

Φυλογένεση

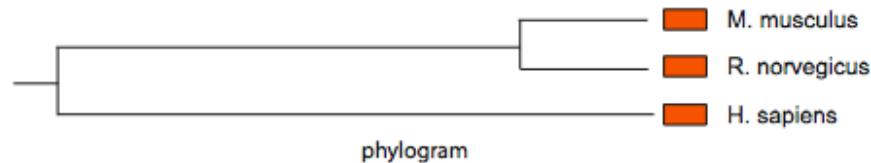
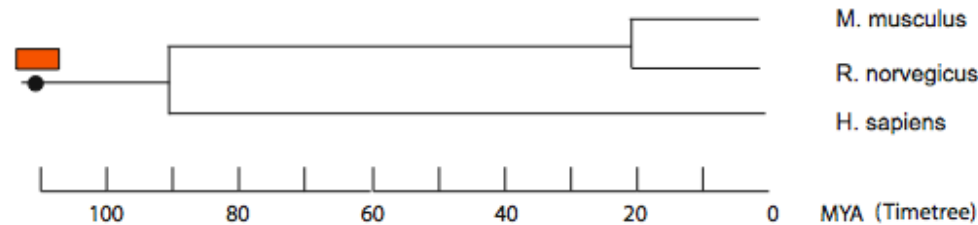
5ο εργαστήριο

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 πλειοψηφία των γονιδίων του κάθε γενώματος

Φυλογένεση οργανισμών

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



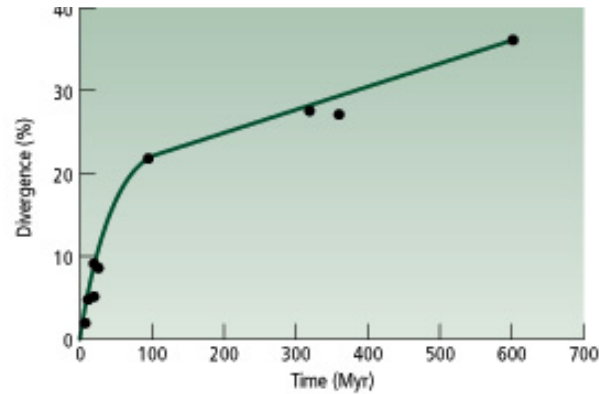
- Το ποντίκι και ο αρουραίος είχαν λιγότερο χρόνο να εξελιχθούν ξεχωριστά, από ότι ο άνθρωπος σε σχέση με το ποντίκι ή σε σχέση με τον αρουραίο. Οι μεταλλάξεις που συσσωρεύτηκαν σε κάθε ορθόλογη ακολουθία πρέπει να είναι ανάλογες του χρόνου απόκλισης των οργανισμών.

Μοριακοί δείκτες για φυλογένεση οργανισμών

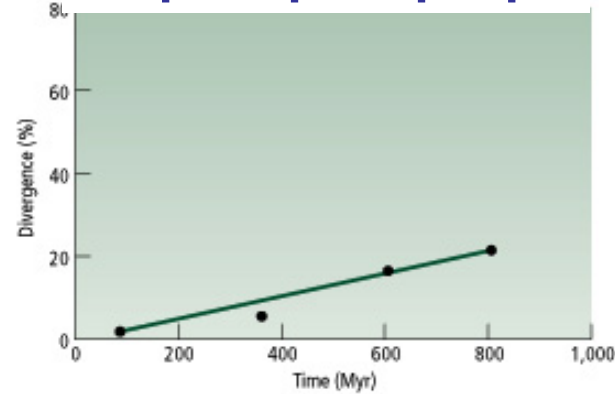
- DNA ή πρωτεΐνη, ανάλογα με την εξελικτική απόσταση των οργανισμών.
- Για πολύ 'κοντινούς' οργανισμούς:
 - Περιοχές του DNA που εξελίσσονται γρήγορα.
 - Π.χ. Για άτομα ενός ή περισσότερων πληθυσμών του ίδιου είδους, χρησιμοποιείται mtDNA που δεν κωδικοποιεί πρωτεΐνες.
- Για μέτρια αποκλίνοντες οργανισμούς:
 - 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

