

Lab Gene Family Trees

Maciej Sikora

24 listopada 2021

1 Wstępne statystyki i wizualizacje drzew

Algorytmy do budowy drzew:

- PhyML dla drzewa Maximum likelihood
- FastME dla drzewa Neighbour Joining
- MPBOOT dla drzewa Maximum Parsimony
- Drzewo taksonomiczne pochodzi z Taxonomy Browser

Zaprezentowane drzewa są nieukorzenione. Alignment wykonany z użyciem programu Mafft.

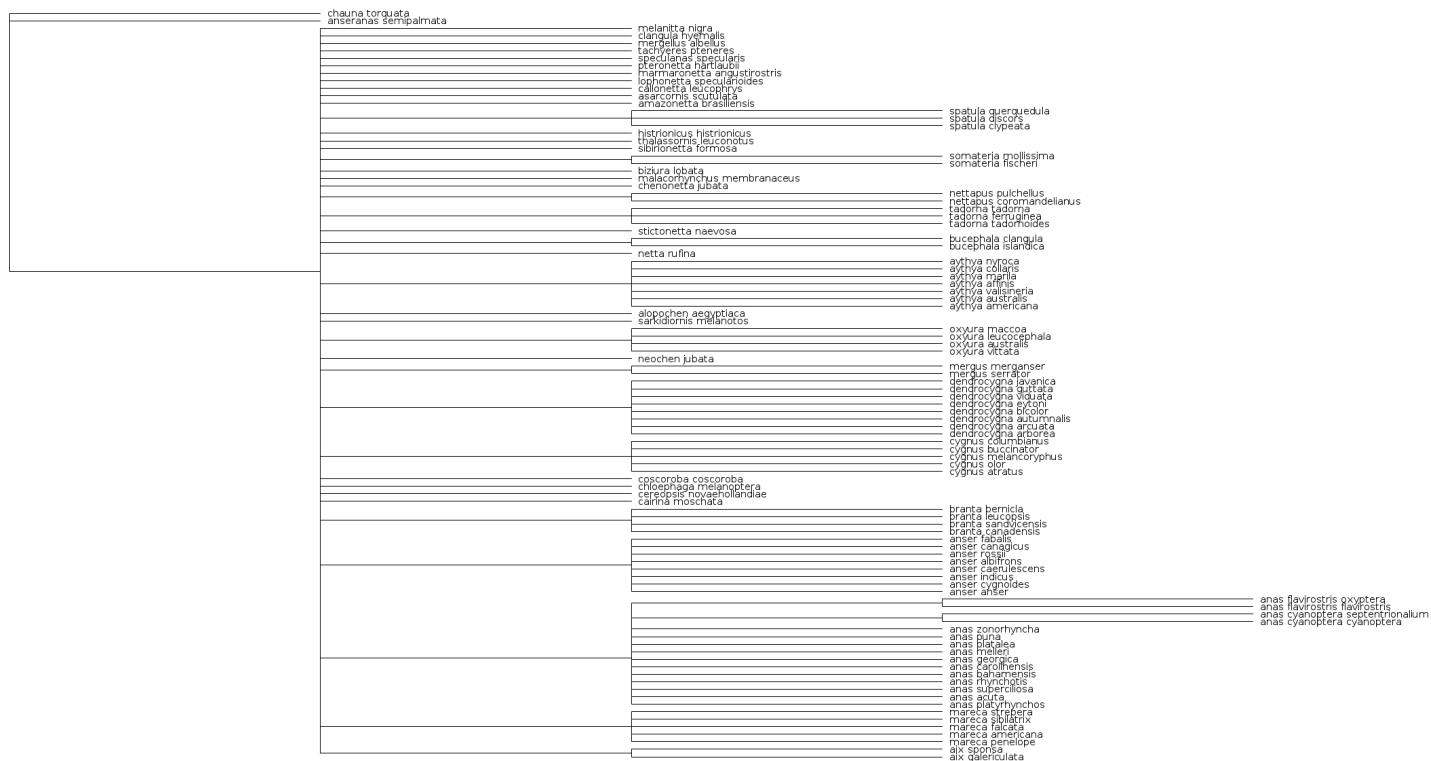


Fig. 1: Drzewo taxonomiczne

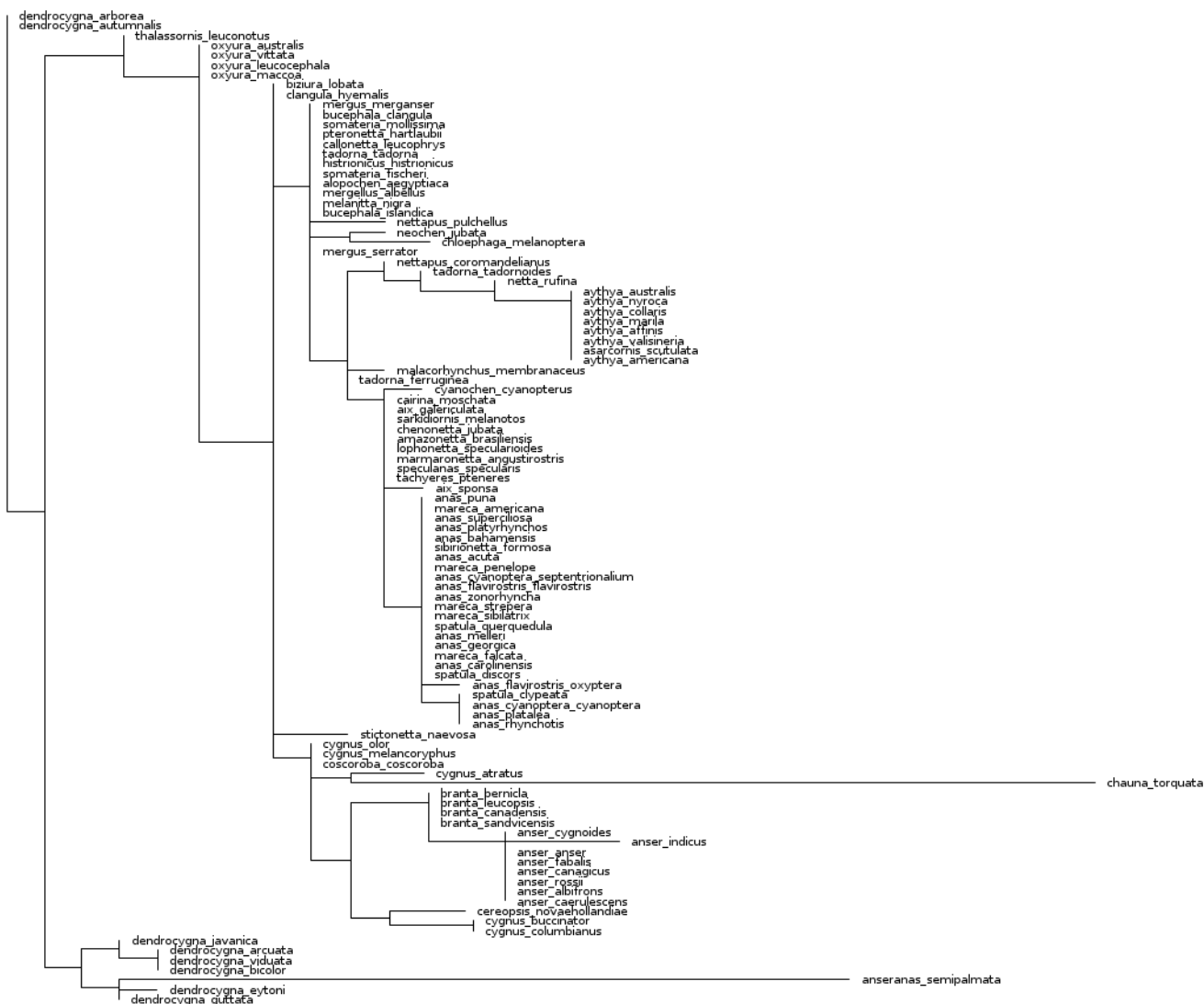


Fig. 2: Drzewo maximum likelihood

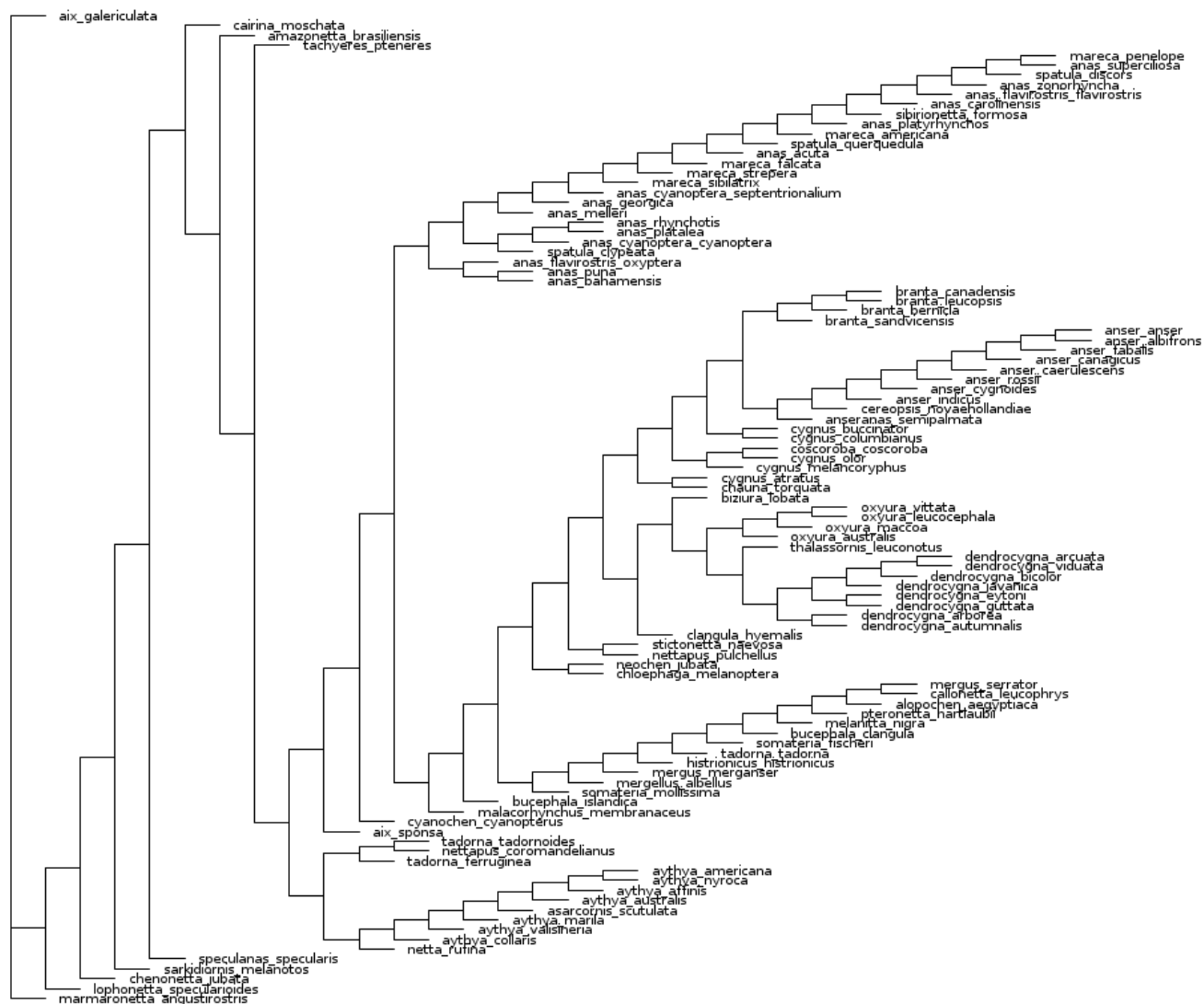


