



UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN

FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS
CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN

Práctica 06: Árboles filogenéticos

CURSO:

BIOINFORMÁTICA

ALUMNO

KELVIN PAUL PUCHO ZEVALLOS

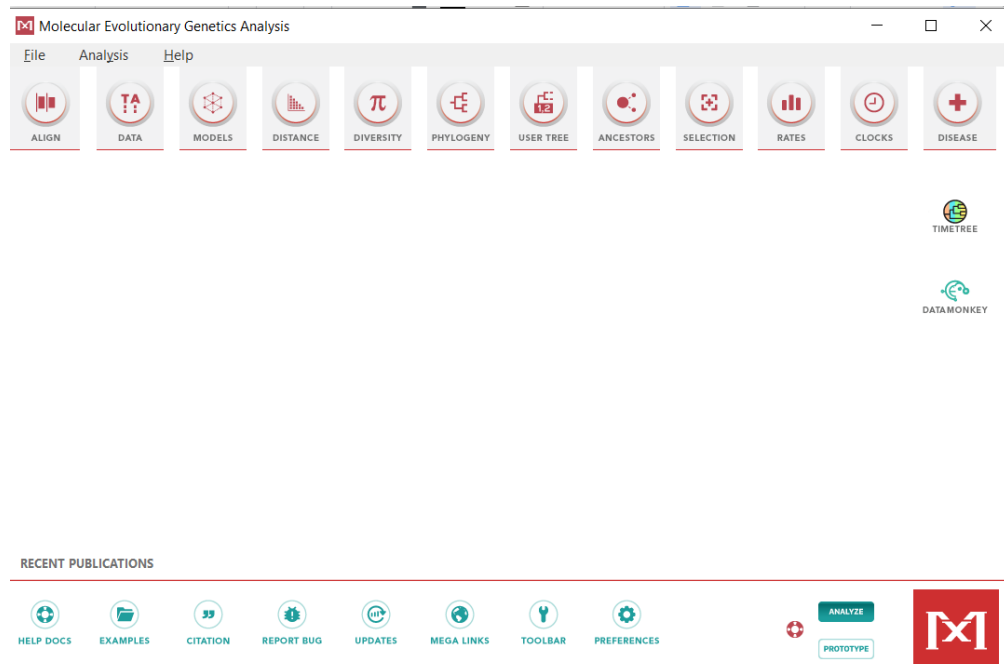
DOCENTE:

GUADALUPE DEL ROSARIO QUISPE SAJI

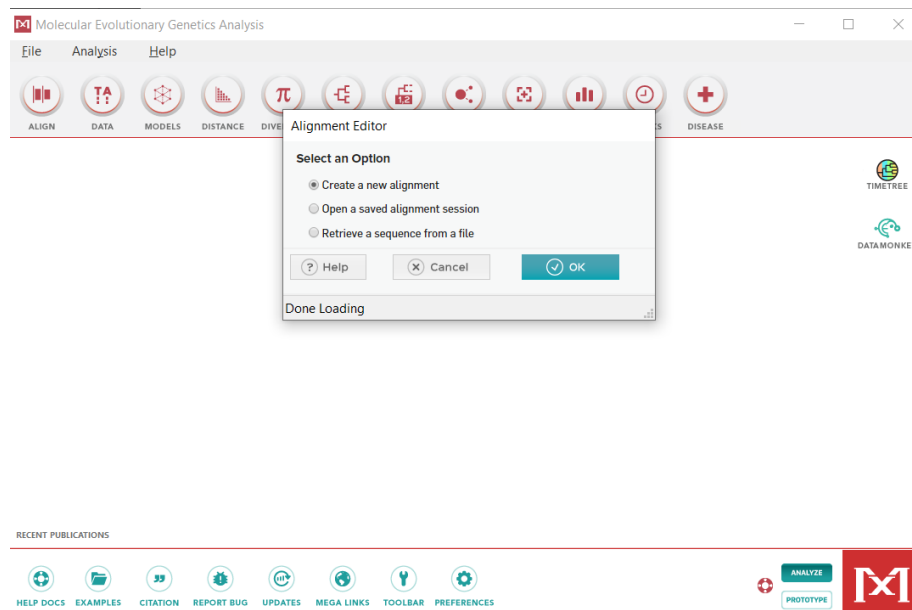
15 de Julio del 2022

1. Usando la herramienta MEGA con la secuencia SEQAA.

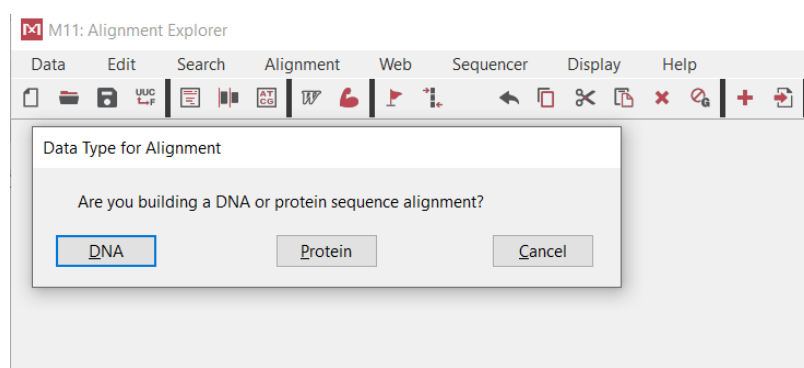
1. Primero descargamos e instalamos MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis)