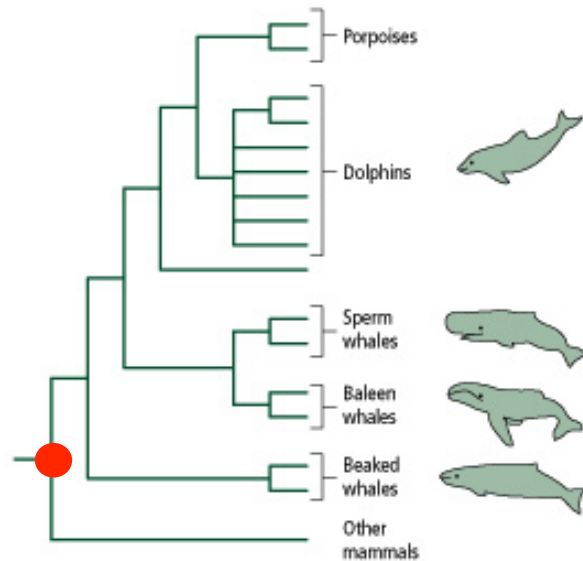
Μοριακό χρονόμετρο



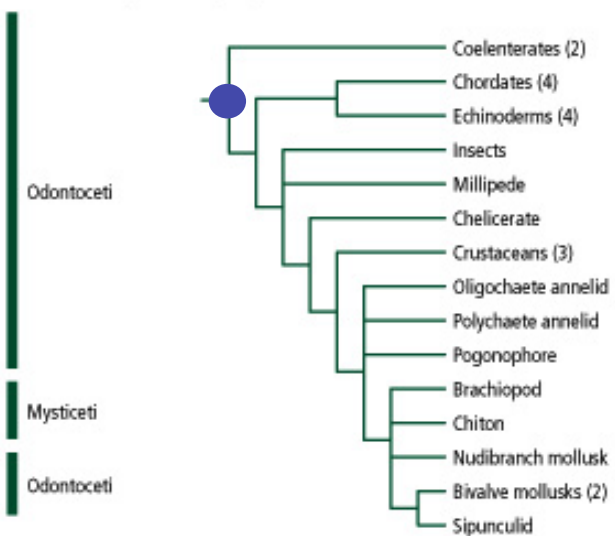
Μοριακή κλεψύδρα



(c) Cetaceans



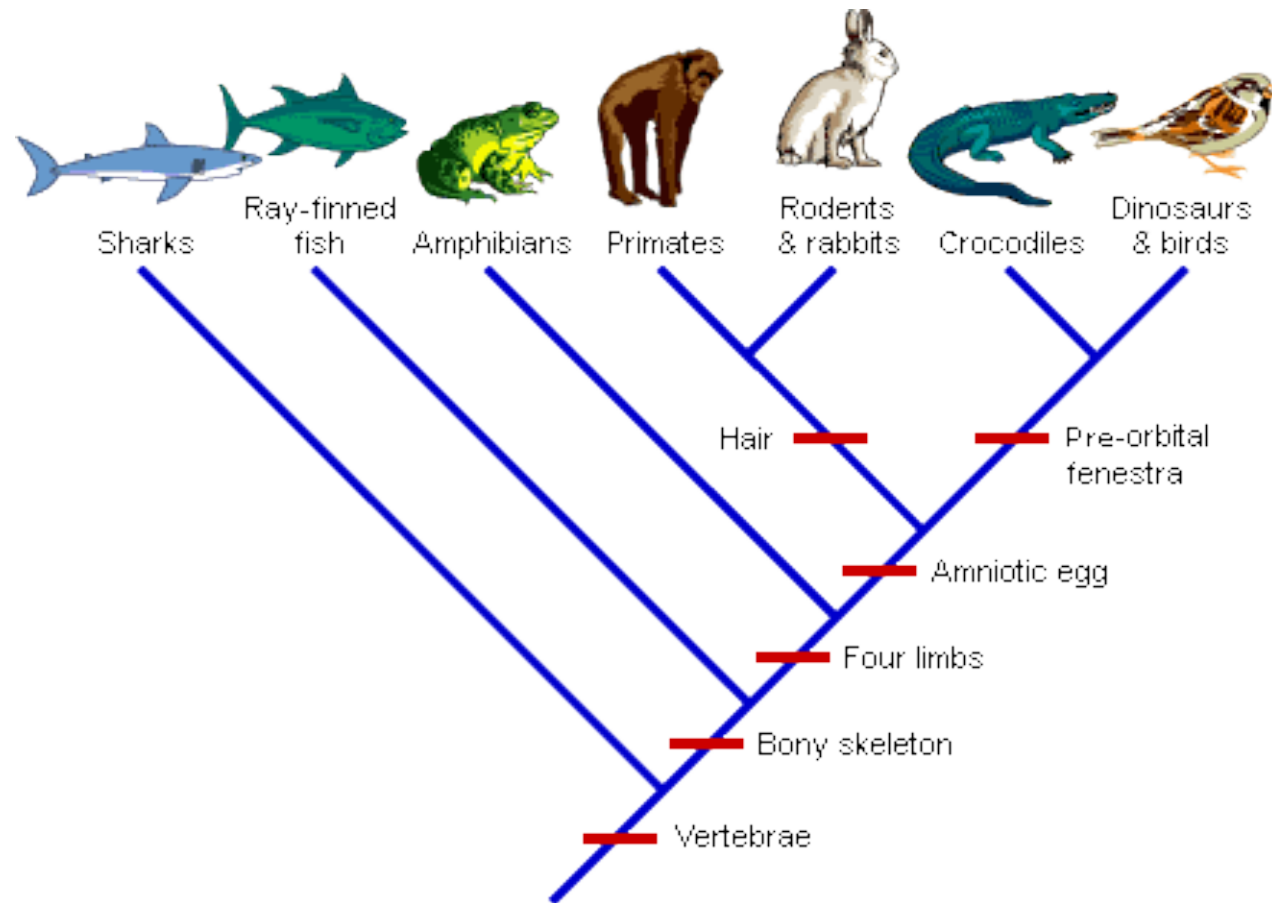
(d) Major animal groups



Βαθύτερη ρίζα: **35 mya (με mtRNA)**

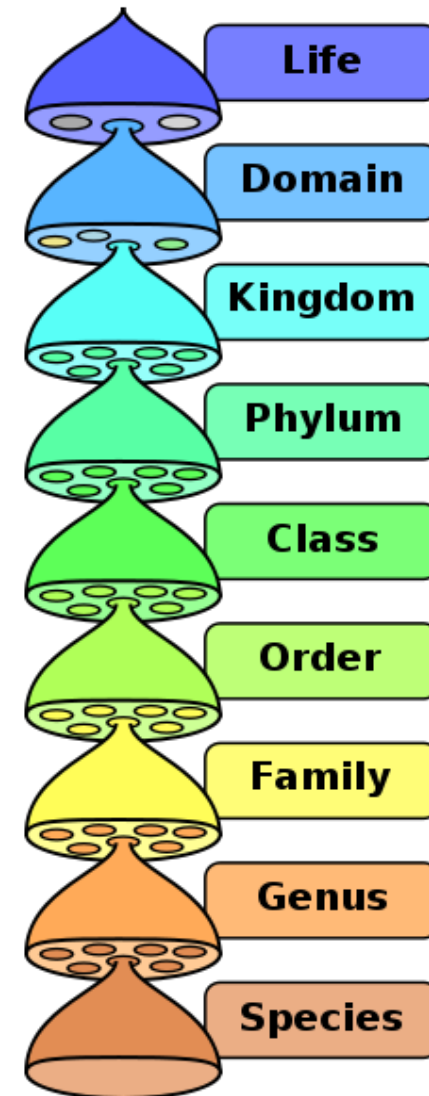
600 mya (με πυρηνικό rRNA)

Φυλογένεση σπονδυλωτών

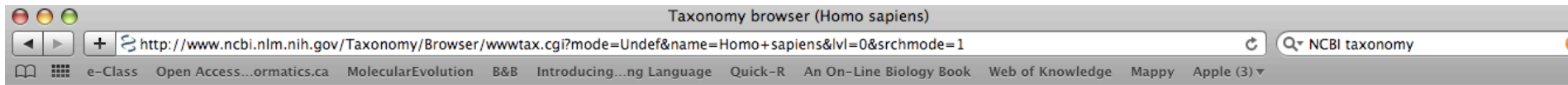


Ταξινόμιση οργανισμών

- 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






[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

Uniprot taxonomy

http://www.uniprot.org/taxonomy/

Homo sapiens (Human)

http://www.uniprot.org/taxonomy/9606

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

UniProt > Taxonomy Downloads

Search Blast Align Retrieve ID Mapping

Search in Taxonomy Query Homo sapiens Search Clear Advanced Search »

Species **Homo sapiens (Human)** ★


UniProtKB (97,048) | Branch (1) | Complete Proteome Set (20,251) [Integr8] | Taxonomy help

Mnemonic	HUMAN
Taxon identifier	9606
Scientific name	Homo sapiens
Common name	Human
Synonym	-
Other names	> Homo sapiens Linnaeus, 1758 > man
Rank	Species
Lineage	> 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


Taxonomy navigation

- > Homo
- > Homo sapiens neanderthalensis


Images may be subject to copyright.




farm1.static.flickr.com




img5.travelblog.org



news.nationalgeographic.com



www.bl.uk



www.devicepedia.com

Tree of life

<http://tolweb.org/>

Tree of Life Web Project

http://tolweb.org/tree/ phylogeny database