Fig. 3: Drzewo maximum parsimony

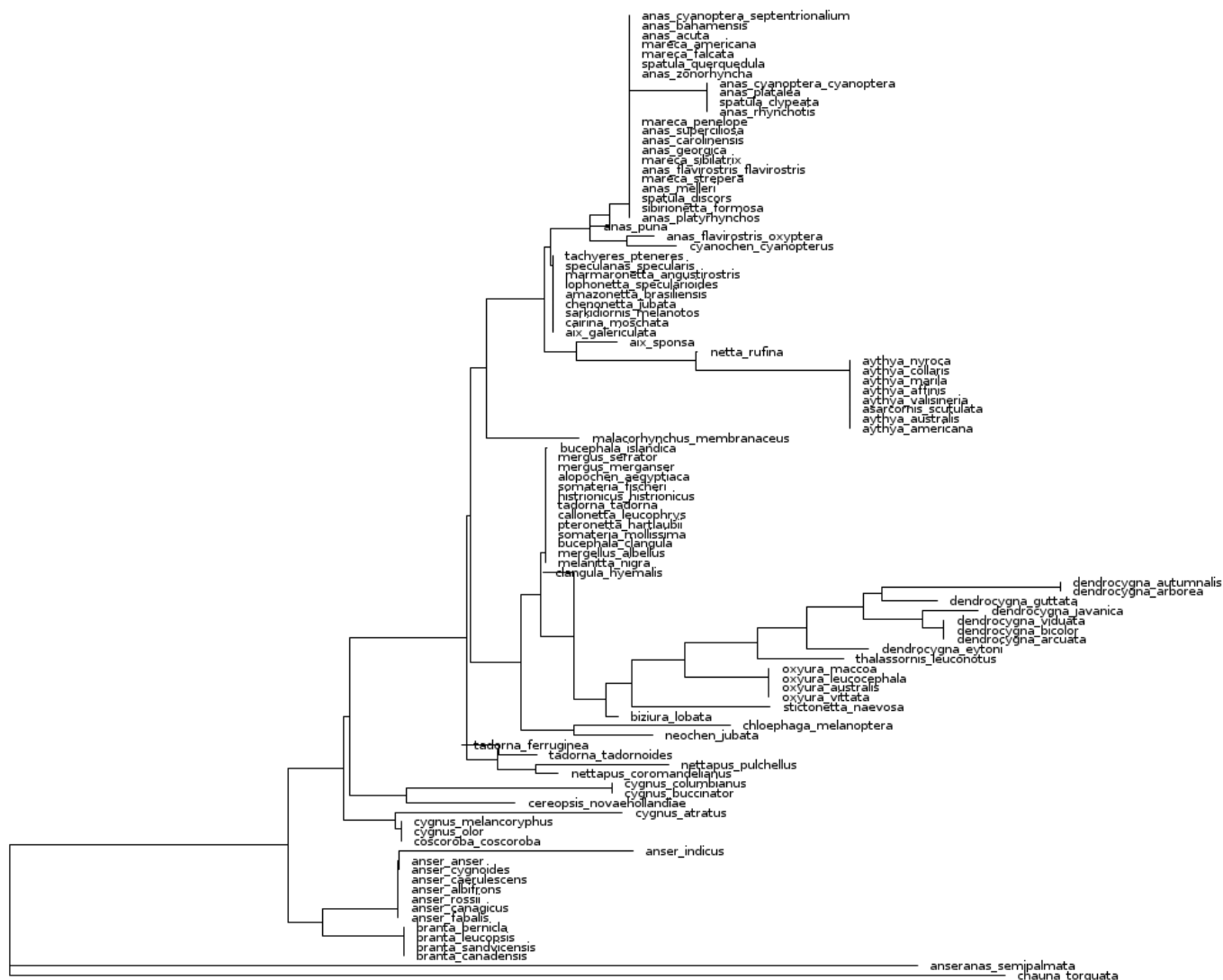


Fig. 4: Drzewo neighbor joining

Odległości Robinsona Fouldsa dla drzew nieukorzenionych:

- ML vs MP: 164
- ML vs NJ: 174
- MP vs NJ: 158

2 Porównanie z drzewem gatunków

- "Anas" występuje w otoczeniu "Mareca" dla wszystkich drzew
- "Anser" obok "Branta" dla wszystkich drzew
- "Dendrocygna" występuje obok "Cygnus" na drzewie gatunków, ale nie u pozostałych
- "Tadorna" występuje obok "Nettapus" na drzewie gatunków, ale nie u pozostałych
- Gatunki są zwykle zgrupowane