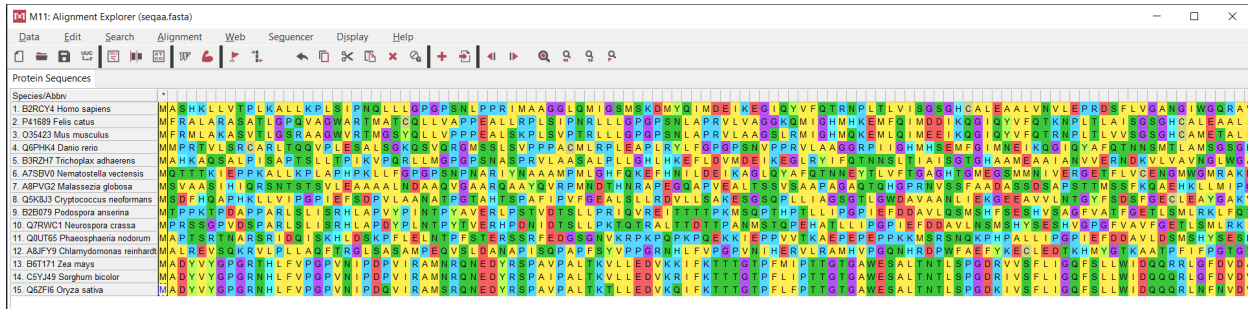
2. Seleccione el archivo Multifasta que desea alinear en este caso seqaa



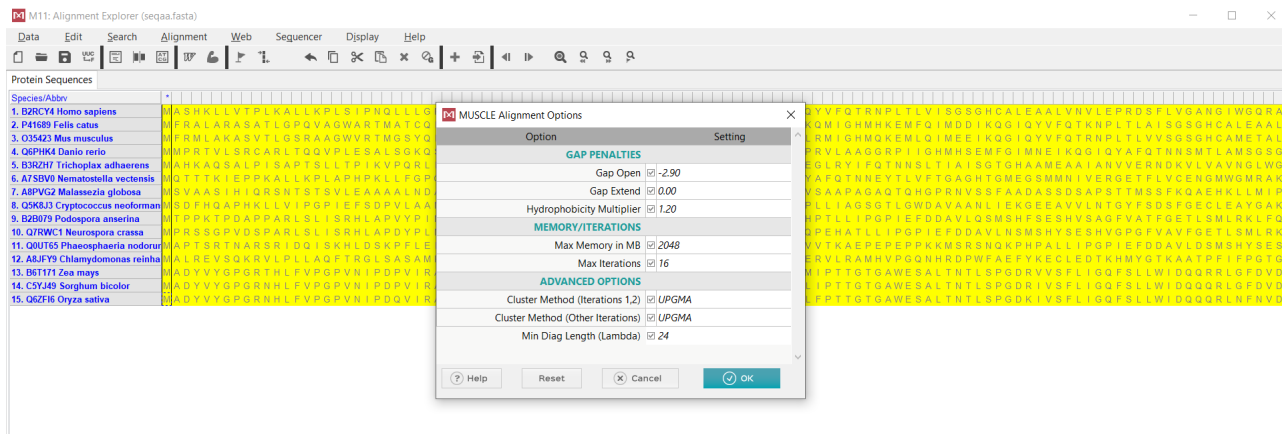
3. Escogemos proteínas



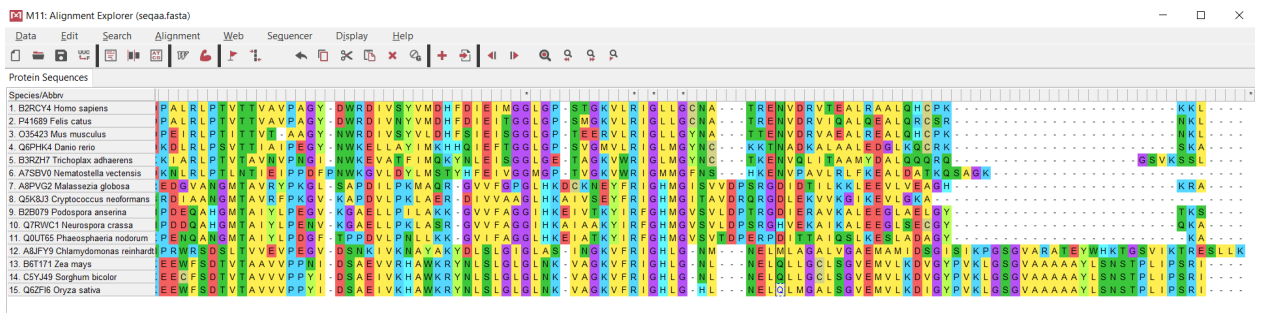
4. Importamos importe el archivo multi-FASTA (Seqaa.fasta).



5. Seleccionamos Alignment → Align by MUSCLE;



6. Deje los parámetros predeterminados y pida que el programa se alinee;



2. Alineamiento múltiple de secuencias usando PRANK en la secuencia SEQAA

- Copie y pegue su Multi-FASTA en el campo de datos de secuencia.

webPRANK

Submit alignment task

Sequence input and submission

Sequence data (required):
Paste sequences in Fasta format or choose a file to upload

Seleccionar archivo **seqaa.fasta**

Reset

Alignment title (optional):

- En la ventana Basic alignment options , desmarque la opción "trust insertions (+F)".

Basic alignment options

Guide tree (optional)*:
Paste your tree in Newick format or choose a file to upload

Seleccionar archivo **Ninguno archivo selec.**

Reset

Inference of insertions and deletions: ☐ trust insertions (+F)

Alignment reliability: ☐ compute reliability

Alignment of DNA sequences:

☒ default

☐ align translated codons

☐ use structure model Fast/Slow

☐ align translated proteins

☐ use structure model Genomic

☐ align translated mt proteins

- Clickear en “Start alignment”;

webPRANK

The job **prank-S20220716-045014-0629-49815187-p1m** (seqaa.fasta) has finished.