e-Class Open Access...ormatics.ca MolecularEvolution B&B Introducing...ng Language Quick-R An On-Line Biology Book Web of Knowledge Mappy Apple (3) ▾

home browse help features learning contribute about

Search

TREE OF LIFE web project

Explore the Tree of Life

Browse the Site

- [Root of the Tree](#)
- [Popular Pages](#)
- [Sample Pages](#)
- [Recent Additions](#)
- [Random Page](#)
- [Treehouses](#)
- [Images, Movies,...](#)

News

Darwin 200: the celebration continues...

[read more](#)



[about this picture](#)

Learn about ...

Ischaliidae

(a group of beetles)



[image info](#)

Ischaliidae is a small group of brightly coloured mid-sized beetles...

[read more](#)

[more featured pages](#)

The Tree of Life Web Project (ToL) is a collaborative effort of [biologists and nature enthusiasts](#) from around the world. On more than 10,000 World Wide Web pages, the project provides information about biodiversity, the characteristics of different groups of organisms, and their evolutionary history ([phylogeny](#)).

Each page contains information about a particular group, e.g., [salamanders](#), [segmented worms](#), [phlox flowers](#), [tyrannosaurs](#), [euglenids](#), [Heliconius butterflies](#), [club fungi](#), or the [vampire squid](#). ToL pages are linked one to another hierarchically, in the form of the evolutionary tree of life. Starting with the [root of all Life on Earth](#) and moving out along diverging branches to individual species, the [structure of the ToL project](#) thus illustrates the genetic connections between all living things.

