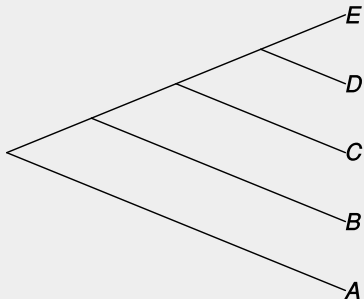
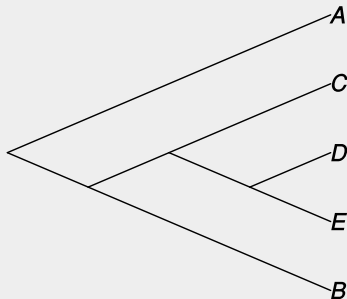


## Сравнение деревьев: отображение одной топологии



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



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

# Сравнение деревьев: splits

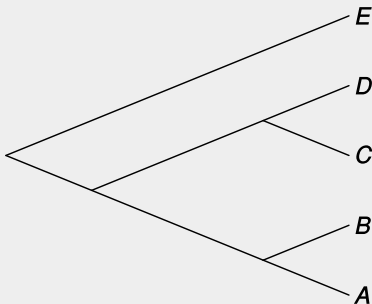
- ▶ R
  - ▶ ape: `all.equal.phylo`
  - ▶ phangorn: `lento`
- ▶ Biopython: `.is_identical`
- ▶ SplitsTree
- ▶ compare2trees

# Сравнение деревьев: splits

- ▶ R
  - ▶ ape: `all.equal.phylo`
  - ▶ phangorn: `lento`
- ▶ Biopython: `.is_identical`
- ▶ SplitsTree
- ▶ compare2trees

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

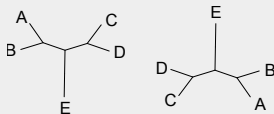
A | BCDE  
B | ACDE  
C | ABDE  
D | ABDE  
E | ABCD  
AB | CDE  
ABCD | E



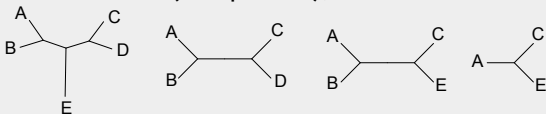
# Сравнение деревьев: совместимость

Деревья могут быть:

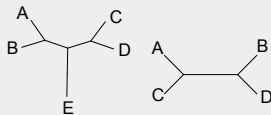
► идентичными (identical);



► совместимыми (compatible);



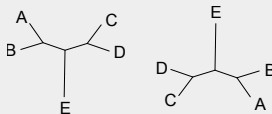
► несовместимыми (incompatible)



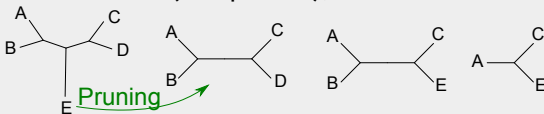
# Сравнение деревьев: совместимость

Деревья могут быть:

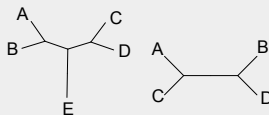
► идентичными (identical);



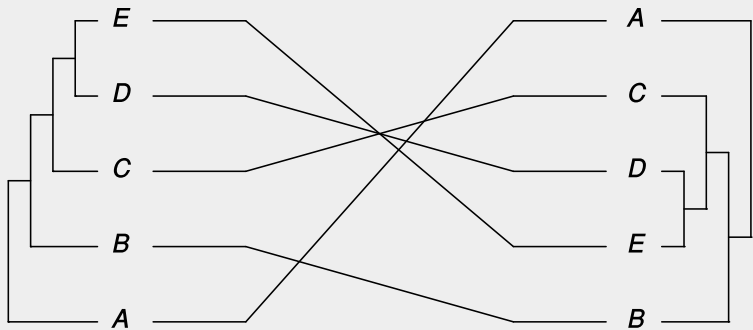
► совместимыми (compatible);