Open in Wasabi browser:

Alignment

Download the results:

FASTA

Show Download

Use the links and menu above to display and download the results. [More information.](#)

Transfer the results to wasabiapp.org:

Alignment

- d. Espere a que el alineamiento termine o copie la url de la página para acceder a los resultados más tarde;

<https://www.ebi.ac.uk/goldman-srv/webprank/results/prank-S20220716-045014-0629-49815187-p1m.html>

- e. Cuando el alineamiento termine, véalo en formato FASTA haciendo clic en "Show";

```
>A8PVG2_Malassezia_globosa
-MSVAASITHIORSNTSTSVLEAAAAINDAAQVGAARQAAYQVRPMIDTHNRAPEGQAPVE
ALTSSVSAAPAGAQTQHGRNVSSFAADASSDAPSTT-----MSS
-----FKQ-----A-----
-----EHK-LLMIPGPTEVADVDLLSNAHPSMAHVSPDIPVFGESIEM
LRQV---ADAPSSQPTIAGSGTLGMDLAAANLLEKDDVVLSTGYGDSFAECIEAFG
GKP-KQLSAPAGSRPNLDEFASLLKE---KKYKAVTITHVDSTGILMDVPAVTNV--V
KSVSPDTLIVDGVCSVGSEETIMDAMGVDFLLFASQKIGIPPLSLASAPRAITQTFQ
KRSSPPAGFYTSKKWLPV--MKAY--EGRT-PAYFATPPTNLIALHTSLKMTQGQV
S-LSQRFQMRDASKRVKKAIDQMLGLQLALPDSREDGVANGMTAVRYPKGL-SAPDILP
KMAQR-GVVFPGHLKDCCKNEYFRIG-----HMGISVVDPSRG
-DIDTILKKLEEV--LVE---AGHKRA
>Q5K8J3_Cryptococcus_neofomans
-----MSD
-----FHQ-----A-----
-----PHK-LLVIPGPTEFSDPVLAAATPGTAHTSPAFIPVFGIALSL
LRDVLISAKESGSQLIAGSGTLGMDLVAANLIEKGEAVLNTGYFSDGFECLRAYG
AKV-THVKAEEGTPDDATISALAS---KP-KLITTHVDSTGVLSPADHTASL--V
KKHSPDTLIALDAVCSVASEETKFDWGLDVLSATQKGLGVPPGLSVLASKRAVETVE
KRKTPIPAYYYSKKWIPIT--MKNY---ESGK-PSYFATPPVQLVYALHTSLKSTTS--A
P-LADRFKAHKAASAYVKDSLAEGLLE--FVPSKR-DIAANGMTAVRFPKGV-KAPDVL
KLAER-DIVVAAGLHKAIVSEYFRIG-----HMGITAVDRQRG
-DLEKVVKGIEV--L-----GKA
>B2B079_Podospora_anserina
-----MTPPKTPDAPPARLSLSRHL
-APVYPINTPYAVER-----LPSTVDTSLLPRIQVREITT-TTP-KM--
-----S-Q-----P-----
-----THP-TLLTPGPTEFDDAVLQSMHSFESHVSAGVATFGE TL SM
LRK-LFQITDPSAOPFVLSGSGTLGMDLVAANLIEGGEVVLSTGYFSDGFADCLRVYG
ANV-TELKAPVGTKPTLPETEKALSE---KKYKAVTITHVDSTGVLSELKNLSAL--V
HKVSPDTLIVDGVCSVACEEIDFDMGLDGVVTASQKATGCPAGLSISMFGRAKFAE
NRKSPPSANFYASKKWIPIT--MKNY---EAKK-PSYFATPPQVLVYALHTALSQTLA--K
P-VAERFAGHKAASDKKAATGALGLQQA---ANPFGAHGHTATVLPQGV-KGAELL
TLAKK-GVVFAGGTHKEIVKYIRFG-----HMGVSVLDPTRG
-DTERAVKALEE--LAE--LCYTKS
>Q7RW11_Neurospora_crassa
-----MPRSSGPVDSPARLSLSRHL
-APDYPINTPYTVR-----HPMDIDTSLLPKQTQTRALTDTTPANM--
-----STQ-----P-----
-----EHA-TLLTPGPTEFDDAVLNSMHSYSESHVGPFGVAVFGE TL SM
LRK-LFQITDPSAOPFVLSGSGTLGMDLVAANLIEGGEVVLSTGYFSDGFADCLKVVY
ANV-TQISAEPGSRPQLPETEKALSE---KKYKAVTITHVDSTGVLSELKNLSEL--V
HRVSPDTLIVDGVCSVACEEIDFDMGLDGVVTASQKATGCPAGLSISMFGRAIQAFQ
NRQTPPTSIFYASKKNWLPIT--MKNY---EAKK-PSYFATPPQVLVYALHTALGQIVA--Q
G-VKRFEGHKAASDKTKAATAALGLKOVA---ANPDDAHGHTATVLPENY-KGAELL
```

- f. Copie todo el alineamiento y péguelo en Alignment Explorer de MEGA.

M11: Alignment Explorer

Data Edit Search Alignment Web Sequencer Display Help

Protein Sequences

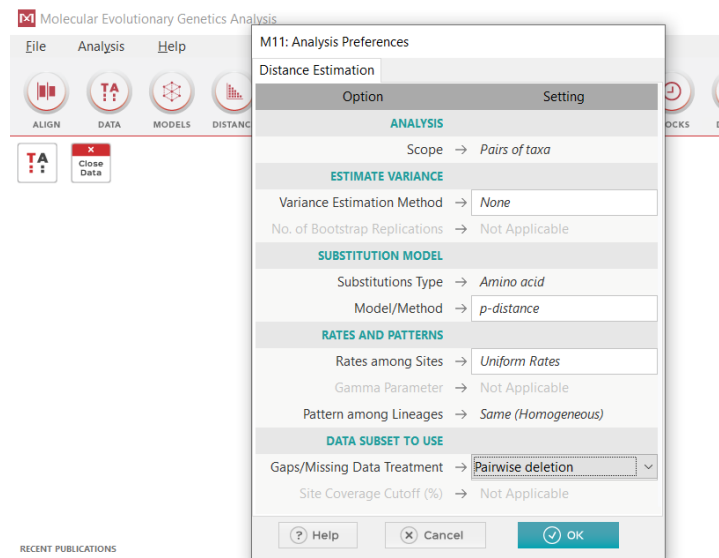
Species/Abbrv	Sequence
1. A8PVG2_Malassezia_globosa	MSVAASITHIORSNTSTSVLEAAAAINDAAQVGAARQAAYQVRPMIDTHNRAPEGQAPVEALTSSVSAAPAGAQTQHGRNVSSFAADASSDAPSTT
2. Q5K8J3_Cryptococcus_neofomans	
3. B2B079_Podospora_anserina	
4. Q7RW11_Neurospora_crassa	MTTPPKTPDAPPAR
5. Q0UT65_Phaeospheria_nodorum	MPRSSGPVDSPAR
6. B3R2H7_Trichoplax_adhaerens	MAPTSRTIARSR
7. B2RCY4_Homo_sapiens	
8. P41689_Felis_catus	
9. O35423_Mus_musculus	
10. Q6PHK4_Danio_reio	M
11. A7SBV0_Nematostella_vectensis	
12. A8JFY9_Chlamydomonas_reinhardtii	
13. B6T171_Zea_mays	
14. C5YJ49_Sorghum_bicolor	
15. Q6ZF16_Oryza_sativa	

