

Celem zadania było porównanie topologii drzewa referencyjnego opartego na czasach specjacji (TimeTree) z drzewem uzyskanym metodą maximum likelihood (ML) na podstawie sekwencji 16S rRNA dla dziesięciu gatunków bakterii.

Porównanie wykonano przy użyciu miary odległości Robinsona–Fouldsa (RF), która pozwala ocenić stopień zgodności między strukturami filogenetycznymi dwóch drzew. Uzyskana wartość RF wyniosła 0.1428571, co wskazuje na wysoki poziom podobieństwa pomiędzy drzewami i jedynie niewielkie różnice w sposobie grupowania poszczególnych taksonów.

Oba drzewa wykazały zgodność w najważniejszych podziałach filogenetycznych, zachowując logiczne ugrupowanie taksonów takie jak rozdział bakterii Gram-dodatnich i Gram-ujemnych. Różnice pomiędzy drzewami dotyczą jedynie niektórych gatunków, należących do tej samej klasy Gammaproteobacteria, których pozycja w drzewie ML uległa niewielkiemu przestawieniu względem drzewa TimeTree. Na wizualizacji objawia się to zmianą położenia liści *Vibrio cholerae* i *Haemophilus influenzae* po prawej stronie wykresu. Taka różnica może wynikać zarówno z ograniczonej ilości informacji pochodzącej z pojedynczego genu 16S rRNA, jak i z niepewności związanej z samym procesem rekonstrukcji filogenezy. Gen 16S rRNA, chociaż stosowany w analizach filogenetycznych bakterii, odzwierciedla jedynie częściowo zmiany w genomie. Tempo akumulacji mutacji w tym genie może różnić się między liniami ewolucyjnymi, co prowadzi do niewielkich przesunięć w drzewie filogenetycznym.

Posumowując, drzewo TimeTree powstało na podstawie danych obejmujących całe genomy oraz kalibrację czasową, dlatego odzwierciedla ono bardziej ogólną historię ewolucyjną gatunków. Z kolei drzewo ML, oparte na pojedynczym genie, jest bardziej podatne na odchylenia spowodowane zmiennością tempa ewolucji, błędami w ułiniowaniu sekwencji czy wyborem modelu ewolucyjnego.

TimeTree vs Maximum Likelihood Tree