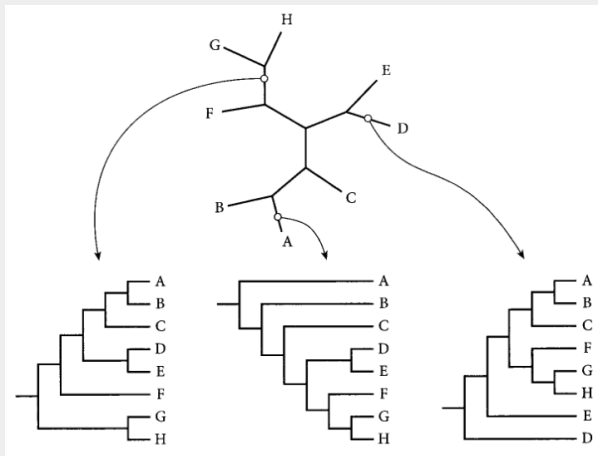
► несовместимыми (incompatible).



# Сравнение деревьев



# Укоренение деревьев:



- по внешней группе (outgroup);
- по самой длинной ветви (midpoint rooting).

Baum & Smith, 2013. Tree thinking: an introduction to phylogenetic biology.

# Оценка расстояния между деревьями

- ▶ число общих клад;
- ▶ минимальное число SPR.



## Оценка расстояния между деревьями

- ▶ число общих клад;
- ▶ минимальное число SPR.

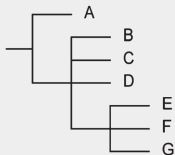
## Прямая оценка качества дерева:

- ▶ индекс состоятельности (consistency index, CI);
- ▶ индекс гомоплазии (homoplasy index, HI);
- ▶ «индекс удержания» (retention index, RI);
- ▶ Decay index, or Bremer support.

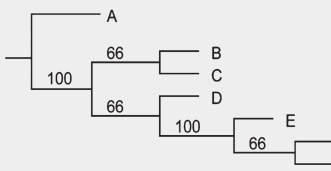
# Суммирование деревьев:

- ▶ строгий консенсус (strict consensus);
- ▶ правило большинства (majority rule);
- ▶ комбинация (взвешенные варианты);

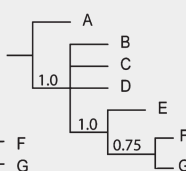
Strict consensus



Majority-rule compromise



Weighted compromise



Sharkey MJ *et al.* (2013). Weighted compromise trees: a method to summarize competing phylogenetic hypotheses. *Cladistics*, 29(3), 309-314.

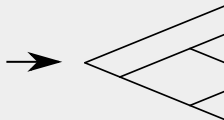
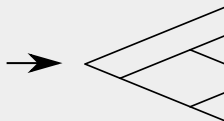
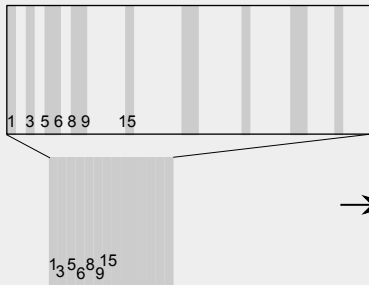
- ▶ филогенетические сети.

# Jackknife

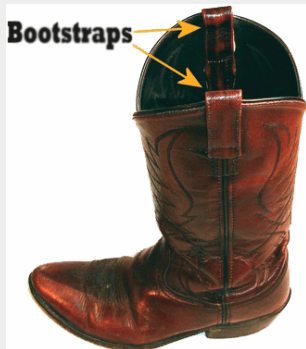


<http://www.wisegeek.com/what-is-a-jackknife.htm>

Убираем 1%–50% позиций



# Bootstrap



<http://phylonetworks.blogspot.ru/2014/04/some-things-you-probably-dont-know.html>

Выборка того же объёма с повторением

# Варианты анализа на основе бутстрепа

- ▶ непараметрический (non-parametric);
- ▶ Shimodaira–Hasegawa (SH) test;
- ▶ Approximate-Unbiased (AU) test;

# Варианты анализа на основе бутстрепа

- ▶ непараметрический (non-parametric);
- ▶ Shimodaira–Hasegawa (SH) test;
- ▶ Approximate-Unbiased (AU) test;

## Другие варианты статистического анализа топологии:

- ▶ fast / rapid bootstrap;
- ▶ approximate likelihood ratio test.

+ апостериорная вероятность