βάση την κοινή τους προέλευση.



NCBI taxonomy

Taxonomy browser (Homo sapiens)

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?mode=Undef&name=Homo+sapiens&lvl=0&srchmode=1

NCBI Taxonomy Browser

Entrez PubMed Nucleotide Protein Genome Structure PMC Taxonomy Books

Search for as lock

Display levels using filter:

Homo sapiens

Taxonomy ID: 9606
Genbank common name: **human**
Inherited blast name: **primates**
Rank: species
Genetic code: [Translation table 1 \(Standard\)](#)
Mitochondrial genetic code: [Translation table 2 \(Vertebrate Mitochondrial\)](#)
Other names:
 common name: **man**
 authority: **Homo sapiens Linnaeus, 1758**

Lineage(full)
[cellular organisms](#); [Eukaryota](#); [Fungi/Metazoa group](#); [Metazoa](#); [Eumetazoa](#); [Bilateria](#); [Coelomata](#); [Deuterostomia](#); [Chordata](#); [Craniata](#); [Vertebrata](#); [Gnathostomata](#); [Teleostomi](#); [Euteleostomi](#); [Sarcopterygii](#); [Tetrapoda](#); [Amniota](#); [Mammalia](#); [Theria](#); [Eutheria](#); [Euarchontoglires](#); [Primates](#); [Haplorrhini](#); [Simiiformes](#); [Catarrhini](#); [Hominoidea](#); [Hominidae](#); [Homininae](#); [Homo](#)

Entrez records		
Database name	Subtree links	Direct links
Nucleotide	7,369,888	7,369,863
Nucleotide EST	8,314,462	8,314,462
Nucleotide GSS	1,293,831	1,292,505
Protein	546,052	545,956
Structure	16,514	16,514
Genome Sequences	75	74
Genome Projects	70	70
Popset	21,908	21,908
SNP	37,824,422	37,824,422
Domains	8	8
GEO Datasets	10,875	10,875
GEO Expressions	27,034,750	27,034,750
UniGene	123,448	123,448
UniSTS	327,674	327,674
PubMed Central	8,726	8,723
Gene	45,668	45,631
HomoloGene	18,876	18,876
SRA Experiments	12,703	12,703
Taxonomy	2	1

Timetree

Time Tree :: The Timescale of Life

http://www.timetree.org/

e-Class Open Access...ormatics.ca MolecularEvolution B&B Introducing...ng Language Quick-R An On-Line Biology Book

TIME TREE
THE TIMESCALE OF LIFE

TIMETREE is a public resource for knowledge on the timescale and evolutionary history of life.
Search the database below or go to the TIMETREE OF LIFE for other resources

TIMETREE OF LIFE BOOK

ABOUT SEARCH BOOK RESOURCES NEWS FAQs CONTACT CONSORTIUM

TimeTree Search

Find time of divergence

↳(Example: Homo sapiens, Lagomorpha, dog, horses)↳

Taxon A:

Taxon B:

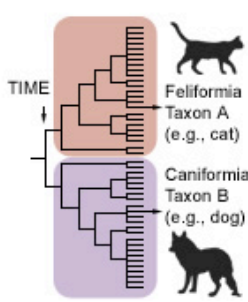
Clear Search

Search by Author

Last Name:

Clear Search

How It Works



- Two species or higher taxa are queried (e.g., cat and dog.)
- TimeTree compares all taxa in one inclusive group (e.g., Feliformia) with those in the other group (e.g., Caniformia) to find all published times of divergence for the evolutionary split.

Citing TimeTree:
Hedges SB, Dudley J & Kumar S (2006) TimeTree: a public knowledge-base of divergence times among organisms. *Bioinformatics* 22:2971-2972 [Download PDF]



Timetree



TIMETREE is a public resource for knowledge on the timescale and evolutionary history of life. Search the database below or go to the TIMETREE OF LIFE for other resources



- ABOUT
- SEARCH
- BOOK
- RESOURCES
- NEWS
- FAQs
- CONTACT

CAUTION: These results are sensitive to both the classification (taxonomic names) and the "guide tree" used. For both, TimeTree uses [NCBI's Taxonomy Browser](#) which will yield a reliable result in most cases. However, NCBI may not use the classification you believe to be correct, or that was used by a study being queried, in which case the time estimates presented here may be unusable. Other options will be available in the future. Until then, check the individual study results at the bottom of the page for proper taxonomy before using summary information. If in doubt, consult [The Timetree of Life](#) or original literature.

Summary Information

Query Taxa: Rattus/Mus musculus		
Result Comparison	Rattus/Mus	
Study	Weighted Average (#genes)	Simple Average
All (43)	36.8 Mya	26.1 Mya
Nuclear (25)	38.0 Mya	27.2 Mya
Mitochondrial (13)	35.8 Mya	26.7 Mya
Mixed (5)	19.4 Mya	19.0 Mya

Molecular Time Estimates

(values for estimates of standard error/deviation or confidence interval can be seen by clicking on individual times)
*Note: If you would like to suggest a publication for inclusion please [send us](#) a PubMed ID or PDF file.