[read more about the Tree of Life Web Project...](#)

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

ABOUT SEARCH BOOK RESOURCES NEWS FAQs CONTACT

TIMETREE OF LIFE BOOK CONSORTIUM

TimeTree Search

Find time of divergence

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

Taxon A:

Taxon B:

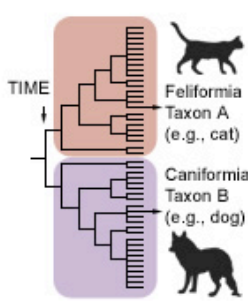
Clear Search

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]

THE TIMETREE OF LIFE book



Search "TimeTree" in App Store

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



TIMETREE OF LIFE BOOK

ABOUT SEARCH BOOK RESOURCES NEWS FAQs CONTACT

CONSORTIUM

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

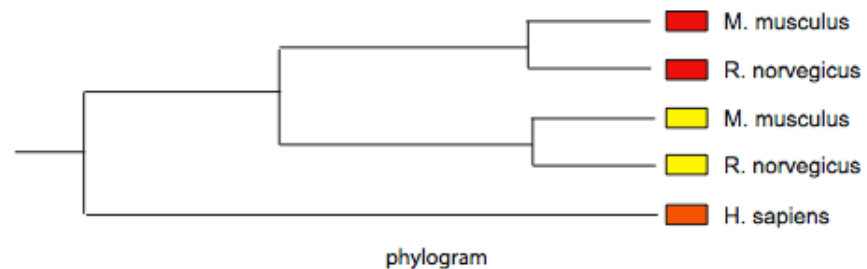
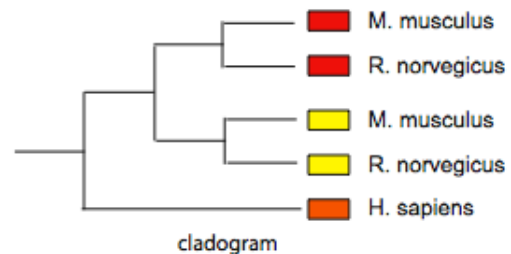
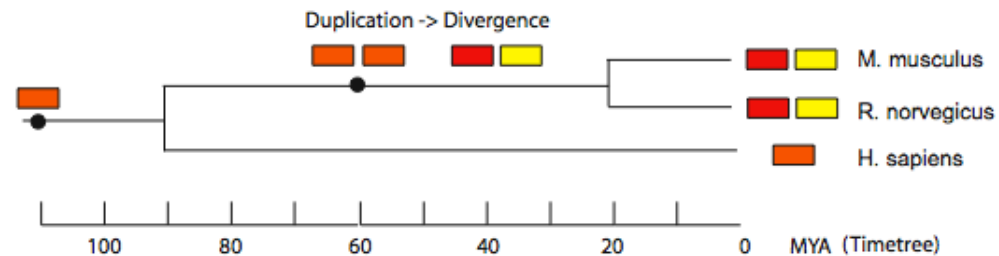
<http://www.timetree.org/resources.php>

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.

Φυλογένεση γονιδίων

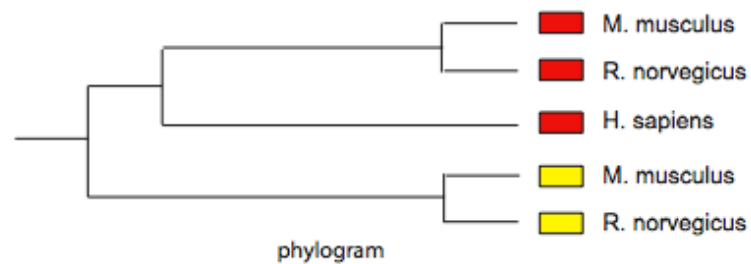
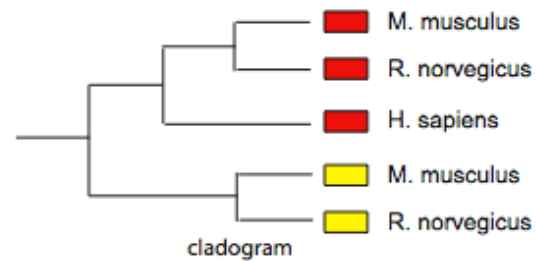
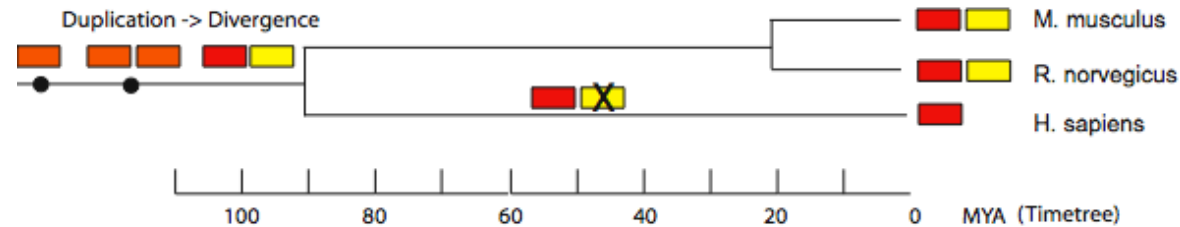
Βρίσκουμε τις ομόλογες ακολουθίες στους οργανισμούς που μας ενδιαφέρουν και ακολουθεί φυλογένεση, για να καταλάβουμε πότε συνέβησαν οι γονιδιακοί διπλασιασμοί, και ποιιά ομόλογα είναι πιο κοντινά μεταξύ τους.