g. Para proceder con el análisis filogenético, vaya a Data → Phylogenetic analysis;

Name	Sequence
1. A8PVG2 Malassezia globosa	- - - - -
2. Q5K8J3 Cryptococcus neoformans	- - - - -
3. B2B079 Podospora anserina	L I S R H L - - A P V Y P I N T P Y A V E R - - - - - L P S T V D T S L L P
4. Q7RWC1 Neurospora crassa	L I S R H L - - A P D Y P L N T P Y T V E R - - - - - H P D N I D T S L L P
5. Q0UT65 Phaeosphaeria nodorum	Q I S K H L D S K P F L E L N T P F S T E R S S R F E D G S G N V K R P K P Q P K P Q E K K I E P
6. B3RZH7 Trichoplax adhaerens	- - - - -
7. B2RCY4 Homo sapiens	- - - - -
8. P41689 Felis catus	- - - - -
9. Q35423 Mus musculus	- - - - -
10. Q6PHK4 Danio rerio	- - - - -
11. A7SBV0 Nematostella vectensis	- - - - -
12. A8IFY9 Chlamydomonas reinhardtii	- - - - -
13. B6T171 Zea mays	- - - - -
14. CSY49 Sorghum bicolor	- - - - -
15. Q6ZF16 Oryza sativa	- - - - -

3. Obtención de la distancia entre secuencias

- Volver a la mega ventana principal;
- En la barra de menús, haga clic en: Distance → Compute Pairwise Distance
- Dejar en los siguientes parámetros:
 - Variance Estimation Method: None
 - Model/Method: p-distance
 - Rates among Sites: Uniform rates
 - Gaps/Missing Data Treatment: Pairwise deletion



d. Compute o resultado;

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1. A8PVG2 Malassezia globosa															
2. Q5K8J3 Cryptococcus neoformans	0.4301														
3. B2B079 Podospora anserina	0.4938	0.4587													
4. Q7RWC1 Neurospora crassa	0.4738	0.4707	0.1896												
5. Q0UT65 Phaeosphaeria nodorum	0.4700	0.4721	0.3550	0.3538											
6. B3RZH7 Trichoplax adhaerens	0.7405	0.6951	0.7189	0.7278	0.7193										
7. B2RCY4 Homo sapiens	0.7486	0.7235	0.7370	0.7342	0.7295	0.4730									
8. P41689 Felis catus	0.7548	0.7218	0.7411	0.7295	0.7224	0.4797	0.1684								
9. Q35423 Mus musculus	0.7541	0.7348	0.7514	0.7411	0.7270	0.5838	0.2430	0.2518							
10. Q6PHK4 Danio rerio	0.7411	0.7218	0.7139	0.7092	0.7143	0.4584	0.4205	0.4078	0.4501						
11. A7SBV0 Nematostella vectensis	0.7438	0.7227	0.7205	0.7104	0.7065	0.4523	0.5259	0.5271	0.5285	0.5194					
12. A8IFY9 Chlamydomonas reinhardtii	0.7438	0.7423	0.7300	0.7363	0.7238	0.7031	0.7005	0.7090	0.7275	0.7124	0.7237				
13. B6T171 Zea mays	0.7324	0.7386	0.7151	0.7123	0.7038	0.7003	0.7068	0.7363	0.7452	0.7330	0.4688				
14. CSY49 Sorghum bicolor	0.7352	0.7358	0.7346	0.7363	0.7111	0.7166	0.7014	0.7041	0.7280	0.7507	0.7384	0.4514	0.0745		
15. Q6ZF16 Oryza sativa	0.7352	0.7415	0.7235	0.7179	0.7139	0.7112	0.7068	0.7068	0.7253	0.7479	0.7357	0.4489	0.1169	0.1820	

e. Guarde la tabla de distancias en formato CSV en su carpeta (File Export/Print distances), guarde y vea en EXCEL o cualquier otro programa de hoja de cálculo.

MEGA-result0

Archivo Editar Ver Insertar Formato Datos Herramientas Extensiones Ayuda Última modifica...

75% € % .0 .00 123 Predetermi... 10 B I S A

E18																		
1	Q5K8J3_Cryptococ	B2B079_Podospor	Q7RWC1_Neurosp	Q0UT65_Phaeospl	B3RZH7_Trichopla	B2RCY4_Homo_sa	P41689_Felis_catu	O35423_Mus_mus	Q6PHK4_Danio_re	A7SBV0_Nematost	A8JFY9_Chlamydo	B6T171_Zea_mays	C5YJ49_Sorghum	Q6ZFI6_Oryza_sativa				
2																		
3																		
4	0,458666667																	
5	0,4707446809	0,1896162528																
6	0,4721485411	0,3560090703	0,3536036036															
7	0,6950549451	0,7189189189	0,7277628032	0,7192513369														
8	0,7234636872	0,7369863014	0,7342465753	0,7295081967	0,4730077121													
9	0,7217630854	0,7411444142	0,7255434783	0,7223719677	0,4796954315	0,1683673469												
10	0,7348066298	0,7513661202	0,7411444142	0,727027027	0,5038167939	0,2429667519	0,2518159806											
11	0,7217630854	0,7138964578	0,7092391304	0,7142857143	0,4593908629	0,4205128205	0,4077669903	0,4501216545										
12	0,7226890756	0,7205479452	0,7103825137	0,7065217391	0,4923469388	0,5259067358	0,5271317829	0,5284974093	0,519379845									
13	0,7422969188	0,7300275482	0,7362637363	0,722826087	0,703125	0,7005347594	0,709782533	0,7275132275	0,7124010554	0,7236842105								
14	0,7386363636	0,7150837989	0,7122905028	0,7027777778	0,7002724796	0,7068493151	0,7068493151	0,7362637363	0,7452054795	0,7329700272	0,4688279302							
15	0,7357954545	0,7346368715	0,7262569832	0,7111111111	0,7166212534	0,701369863	0,704109589	0,728021978	0,7506849315	0,7384196185	0,4513715711	0,07462686567						
16	0,7414772727	0,7234636872	0,717877095	0,7138888889	0,7111716621	0,7068493151	0,7068493151	0,7252747253	0,7479452055	0,7356948229	0,4488778055	0,1169154229	0,1019900488					