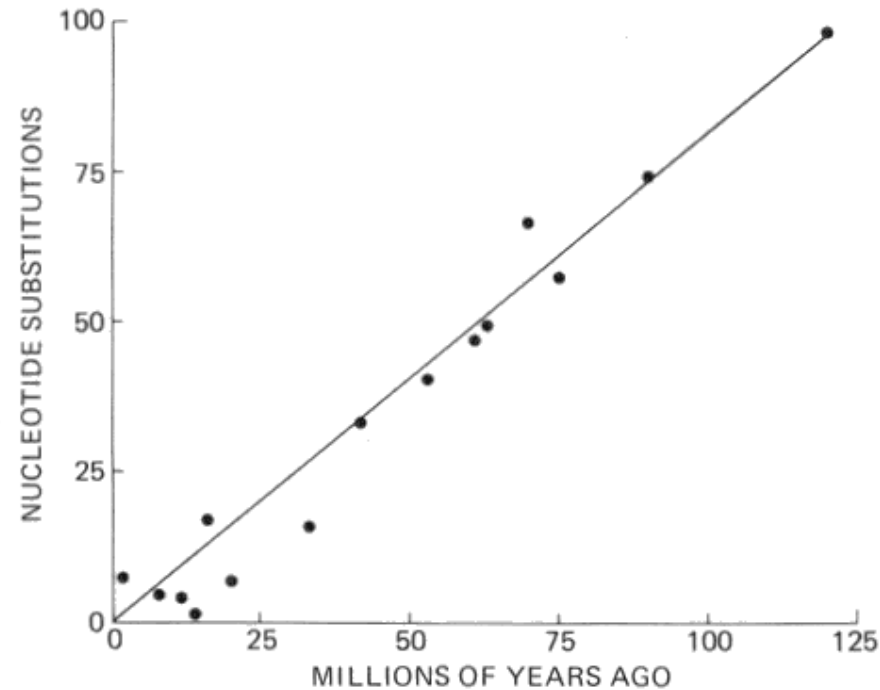
Gene type	Timings	Publication Year	Source	Publication Title	PubMed
Mitochondrial	2	2007		Phylogenetic analyses of complete mi ...	Horner et al.
Time	# Genes	Taxon A	Taxon B	Data Type	Source
15.1	12	Rattus	Mus	Amino	table 3
15.9	12	Rattus	Mus	Nucleotide	table 3
Mixed	1	2007		Multiple molecular evidences for a l ...	Huchon et al.
Time	# Genes	Taxon A	Taxon B	Data Type	Source
16.4	6	Rattus	Mus	Nucleotide	figure s1
Mixed	1	2007		Using genomic data to unravel the ro ...	Murphy et al.
Time	# Genes	Taxon A	Taxon B	Data Type	Source
15.9	19	Rattus	Mus	Nucleotide	Supp Table 2
Nuclear	1	2007		Calibration choice, rate smoothing, ...	Hugall et al.
Time	# Genes	Taxon A	Taxon B	Data Type	Source
27.0	1	Rattus	Mus	Nucleotide	table 3
Nuclear	1	2006		The pattern and timing of diversific ...	Jansa et al.
Time	# Genes	Taxon A	Taxon B	Data Type	Source
18.7	1	Rattus	Mus	Nucleotide	Table 5
Mitochondrial	1	2006		A mitogenomic timescale for birds de ...	Pereira et al.
Time	# Genes	Taxon A	Taxon B	Data Type	Source
53.6	37	Rattus	Mus	Nucleotide	table 1
Nuclear	1	2006		Housekeeping genes for phylogenetic ...	Kullberg et al.
Time	# Genes	Taxon A	Taxon B	Data Type	Source
43.0	8	Rattus norvegicus	Mus musculus	Amino	table 5
Mixed	1	2006		Molecular phylogeny of the Cricetina ...	Neumann et al.
Time	# Genes	Taxon A	Taxon B	Data Type	Source
12.9	3	Rattus	Mus	Nucleotide	Table 3

Ιστότοποι/ΒΔ για βιοποικιλότητα

<http://www.timetree.org/resources.php>

Web Resources	
Biodiversity Sites	
AmphibiaWeb	An online system to search and retrieve information relating to amphibian biology and conservation.
Animal Diversity	An online database of animal natural history, distribution, classification, and conservation biology.
AntWeb	An advanced biodiversity information system at species level dedicated to ants.
Arkive	A unique collection of thousands of videos, images and fact-files illustrating the world's species.
Catalogue of Life	An informal partnership dedicated to creating an index of the world's organisms.
Encyclopedia of Life	Information about all known species, including their taxonomy, geographic distribution, collections, genetics, evolutionary history, morphology, behavior, ecological relationships, etc..
FishBase	A global information system about fishes.
Global Biodiversity Information Facility	A source for information on biological specimen and observational data with access to more than 135 million data records from around the world.
IUCN Redlist	A comprehensive inventory of the global conservation status of plant and animal species.
Micro*scope	Descriptive information and images about all kinds of microbes.
Taxonomy Browser	The names of all organisms that are represented in the genetic databases with at least one nucleotide or protein sequence, arranged hierarchically.