Πρέπει να γνωρίζουμε τις εξελικτικές σχέσεις των οργανισμών



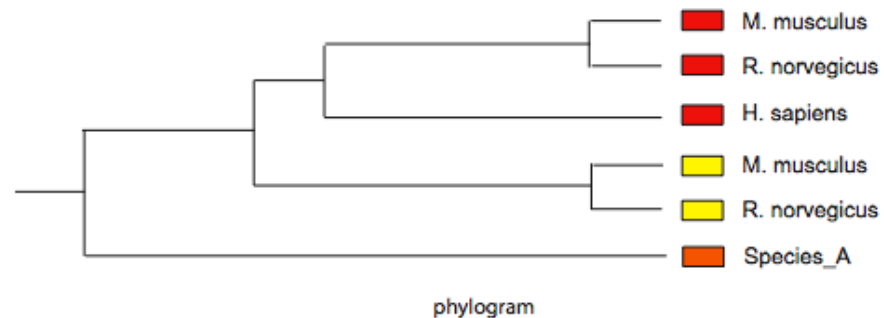
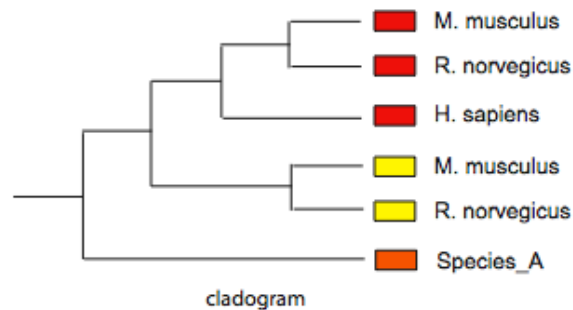
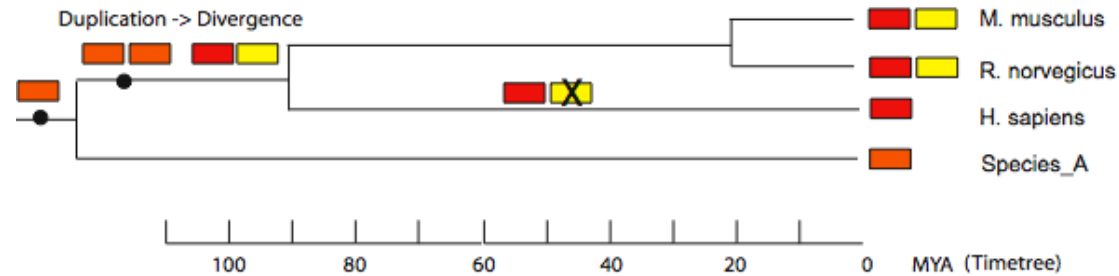
Φυλογένεση γονιδίων

- Απώλεια αντίγραφου



Φυλογένεση γονιδίων

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



Υπολογισμός της απόστασης μεταξύ δύο ακολουθιών

- Παρατηρούμενη απόσταση: από την στοίχιση, μπορούμε να δούμε σε ποιές θέσεις δεν ταιριάζουν οι χαρακτήρες.
- Η παρατηρούμενη απόσταση δεν συμπίπτει με την πραγματική (εξελικτική) απόσταση, λόγω πολλαπλών αντικαταστάσεων στην ίδια θέση. Όσο μεγαλύτερη η απόσταση, τόσο πιο πολλές αντικαταστάσεις συνέβησαν στην ίδια θέση.

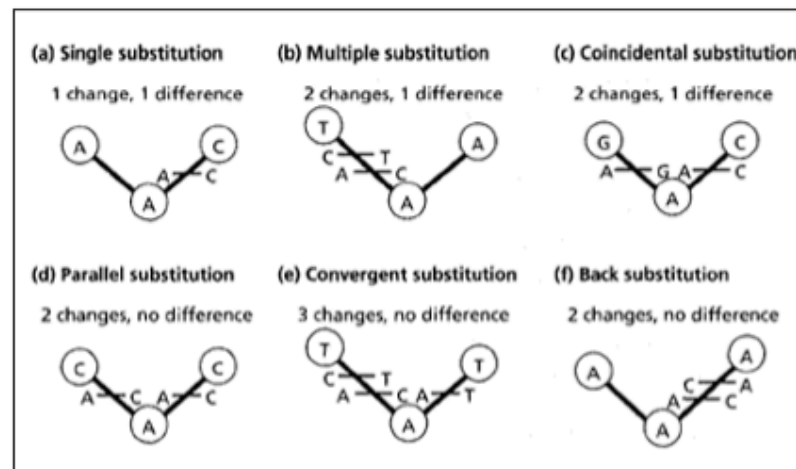


Fig. 5.9

Six kinds of nucleotide substitution. In each case the ancestral nucleotide was A. In all except the case of a single substitution, the number of substitutions that actually occurred is greater than would be counted if we just compared the two descendant sequences. In the lower three cases the nucleotides are identical in both descendant sequences, but this similarity has not been directly inherited from the ancestral sequence. Such similarity is termed 'homoplasious'.

