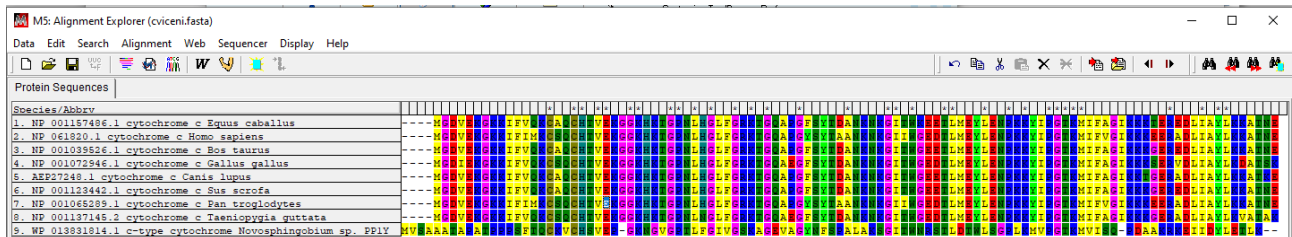


VYSOKÉ UČENÍ TECHNICKÉ FAKULTA INFORMAČNÍCH TECHNOLOGIÍ

Fylogenetické stromy a viacnásobné zarovnanie
4. cvičení

1 Viacnásobné zarovnanie sekvencie cytochromu C a základná fylo- genetická analýza

- *Kliknite File->Open a File/Session, How would you like to open this fasta file - kliknite Align, potom z menu Alignment exploreru vyberte Alignment -> Align by ClustalW (ak sedíte v sudom stĺpci), resp. Muscle (ak sedíte v lichom stĺpci). Vyšiel susedovi rovnaký alignment?*
ANO



Obrázek 1: Zarovnaní aminokyselinových sekvenci podle algoritmu ClustalW

- *Ktorá zo sekvencií sa zarovnala vzhľadom k ostatným nesprávne/je vysoko divergentná vzhľadom k ostatným? Do akej skupiny organizmov patrí?*

Jak lze vidět na obrázku 1, nesprávně se zarovnala poslední sekvence:

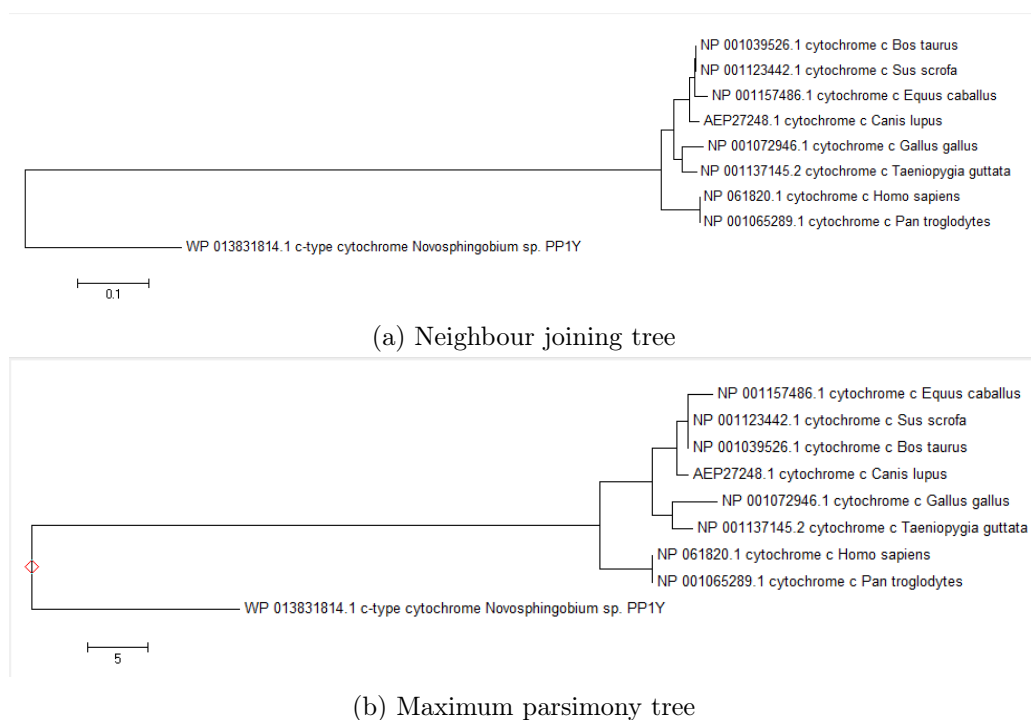
c-type cytochrome [Novosphingobium sp. PP1Y], která patří do skupiny organizmů bakterií.