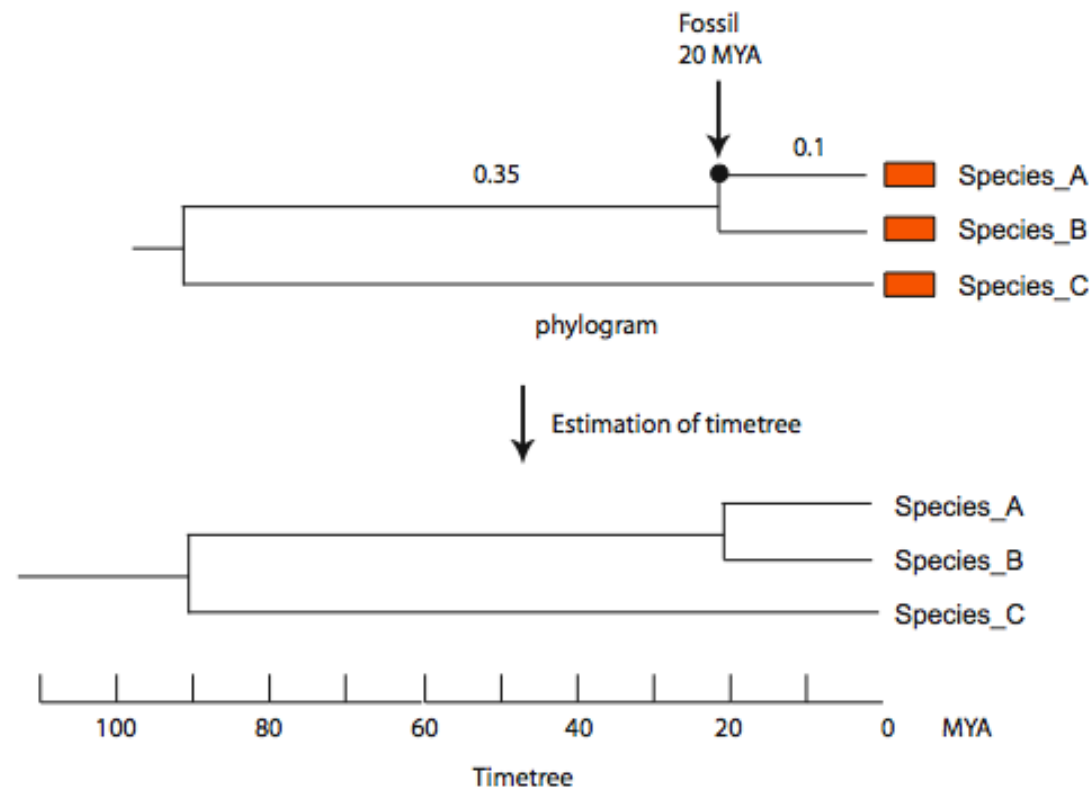
Μοριακά ρολόγια



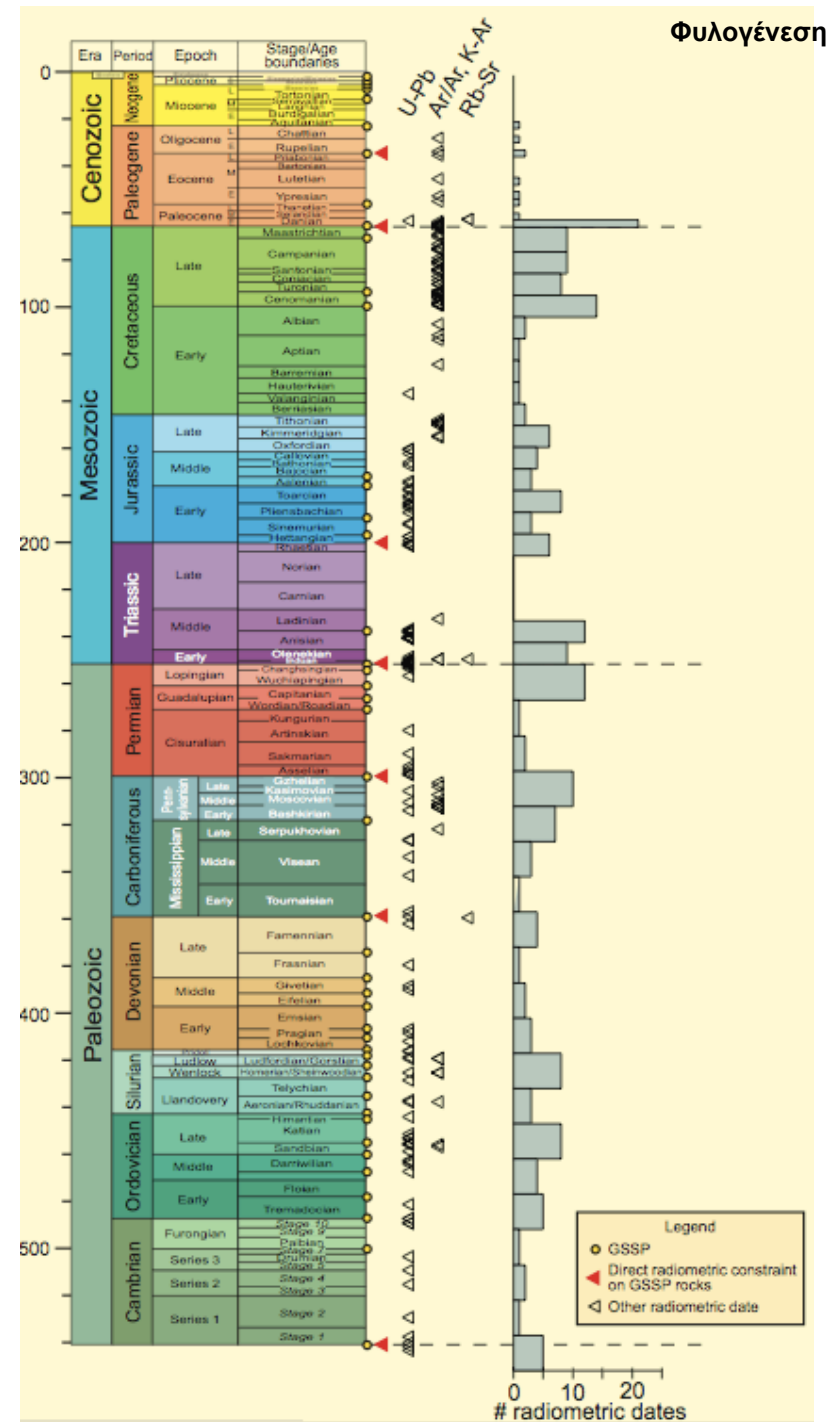
- Inferred pairwise nucleotide substitutions among 17 mammal species from seven gene products, as estimated from protein studies, plotted against date of divergence, as estimated from the fossil record. The line is drawn from the origin through the oldest comparison (the marsupial / placental divergence at 125 MYBP). The strong linear relationship suggests that **molecular differences between pairs of species are proportional to the time of their separation**, rather than the degree of organismal difference. Therefore, measures of genetic divergence can be used to date the time of divergence for species pairs for which no fossil data are available: genes function as **Molecular Clocks**. (from **A. C. Wilson** 1976).

Μοριακά ρολόγια

- Υποθέτουν ένα σταθερό ρυθμό μεταλλάξεων για μια εξελικτική γραμμή.
- Χρονολογημένα απολιθώματα επιτρέπουν την 'ζυγοστάθμιση' (calibration) του μοριακού ρολογιού.
- Ρυθμός εξέλιξης διαφέρει μεταξύ γονιδίων
- Στην πραγματικότητα, ο ρυθμός εξέλιξης μπορεί να μεταβάλλεται (επιβράδυνση ή επιτάχυνση) κατά τη διάρκεια εξέλιξης ενός κλάδου