4. Reconstrucción del árbol filogenético:

- a. Volver a la mega ventana principal;
- b. En la barra de menús, haga clic en:
Distance → Compute Pairwise Distance
- c. Dejar en los siguientes parámetros:
 - i. Variance Estimation Method: None
 - ii. Model/Method: p-distance
 - iii. Rates among Sites: Uniform rates
 - iv. Gaps/Missing Data Treatment: Pairwise deletion
- d. Compute o resultado;
- e. Guarde la tabla de distancias en formato CSV en su carpeta (File Export/Print distances), guarde y vea en EXCEL o cualquier otro programa de hoja de cálculo.

MEGA-result1

Archivo Editar Ver Insertar Formato Datos Herramientas Extensiones Ayuda Última modifica...

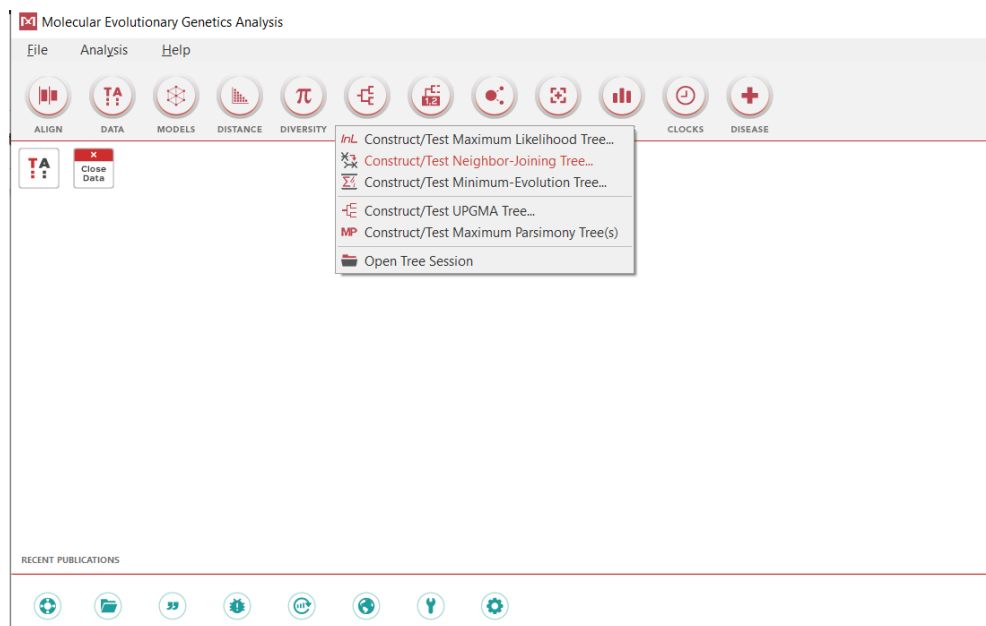
100% € % .0 .00 123 Predetermi... 10 B I S A

A8																		
1																		
2	A8PVG2_Malassezia_globosa																	
3	Q5K8J3_Cryptococcus_neoformans	0,4301																
4	B2B079_Podospora_anserina	0,4908	0,4587															
5	Q7RWC1_Neurospora_crassa	0,4738	0,4707	0,1896														
6	Q0UT65_Phaeosphaeria_nodorum	0,4700	0,4721	0,3560	0,3536													
7	B3RZH7_Trichoplax_adhaerens	0,7405	0,6951	0,7189	0,7278	0,7193												
8	B2RCY4_Homo_sapiens	0,7486	0,7235	0,7370	0,7342	0,7295	0,4730											
9	P41689_Felis_catus	0,7548	0,7218	0,7411	0,7255	0,7224	0,4797	0,1684										
10	O35423_Mus_musculus	0,7541	0,7348	0,7514	0,7411	0,7270	0,5038	0,2430	0,2518									
11	Q6PHK4_Danio_reio	0,7411	0,7218	0,7139	0,7092	0,7143	0,4594	0,4205	0,4078	0,4501								
12	A7SBV0_Nematostella_vectensis	0,7438	0,7227	0,7205	0,7104	0,7065	0,4923	0,5259	0,5271	0,5285	0,5194							
13	A8JFY9_Chlamydomonas_reinhardtii	0,7438	0,7423	0,7300	0,7363	0,7228	0,7031	0,7005	0,7098	0,7275	0,7124	0,7237						
14	B6T171_Zea_mays	0,7324	0,7386	0,7151	0,7123	0,7028	0,7003	0,7068	0,7068	0,7363	0,7452	0,7330	0,4688					
15	C5YJ49_Sorghum_bicolor	0,7352	0,7358	0,7346	0,7263	0,7111	0,7166	0,7014	0,7041	0,7280	0,7507	0,7384	0,4514	0				
16	Q6ZFI6_Oryza_sativa	0,7352	0,7415	0,7235	0,7179	0,7139	0,7112	0,7068	0,7068	0,7253	0,7479	0,7357	0,4489	0				