Υπολογισμός της απόστασης μεταξύ δύο ακολουθιών

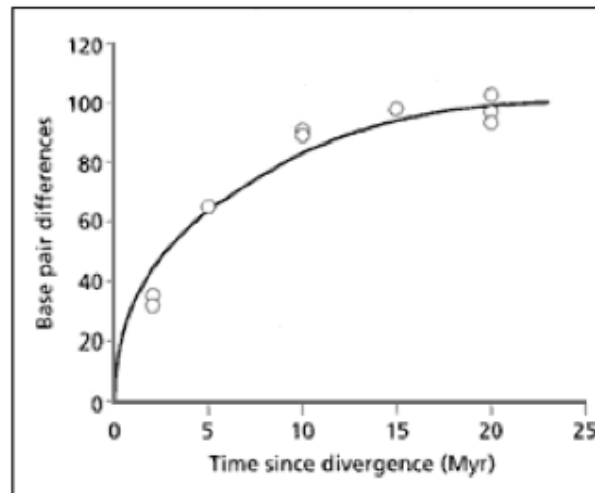


Fig. 5.11

Number of nucleotide substitutions between pairs of bovid mammal mitochondrial sequences (684 basepairs from the *COII* gene) against estimated time of divergence. Notice that the observed number of substitutions is not linear with time but curvilinear. Data from Janecek *et al.* (1996).

Διόρθωση της απόστασης μεταξύ 2 ακολουθιών

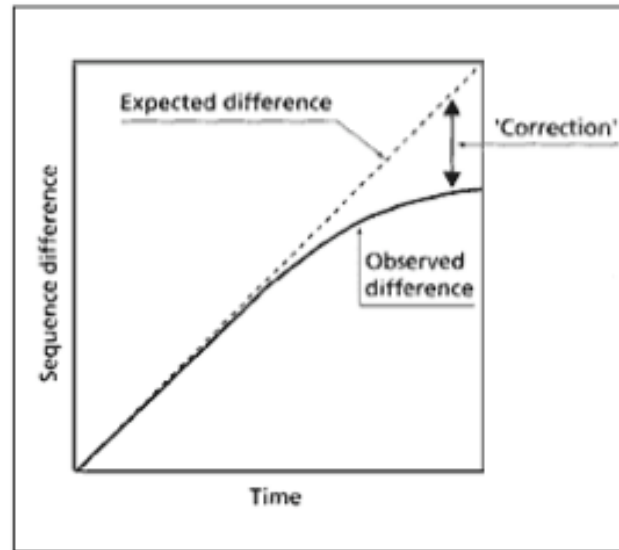
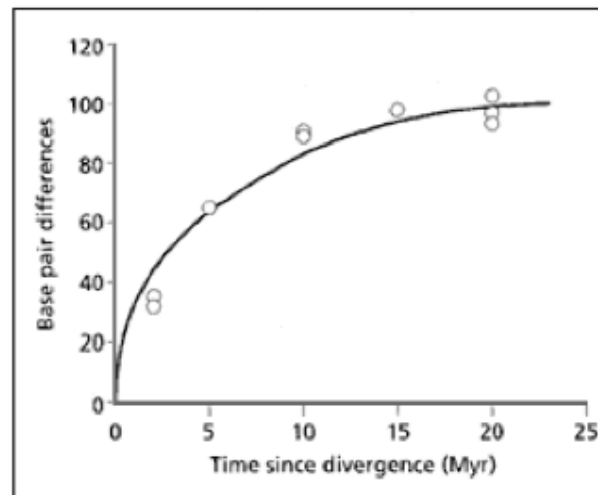


Fig. 5.12

The need to correct observed sequence differences. The extent of observed differences between two sequences is not linear with time (as we would expect if the rate of molecular evolution is approximately constant) but curvilinear due to multiple hits. The goal of distance correction methods is to recover the amount of evolutionary change that the multiple hits have overprinted and to 'correct' the distances for unobserved hits. In effect, the methods seek to 'straighten out' the line representing observed differences.

Μοντέλα αντικατάστασης

- Στατιστικά μοντέλα που λαμβάνουν υπόψη τις πολλαπλές αντικαταστάσεις (για την ίδια θέση) και διορθώνουν την παρατηρούμενη απόσταση, μετατρέποντας την σε εξελικτική.
- Αν η απόσταση είναι πολύ μεγάλη, τότε έχει επέλθει κορεσμός και δεν είναι δυνατόν να γίνει σωστή διόρθωση.



Μοντέλο αντικατάστασης Jukes - Cantor

- Είναι το απλούστερο μοντέλο για ακολουθίες DNA.
- κάθε νουκλεοτίδιο εμφανίζεται με την ίδια συχνότητα
- έχει την ίδια πιθανότητα να μεταλλαχθεί σε ένα από τα υπόλοιπα 3 νουκλεοτίδια

$$d_{AB} = -(3/4) \ln[1 - (4/3) p_{AB}] \quad (\text{Eq. 10.3})$$

where d_{AB} is the evolutionary distance between sequences A and B and p_{AB} is the observed sequence distance measured by the proportion of substitutions over the entire length of the alignment.

For example, if an alignment of sequences A and B is twenty nucleotides long and six pairs are found to be different, the sequences differ by 30%, or have an observed distance 0.3. To correct for multiple substitutions using the Jukes–Cantor model, the corrected evolutionary distance based on Equation 10.3 is:

$$d_{AB} = -3/4 \ln[1 - (4/3 \times 0.3)] = 0.38$$

Διόρθωση των παρατηρούμενων αποστάσεων για πρωτεΐνες

2.3 Estimation of distance between two protein sequences • 47

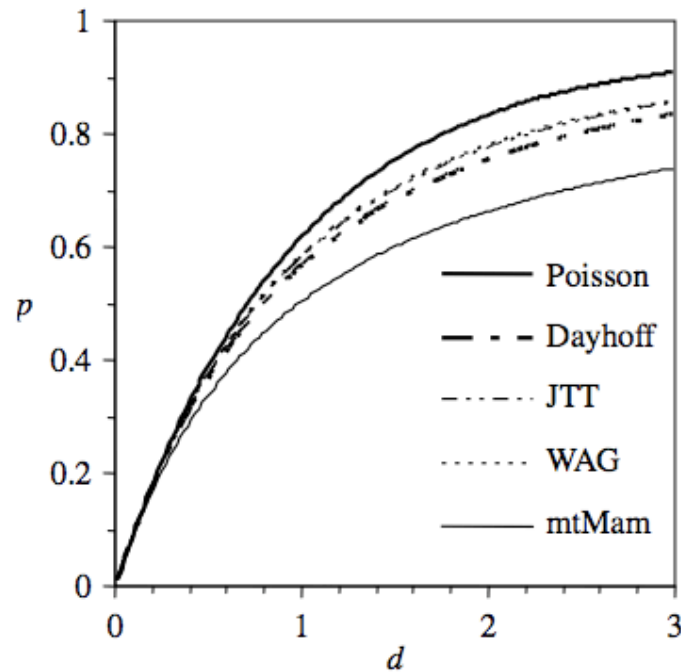


Fig. 2.2 The expected proportion of different sites (p) between two sequences separated by time or distance d under different models. The models are, from top to bottom, Poisson, WAG (Whelan and Goldman 2001), JTT (Jones *et al.* 1992), DAYHOFF (Dayhoff *et al.* 1978), and MTMAM (Yang *et al.* 1998). Note that the results for WAG, JTT, and DAYHOFF are almost identical.

Διόρθωση των παρατηρούμενων αποστάσεων για πρωτεΐνες

- Διόρθωση με πίνακες αντικατάστασης:
 - PAM
 - JTT (Jones-Taylor-Thornton)
- Διόρθωση με αντίστοιχες μεθόδους Jukes-Cantor ή Kimura, προσαρμοσμένες για πρωτεΐνες.

distances. For example, the Kimura model for correcting multiple substitutions in protein distances is:

$$d = -\ln(1 - p - 0.2p^2) \quad (\text{Eq. 10.5})$$

whereas p is the observed pairwise distance between two sequences.

Υπολογίζοντας την απόσταση 2 ακολουθιών πάνω στο δένδρο

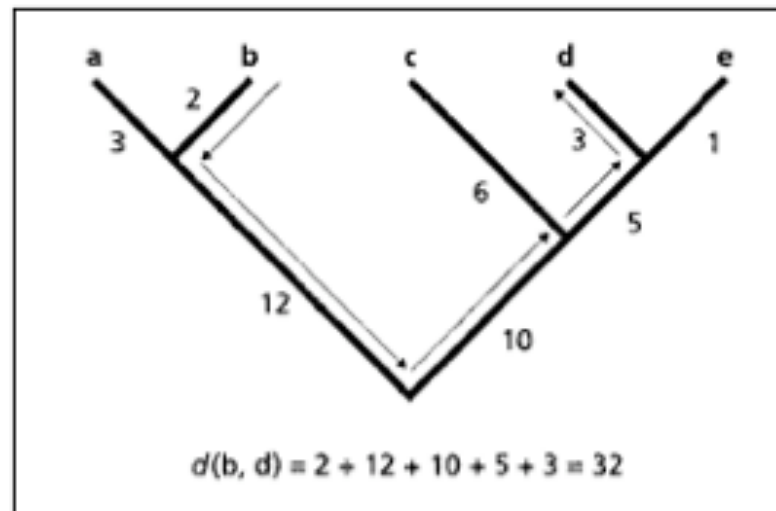


Fig. 5.21

The evolutionary distance between b and d is the sum of the edge lengths along the path in the tree between the two sequences.

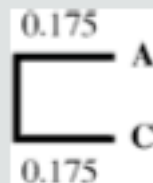
Μέθοδοι κατασκευής δένδρων

- Μέθοδοι αποστάσεων
 - Ένωση γειτόνων (neighbor joining)
 - UPGMA (unweighted pair group method using arithmetic averages)
 - Λιγότερων τετραγώνων (least squares)
 - Ελάχιστης εξέλιξης (minimum evolution)

UPGMA

	A	B	C
B	0.40		
C	0.35	0.45	
D	0.60	0.70	0.55

1. Using a distance matrix involving four taxa, A, B, C, and D, the UPGMA method first joins two closest taxa together which are A and C (0.35 in grey). Because all taxa are equidistant from the node, the branch length for A to the node is $AC/2 = 0.35/2 = 0.175$.



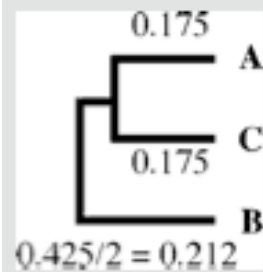
2. Because A and C are joined into a cluster, they are treated as one new composite taxon, which is used to create a reduced matrix. The distance of A-C cluster to every other taxa is one half of a taxon to A and C, respectively. That means that the distance of B to A-C is $(AB + BC)/2$; and that of D to A-C is $(AD + CD)/2$.