Γεωλογικές περίοδοι



Απολιθώματα που χρησιμοποιούνται για ζυγοστάθμιση του μοριακού ρολογιού

www.fossilrecord.net

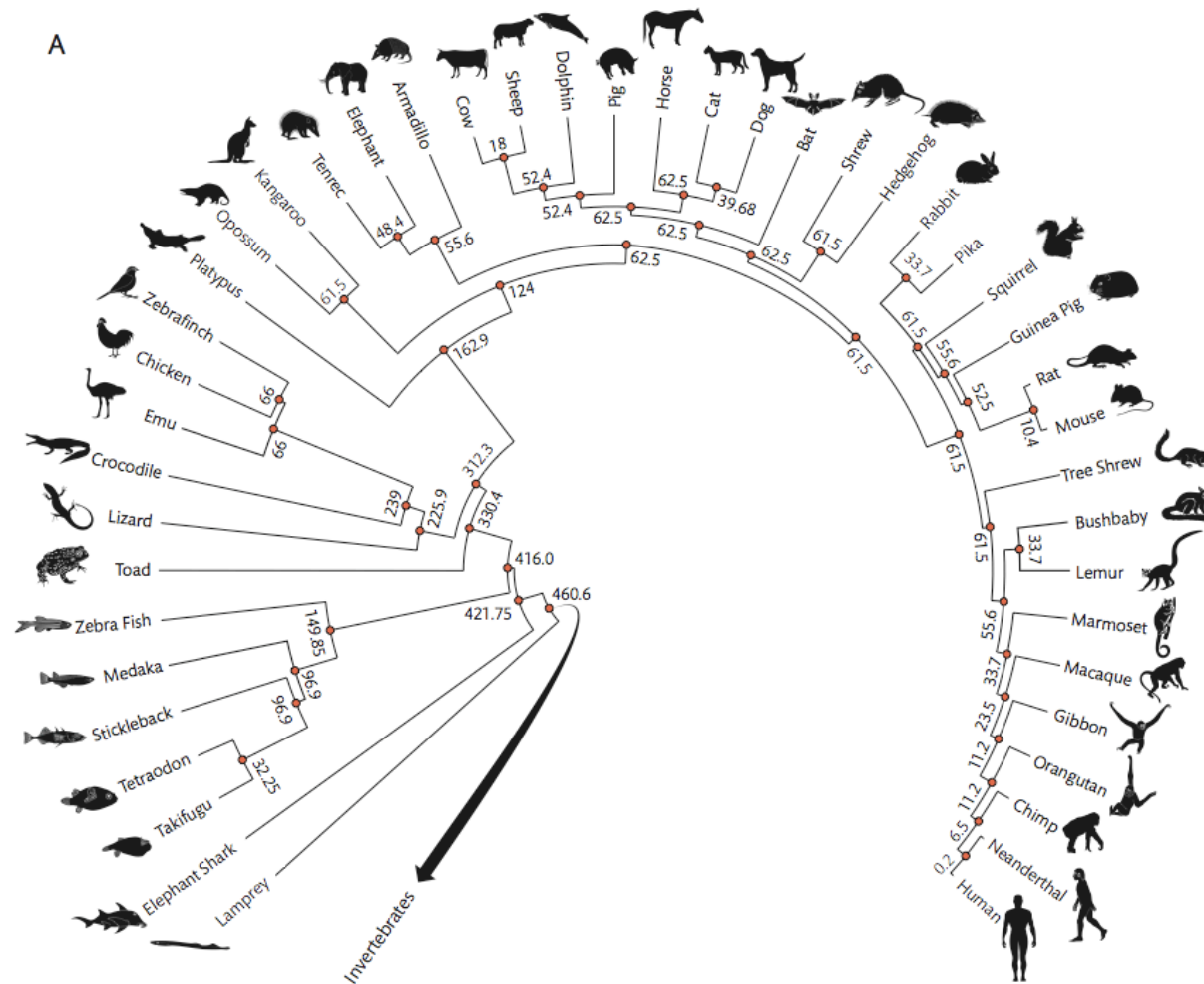


Fig. 3 Continues

Απολιθώματα που χρησιμοποιούνται για ζυγοστάθμιση του μοριακού ρολογιού

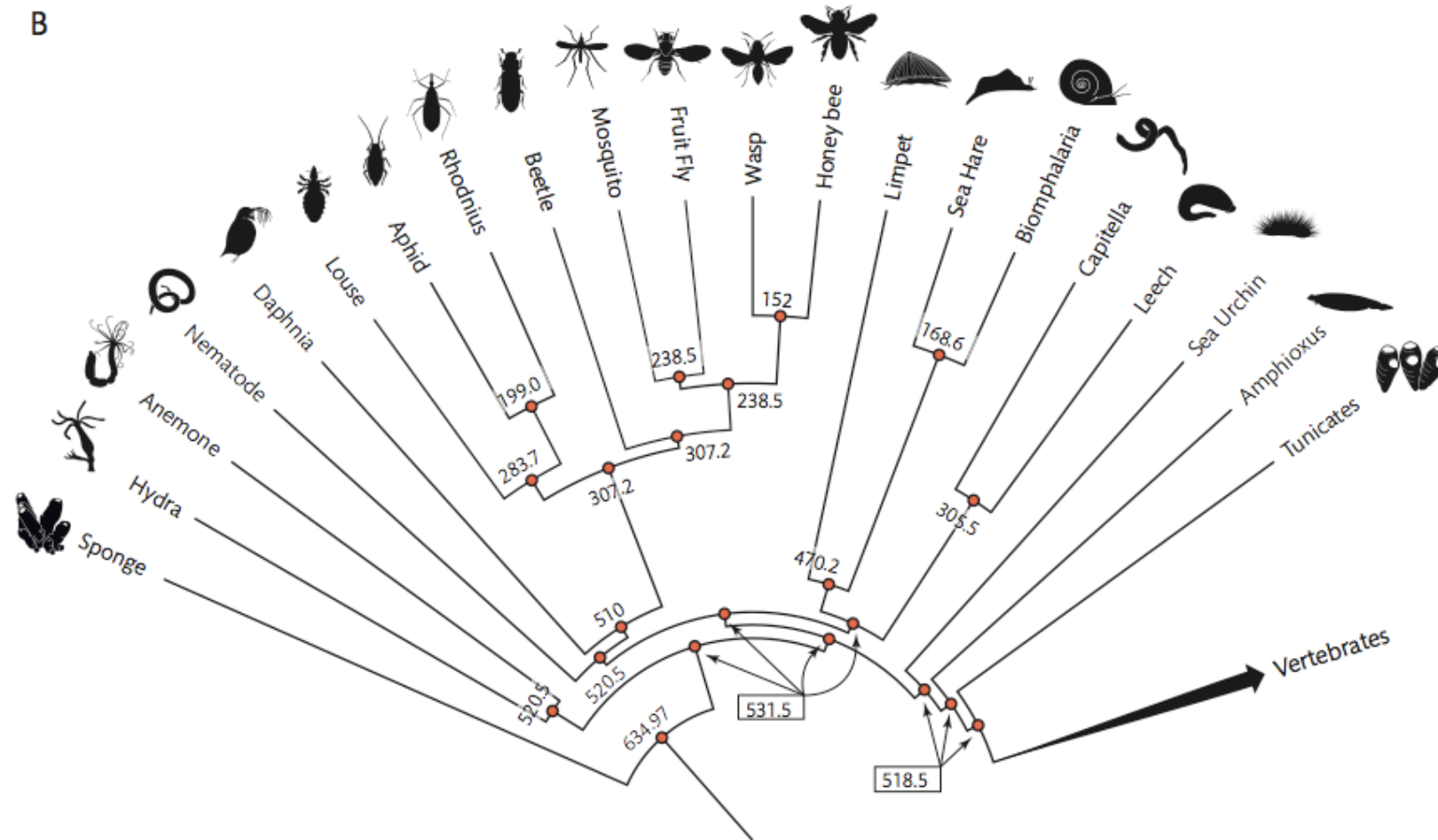