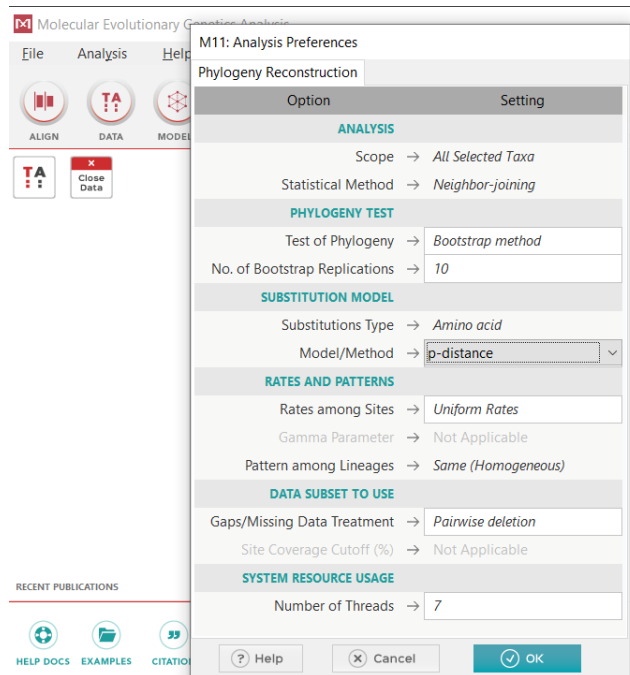
5. Reconstrucción del árbol filogenético:

- a. Vuelva a la ventana principal de MEGA;
- b. En la barra de menú, haga clic en Phylogeny
- c. En MEGA, podemos elegir entre cinco métodos de construcción filogenética de árboles:
 - i. Neighbor-Joining
 - ii. Evolución mínima
 - iii. Máxima probabilidad
 - iv. Parsimonia máxima
 - v. UPGMA

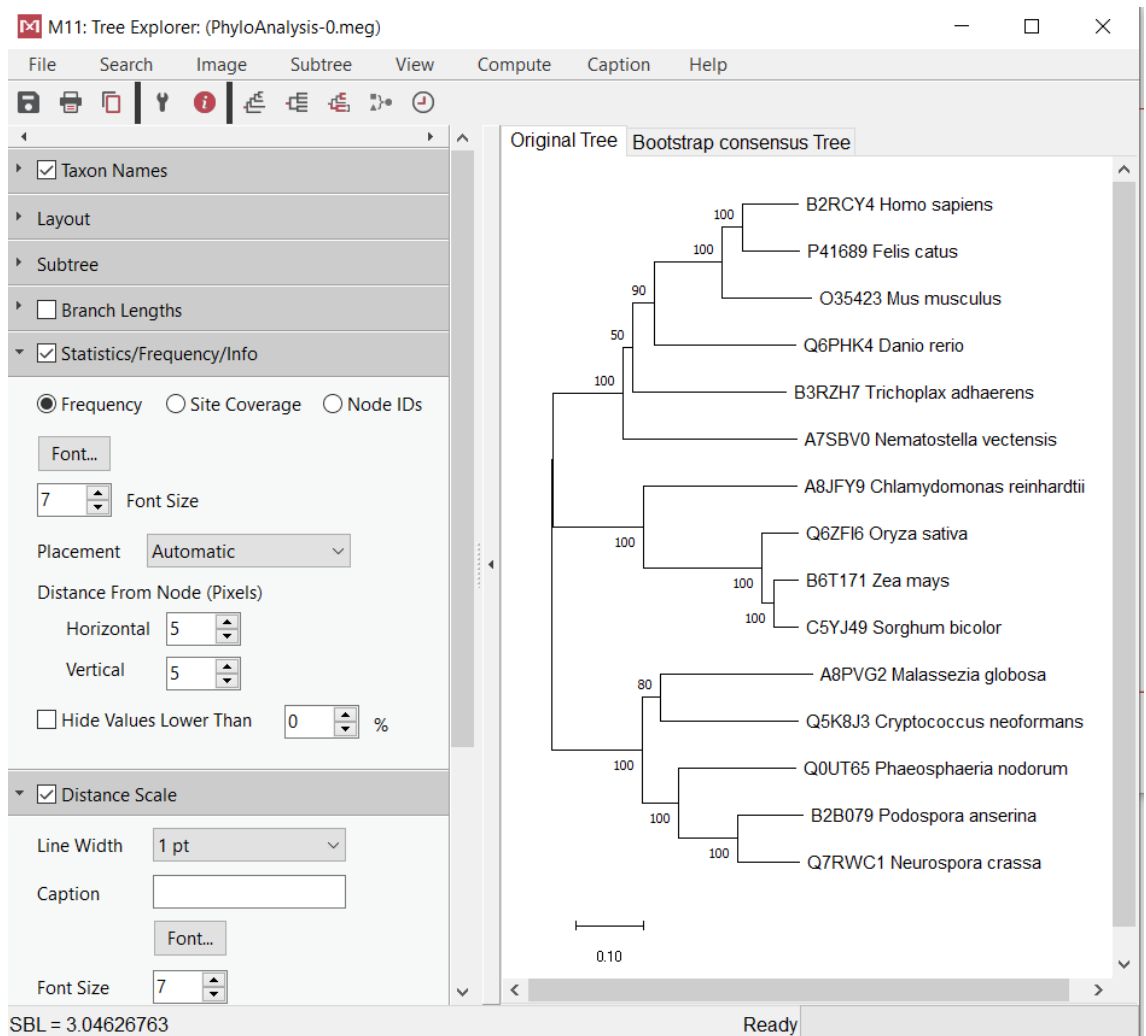
Elija Neighbor-Joining, que es un método simple de reconstrucción de árboles.