	A-C	B
B	$\frac{0.4 + 0.45}{2} = 0.425$	
D	$\frac{0.55 + 0.6}{2} = 0.575$	0.70

UPGMA

	A-C	B
B	$\frac{0.4 + 0.45}{2} = 0.425$	
D	$\frac{0.55 + 0.6}{2} = 0.575$	0.70

3. In the newly reduced-distance matrix, the smallest distance is between B and A-C (in grey), which allows the grouping of B and A-C to create a three-taxon cluster. The branch length for the B is one half of B to the A-C cluster.

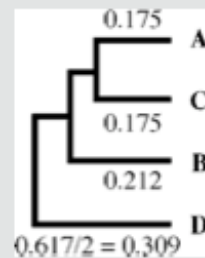


UPGMA

4. When B and A-C are grouped and treated as a single taxon, this allows the matrix to reduce further into only two taxa, D and B-A-C. The distance of D to the composite taxon is the average of D to every single component which is $(BD + AD + CD)/3$.

	B-A-C
D	$\frac{0.7 + 0.6 + 0.55}{3} = 0.617$

5. D is the last branch to add to the tree, whose branch length is one half of D to B-A-C.



6. Because distance trees allow branches to be additive, the resulting distances between taxa from the tree path can be used to create a distance matrix. Obviously, the estimated distances do not match the actual evolutionary distances shown, which illustrates the failure of UPGMA to precisely reflect the experimental observation.

	A	B	C
B	0.42		
C	0.35	0.42	
D	0.62	0.62	0.62

	A	B	C
B	0.40		
C	0.35	0.45	
D	0.60	0.70	0.55

Άσκηση

- Δείτε την ταξινόμηση του ανθρώπου (human) και του χιμπατζή (chimpanzee) στο NCBI taxonomy και στην Uniprot.
 - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
 - <http://www.uniprot.org/taxonomy/>

Στο ταξινομικό group Homininae, ποιά 3 γένη συναντώνται;

Στο tree of life (<http://tolweb.org/>), ξεκινήστε από την ρίζα του δένδρου και βρείτε τον άνθρωπο. Σε κάθε στάδιο υπάρχει μια περιγραφή των βασικών χαρακτήρων που ορίζουν το φυλογενετικό group.

- Βρείτε το χρόνο απόκλισης μεταξύ των 3 αυτών οργανισμών (homininae) στο timetree
 - <http://www.timetree.org/>
 - Ποιοί είναι οι πιο κοντινοί μεταξύ τους συγγενείς;

Άσκηση

Παράδειγμα UPGMA

- Δίνεται ο πίνακας παρατηρούμενων αποστάσεων για 4 πρωτεϊνικές ακολουθίες.
- Κάνετε την διόρθωση αποστάσεων με την μέθοδο Kimura (με τη βοήθεια του Excel)
- Σχεδιάστε το δένδρο UPGMA για το διορθωμένο πίνακα αποστάσεων. Υπολογίστε τις αποστάσεις ξανά από το δένδρο UPGMA. Δείτε πως διαφέρουν από τις αρχικές.

	A	B	C	D
B	0.2			
C	0.15	0.25		
D	0.4	0.5	0.35	

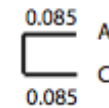
Παράδειγμα UPGMA

	A	B	C	D
A				
B	0.2			
C	0.15	0.25		
D	0.4	0.5	0.35	

	A	B	C	D
A				
B	0.23			
C	0.17	0.3		
D	0.57	0.8	0.47	

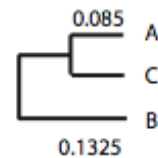
Kimura correction

$$0.17/2=0.085$$



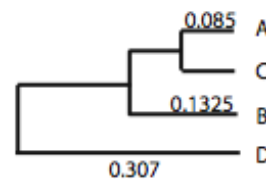
	AC	B	D
AC			
B	$(0.23+0.3)/2$ =0.265		
D	$(0.57+0.47)/2$ =0.52	0.8	

$$0.265/2=0.1325$$



	ACB	D
ACB		
D	$(0.57+0.8+0.47)/3$ =0.613	

$$0.613/2=0.307$$



	A	B	C	D
A				
B	0.265			
C	0.15	0.265		
D	0.614	0.614	0.614	

Άσκηση φυλογένεσης - Εργασία

- Χρησιμοποιώντας το ανθρώπινο estrogen receptor alpha, με το PSI-Blast βρείτε τις ομόλογες ακολουθίες στον άνθρωπο και στην *Drosophila melanogaster*.
- Με τη βοήθεια της Β.Δ. PFAM κρατείστε μόνο εκείνες τις ακολουθίες που έχουν το DNA-binding domain & ligand-binding domain.
- Με αυτές τις ακολουθίες κάνετε πολλαπλή στοίχιση (muscle) και στην συνέχεια κρατείστε τις περιοχές των ακολουθιών που αντιστοιχούν στα παραπάνω 2 domains (DBD + LBD).
- Με την παραπάνω πολλαπλή στοίχιση κάνετε φυλογενετικό δένδρο (distance method, poisson) & bootstrap 100.
- Στην εργασία αναφέρετε τις ακολουθίες που βρήκατε με το PSI-Blast, ποιές κρατήσατε για πολλαπλή στοίχιση και δείξτε το φυλογενετικό δένδρο (με τις τιμές bootstraps).
- Εξηγείστε γιατί δεν είχατε ανταποδοτικό blast μεταξύ του ανθρώπινου estrogen receptor alpha και του 7up στην *Drosophila*.