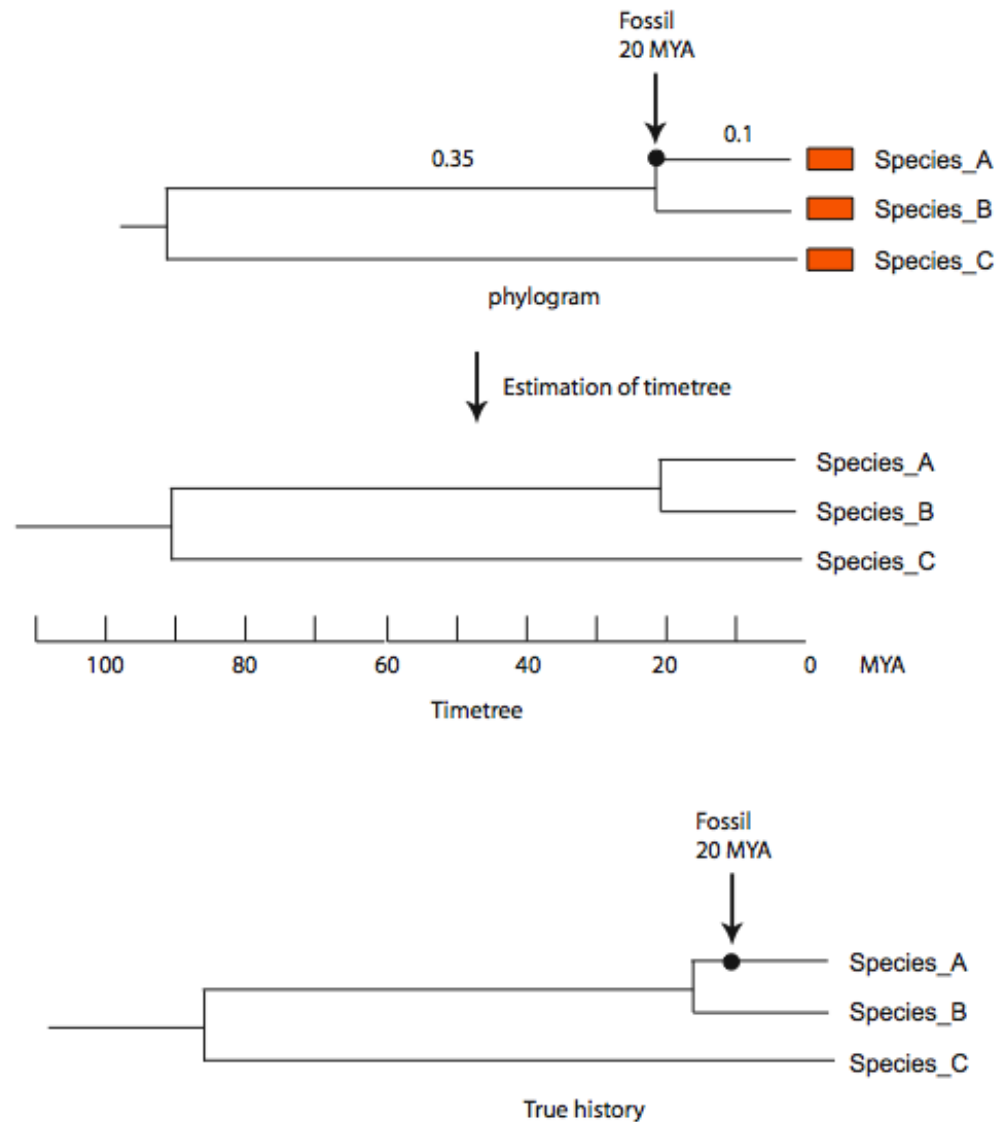


Fig. 3 Summary of paleontological constraints (in myr) on metazoan phylogeny. A. Vertebrates. B. Invertebrates. The dates are minimum constraints, and soft maximum constraints are given in the text, and at <http://www.fossilrecord.net/>.