- *V koľkých pozíciách sa líšia zvyšné sekvencie?*

Celkem jsou sekvence zarovnány na 109 pozicích a z toho na 33 se shodují. Liší se proto na $109 - 33 = 76$ pozicích.

- *Zhoduje sa topológia stromov vytvorených pomocou MP a NJ? V čom sa líšia? Diskutujte s Vašimi susedmi výsledky.*

Jde vidět, že topologie je stejná, ale stromy se liší v délce hran, jak lze vidět na obrázku 2.



Obrázek 2: Různé strategie vytvoření fylogenetických stromů

- Vypátrajte české/slovenské názvy skúmaných organizmov. Korešponduje vzniknutý fylogenetický strom s ich fenotypom?

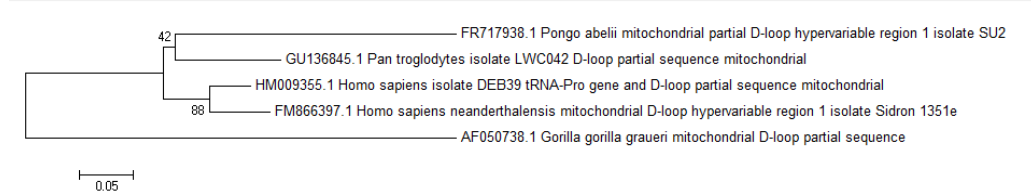
- Equus caballus – kŕň domáci
- Homo sapiens – človek rozumný
- Bos taurus – ťauro domáci
- Gallus gallus – kur bankivský
- Canis lupus – vlk obecný
- Sus scrofa – prase divoké
- Pan troglodytes – šimpanz učenlivý
- Taeniopygia guttata – zebříčka pestrá
- Novosphingobium sp. PP1Y – bakterie Novosphingobium

Podle mého názoru strom odpovídá realitě.

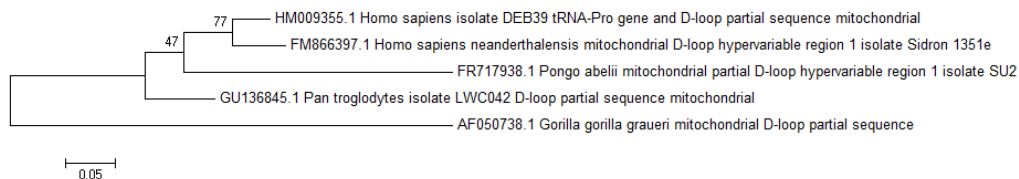
2 Fylogenetická analýza člověka s příbuznými druhmi

Mají obidva stromy rovnakú topológiu? Čo prezrádzajú bootstrapové hodnoty? Čo je najpodobnejšie človeku? Majú na základe získaného stromu neandertálec a človek dnešného typu priameho spoločného predka? Vid' Neandertálec a Primáty.

Topologie se **liší**. Bootstrapové hodnoty představují míru shody přes všechny odvozené stromy. Podle obou grafů je předkem člověka i neandrtálce **gorila**.



(a) Neighbour joining trees s využitím bootstrappingu



(b) Test Maximum likelihood tree s využitím bootstrappingu

Obrázek 3: Různé strategie vytvoření fylogenetických stromů