- d. Configure los siguientes parámetros:
 - i. Test of Phylogeny - Bootstrap method
 - ii. No of Bootstrap replication - 10
 - iii. Model/Method – p-distance
 - iv. Rate Among sites – Uniform rates
 - v. Gap/missing data treatment – Pairwise deletion



e. Inicie y espere el análisis;



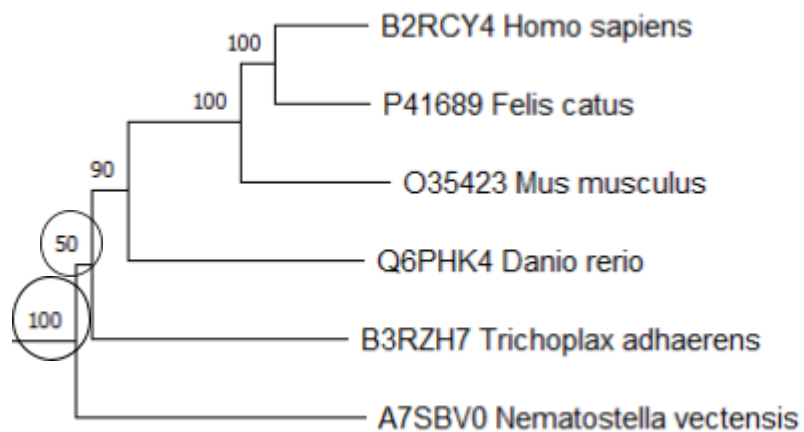
f. Analizar el árbol;

El árbol está dividido con los valores de los nodos internos que indican las réplicas de las secuencias.

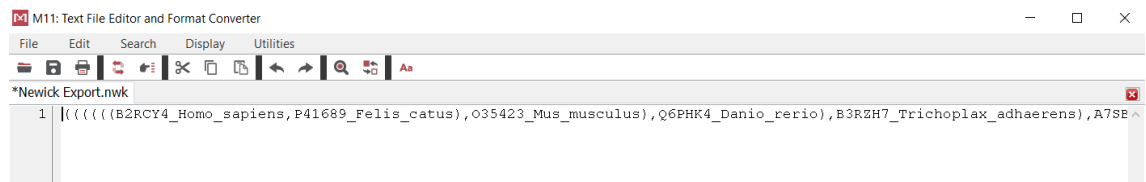
Por lo tanto vemos que el 100/100 del muestreo de las siguientes secuencias fueron agrupadas en una rama que contiene 6 secuencias las cuales pertenecen a animales.

Aunque vemos que en el nodo interno de 50/100 la cuales sus secuencias no son muy similares aunque son Parálogos por que son genes homólogos que es un producto de duplicación del mismo organismo en este caso animal.

Un ejemplo de un tipo ortólogo son las especies *Homo sapiens* y *Felis Catus* que proceden de un único gen ancestral común.




Respecto a las demás especies como las plantas y los hongos estan separados de tal manera que son ortólogos entre sí.




6. Usando la herramienta MEGA con la secuencia SEQAA2.

a. Alineamiento múltiple de secuencias usando PRANK en la secuencia SEQAA

webPRANK



Submit alignment task



Sequence input and submission

Sequence data (required):
Paste sequences in Fasta format or choose a file to upload

Seleccionar archivo

seqaa.fasta

Reset

Alignment title (optional):

b. Clickar en “Start alignment”;

The job **prank-S20220716-170629-0996-85894845-p1m** (seqaa2.fasta) has finished.

Open in Wasabi browser:

Alignment

Download the results:

FASTA

Show Download

Use the links and menu above to display and download the results. [More information.](#)

c. Espere a que el alineamiento termine o copie la url de la página para acceder a los resultados más tarde;

<https://www.ebi.ac.uk/goldman-srv/webprank/results/prank-S20220716-170629-0996-85894845-p1m.html>

d. Cuando el alineamiento termine, véalo en formato FASTA haciendo clic en "Show";

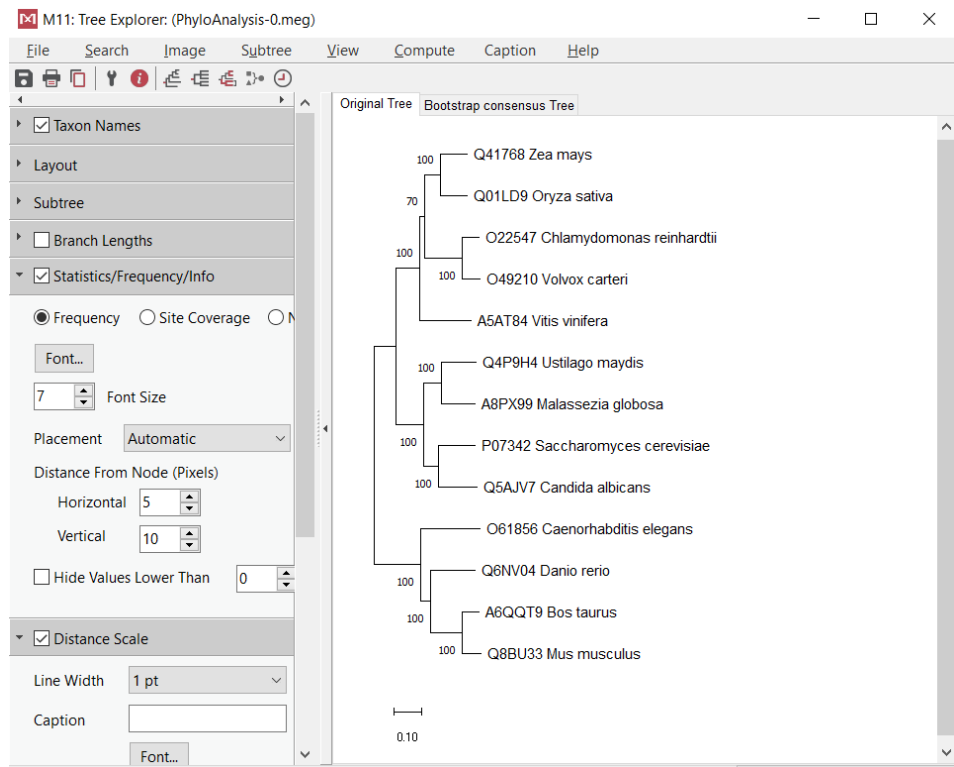
[illegible]

e. Obtención de la distancia entre secuencias:

M11: Pairwise Distances (PhyloAnalysis-0.meg)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1. O61856 Caenorhabditis elegans													
2. Q6NV04 Danio rerio	0.410												
3. A6QQT9 Bos taurus	0.451	0.353											
4. Q8BU33 Mus musculus	0.454	0.346	0.139										
5. Q41768 Zea mays	0.754	0.728	0.742	0.748									
6. Q01LD9 Oryza sativa	0.738	0.720	0.751	0.756	0.202								
7. O22547 Chlamydomonas reinhardtii	0.766	0.751	0.747	0.762	0.353	0.371							
8. O49210 Volvox carteri	0.764	0.758	0.752	0.767	0.365	0.368	0.134						
9. A5AT84 Vitis vinifera	0.738	0.730	0.737	0.752	0.342	0.361	0.416	0.434					
10. Q4P9H4 Ustilago maydis	0.750	0.732	0.751	0.757	0.567	0.566	0.598	0.596	0.569				
11. A8PX99 Malassezia globosa	0.761	0.735	0.746	0.752	0.559	0.570	0.581	0.581	0.574	0.254			
12. P07342 Saccharomyces cerevisiae	0.772	0.743	0.759	0.767	0.574	0.564	0.582	0.583	0.572	0.383	0.384		
13. Q5AJV7 Candida albicans	0.777	0.748	0.768	0.776	0.575	0.568	0.591	0.588	0.573	0.389	0.386	0.280	

f. Reconstrucción del árbol filogenético:



Al igual que el análisis anterior del árbol filogenéticos estos están separados ortológicamente en animales, plantas y hongos y cada uno forma parte una duplicación del mismo organismo. Este árbol trata de ordenar secuencias que cumplan cierta homología para así crear ramas que descienden de un organismo basándose en la similitud de sus secuencias.

Anexo

	Seqaa.fasta	seqaa2.fasta
Animal X Hongo	0.7411	0.735
Animal X Planta	0.7452	0.728
Hongo X Planta	0.7415	0.574

Este distanciamiento indica una alta tasa de mutación en la secuencia seqaa y este distanciamiento es reducido en la secuencia seqaa2.

Seqaa.fasta distances

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O
A8PVG2_Malassezia_globosa	A8PVG2	Q5K8J3	B2B079	Q7RWC1	Q0UT65	B3RZH7	B2RCY4	P41689	O35423	Q6PHK4	A7SBV0	A8JFY9	B6T171	C5YJ49
Q5K8J3_Cryptococcus_neoformans	0.4301													
B2B079_Podospora_anserina	0.4908	0.4587												
Q7RWC1_Neurospora_crassa	0.4738	0.4707	0.1896											
Q0UT65_Phaeosphaeria_nodorum	0.4700	0.4721	0.3560	0.3536										
B3RZH7_Trichoplax_adhaerens	0.7405	0.6951	0.7189	0.7278	0.7193									
B2RCY4_Homo_sapiens	0.7486	0.7235	0.7370	0.7342	0.7295	0.4730								
P41689_Felis_catus	0.7548	0.7218	0.7411	0.7255	0.7224	0.4797	0.1684							
O35423_Mus_musculus	0.7541	0.7348	0.7514	0.7411	0.7270	0.5038	0.2430	0.2518						
Q6PHK4_Danio_rerio	0.7411	0.7218	0.7139	0.7092	0.7143	0.4594	0.4205	0.4078	0.4501					
A7SBV0_Nematostella_vectensis	0.7438	0.7227	0.7205	0.7104	0.7065	0.4923	0.5259	0.5271	0.5285	0.5194				
A8JFY9_Chlamydomonas_reinhardtii	0.7438	0.7423	0.7300	0.7363	0.7228	0.7031	0.7005	0.7098	0.7275	0.7124	0.7237			
B6T171_Zea_mays	0.7324	0.7386	0.7151	0.7123	0.7028	0.7003	0.7068	0.7068	0.7363	0.7452	0.7330	0.4688		
C5YJ49_Sorghum_bicolor	0.7352	0.7358	0.7346	0.7263	0.7111	0.7166	0.7014	0.7041	0.7280	0.7507	0.7384	0.4514	0.0746	
Q6ZFI6_Oryza_sativa	0.7352	0.7415	0.7235	0.7179	0.7139	0.7112	0.7068	0.7068	0.7253	0.7479	0.7357	0.4489	0.1169	0.1020

Seqaa2.fasta distances

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
O61856_Caenorhabditis_elegans	O61856	Q6NV04	A6QQT9	Q8BU33	Q41768	Q01LD9	O22547	O49210	A5AT84	Q4P9H4	A8PX99	P07342	Q5AJV7
Q6NV04_Danio_rerio	0.410												
A6QQT9_Bos_taurus	0.451	0.353											
Q8BU33_Mus_musculus	0.454	0.346	0.139										
Q41768_Zea_mays	0.754	0.728	0.742	0.748									
Q01LD9_Oryza_sativa	0.738	0.720	0.751	0.756	0.202								
O22547_Chlamydomonas_reinhardtii	0.766	0.751	0.747	0.762	0.353	0.371							
O49210_Volvox_carteri	0.764	0.758	0.752	0.767	0.365	0.368	0.134						
A5AT84_Vitis_vinifera	0.738	0.730	0.737	0.752	0.342	0.361	0.416	0.434					
Q4P9H4_Ustilago_maydis	0.750	0.732	0.751	0.757	0.567	0.566	0.598	0.596	0.569				
A8PX99_Malassezia_globosa	0.761	0.735	0.746	0.752	0.559	0.570	0.581	0.581	0.574	0.254			
P07342_Saccharomyces_cerevisiae	0.772	0.743	0.759	0.767	0.574	0.564	0.582	0.583	0.572	0.383	0.384		
Q5AJV7_Candida_albicans	0.777	0.748	0.768	0.776	0.575	0.568	0.591	0.588	0.573	0.389	0.386	0.280	