Προβλήματα με τα απολιθώματα

- Χρονολογημένα απολιθώματα υποτιμούν τον χρόνο εμφάνισης μιας εξελικτικής γραμμής:
 - Όταν συνέβη η απολίθωση, ο κοινός πρόγονος ήταν ήδη παρόν για κάποιο χρονικό διάστημα.
 - Ο κοινός πρόγονος χρειάστηκε κάποιο χρόνο από την στιγμή της εμφάνισης του μέχρι να εξαπλωθεί γεωγραφικά και να βρίσκεται σε αφθονία, ώστε ένα τυχαίο γεγονός να οδηγήσει στην απολίθωση κάποιων ατόμων.
 - Τα απολιθώματα αποτελούν το κατώτατο χρονικό όριο εμφάνισης μιας εξελικτικής γραμμής

Χρονολογημένα απολιθώματα υποτιμούν τον χρόνο εμφάνισης μιας εξελικτικής γραμμής



Το πρόβλημα της Κάμβριας περιόδου

- Από τα απολιθώματα συμπεραίνουμε ότι οι περισσότερες και κυριότερες εξελικτικές γραμμές των μετάζωων εμφανίστηκαν ξαφνικά, σε μια σύντομη περίοδο πριν ~550 εκ. χρόνια, μεταξύ της προ-κάμβριας και κάμβριας περιόδου (Κάμβρια έκρηξη).
- Μελέτες με μοριακά ρολόγια δείχνουν ότι αυτές οι εξελικτικές γραμμές εμφανίστηκαν πολλές εκατοντάδες εκατομύρια χρόνια πιο πριν!

Απολιθώματα και μοριακή χρονολόγηση

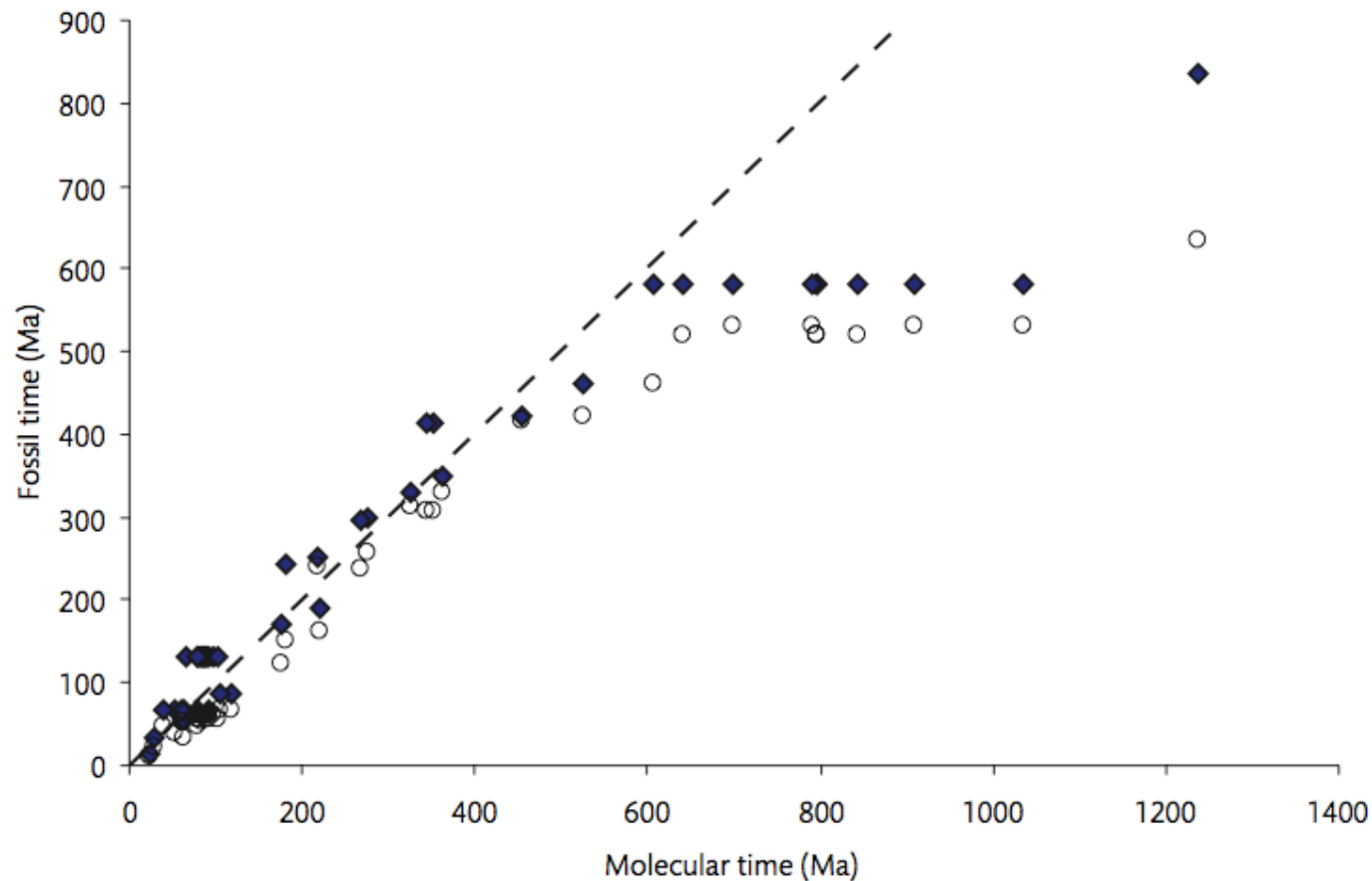


Fig. 3 Relationship between molecular time estimates (x-axis), based on data from *The Timetree of Life* (78) and fossil time estimates (y-axis) (55). Open circles = fossil minimum times; closed diamonds = fossil soft maximum times; dashed line = 1:1 relationship; Ma = million years ago.

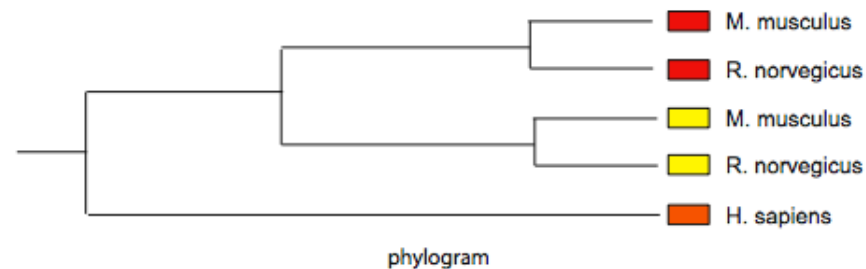
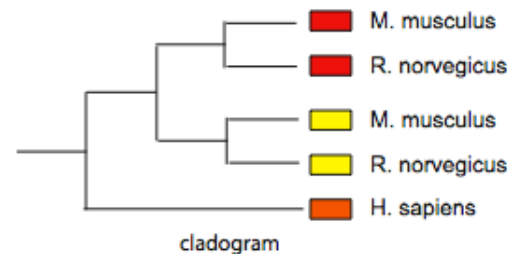
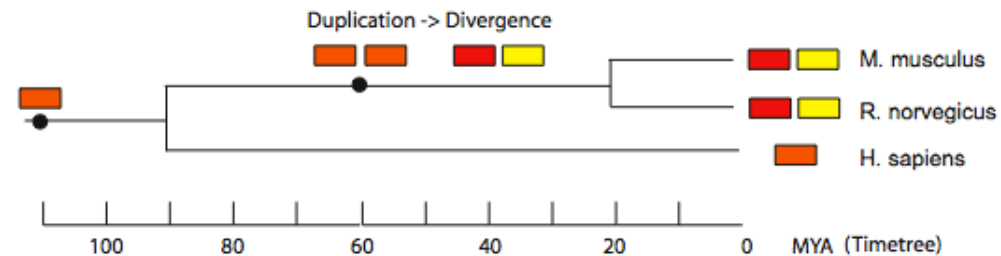
Το πρόβλημα της Κάμβριας περιόδου

- Είναι δυνατόν αβιοτικοί παράγοντες να επηρέασαν τη διαδικασία απολίθωσης.
- Το οξυγόνο αυξήθηκε δραματικά και πλησίασε στα σημερινά του επίπεδα την περίοδο του Κάμβριου (580-542 ΜΥΑ).
- Μεγαλύτερη συγκέντρωση οξυγόνου επέτρεψε τους οργανισμούς να αυξήσουν το μέγεθός τους.
- Μεγαλύτερο μέγεθος χρειάστηκε δομές που να συγκρατούν το βάρος. Αυτές οι νέες δομές μπορεί να ήταν πιο εύκολο να διατηρηθούν ως απολιθώματα.
- Πιθανόν, η μορφολογία των οργανισμών στην προ-κάμβρια περίοδο να μην επέτρεπε την απολίθωσή τους.

Φυλογένεση γονιδίων

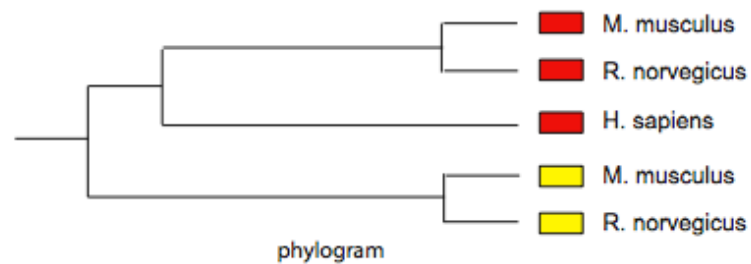
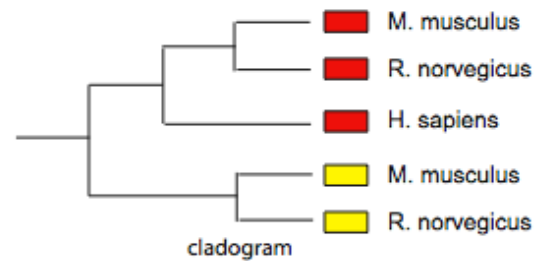
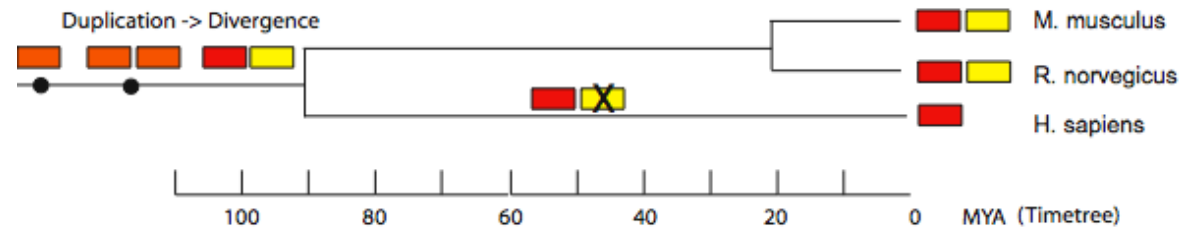
Βρίσκουμε τις ομόλογες ακολουθίες στους οργανισμούς που μας ενδιαφέρουν και ακολουθεί φυλογένεση, για να καταλάβουμε πότε συνέβησαν οι γονιδιακοί διπλασιασμοί, και ποιιά ομόλογα είναι πιο κοντινά μεταξύ τους.

Πρέπει να γνωρίζουμε τις εξελικτικές σχέσεις των οργανισμών



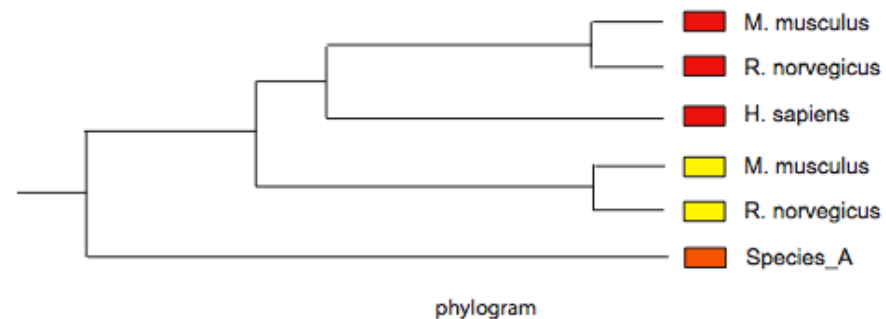
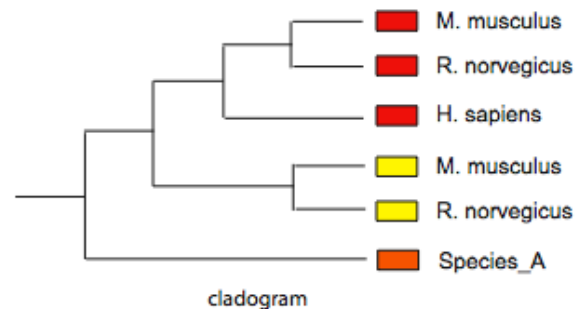
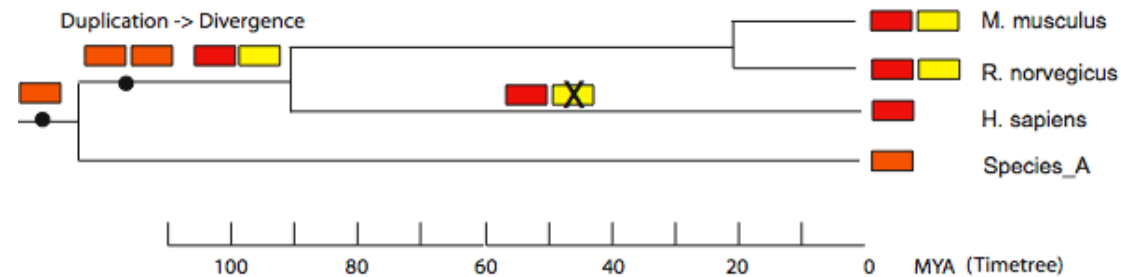
Φυλογένεση γονιδίων

- Απώλεια αντίγραφου



Φυλογένεση γονιδίων

Δειγματοληψία ορθόλογων από πιο απομακρυσμένους οργανισμούς, μέχρι να εντοπιστεί ο χρόνος που συνέβη ο διπλασιασμός. Απολιθώματα βοηθούν στην χρονολόγηση



Δένδρα συναίνεσης

- Μια μέθοδος μπορεί να οδηγήσει σε περισσότερα από ένα εξίσου καλά δένδρα.
- Ή, από τα ίδια δεδομένα, δημιουργούνται δένδρα με διαφορετικές μεθόδους.
- Το δένδρο συναίνεσης δείχνει ποιοί κόμβοι είναι κοινοί μεταξύ των διαφόρων δένδρων.
- Για κόμβους που δεν παρατηρείται συμφωνία, εμφανίζονται ως πολυτομημένοι.
- Μέθοδοι δημιουργίας δένδρου συναίνεσης:
 - απόλυτη συναίνεση (strict consensus) (100%)
 - Μέθοδος πλειοψηφίας (majority rule) (>50%)

Δένδρα συναίνεσης

- Το παράδειγμα της φυλογενετικής σχέσης ανθρώπου-χιμπατζή-γορίλα

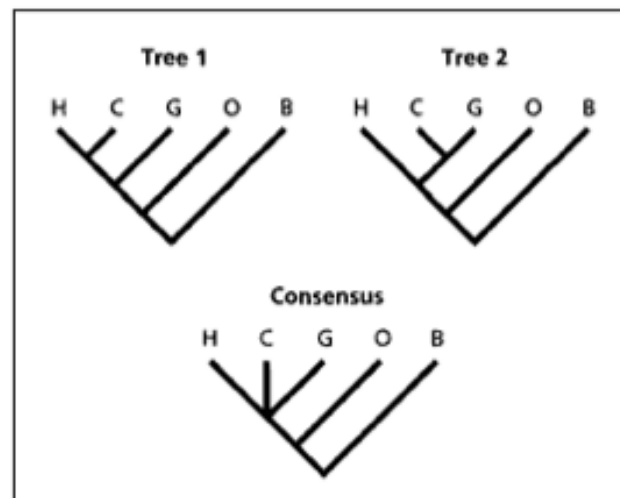


Fig. 2.26
Two different trees for humans (H), chimps (C), gorillas (G), orang-utans (O) and gibbons (B), and their consensus tree.

Πόσα πιθανά δένδρα;

- Το σύνολο των πιθανών διαφορετικών δένδρων για ένα αριθμό taxa αυξάνει εκθετικά

$$N_R = (2n - 3)!/2^{n-2}(n - 2)! \quad (\text{Eq. 10.1})$$

In this formula, $(2n - 3)!$ is a mathematical expression of factorial, which is the product of positive integers from 1 to $2n - 3$. For example, $5! = 1 \times 2 \times 3 \times 4 \times 5 = 120$.

For unrooted trees, the number of unrooted tree topologies (N_U) is:

$$N_U = (2n - 5)!/2^{n-3}(n - 3)! \quad (\text{Eq. 10.2})$$

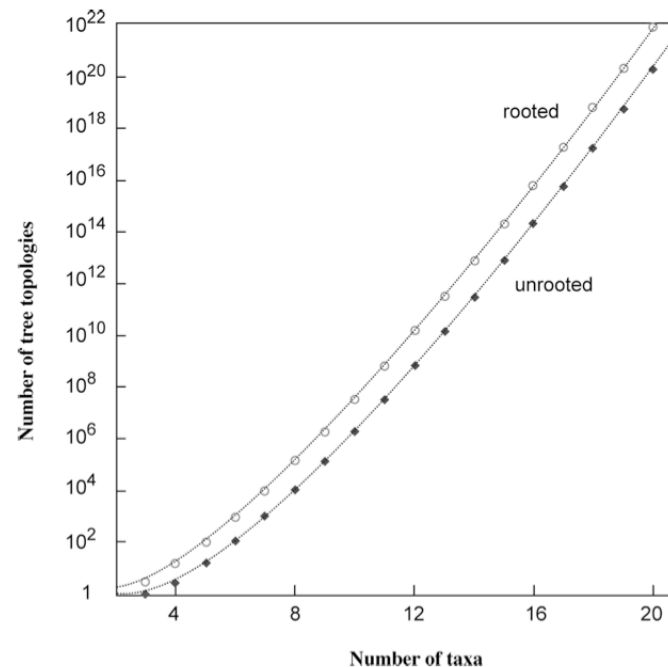


Figure 10.8: Total number of rooted (○) and unrooted (◆) tree topologies as a function of the number of taxa. The values in the y -axis are plotted in the log scale.

Πόσα πιθανά δένδρα;

