Software for isometric gene tree reconciliation

DOMINIKA MIHÁLOVÁ
SUPERVISOR: DOC. MGR. BRONISLAVA BREJOVÁ, PHD.

Main goal

- Implement software for isometric gene tree reconciliation

- Experimentally evaluate its accuracy on:
  - simulated biological data
  - real biological data

Software

- Source code based on master's thesis of Radoslav Chládek (Algorithms for isometric gene tree reconciliation. Univerzita Komenského v Bratislave, 2019)

- Programming language: Java

- Implemented algorithms:
  - Rooting the gene tree
  - Counting algorithm

- Testing data: 12 Drosophila and 16 fungi (TreeFix, SPIMAP)

Testing – Rooting the gene tree
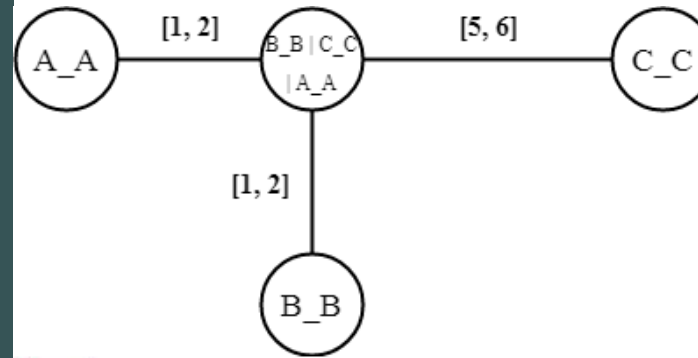

```
Tree 1
Edge: A_A,  B_B| C_C|A_A
Interval 1: 0.0 0.0; Interval 2: 1.0 2.0  ←
Interval 1: 1.0 2.0; Interval 2: 0.0 0.0  ←
Interval 1: 0.0 0.5; Interval 2: 1.0 1.5
Interval 1: 1.0 1.5; Interval 2: 0.0 0.5
Edge:  B_B,  B_B| C_C|A_A
Interval 1: 0.0 0.0; Interval 2: 1.0 2.0  ←
Interval 1: 1.0 2.0; Interval 2: 0.0 0.0  ←
Interval 1: 0.0 0.5; Interval 2: 1.0 1.5
Interval 1: 1.0 1.5; Interval 2: 0.0 0.5
Edge:  C_C,  B_B| C_C|A_A
Interval 1: 0.0 0.0; Interval 2: 5.0 6.0  ←
Interval 1: 5.0 6.0; Interval 2: 0.0 0.0  ←
Interval 1: 0.0 0.5; Interval 2: 5.0 5.5
Interval 1: 1.0 1.5; Interval 2: 4.0 4.5
Interval 1: 2.0 2.5; Interval 2: 3.0 3.5
Interval 1: 3.0 3.5; Interval 2: 2.0 2.5
Interval 1: 4.0 4.5; Interval 2: 1.0 1.5
Interval 1: 5.0 5.5; Interval 2: 0.0 0.5
```

zakorenenie tesne nad vrcholmi = jedna hrana má dĺžku 0, druhá má pôvodnú dĺžku

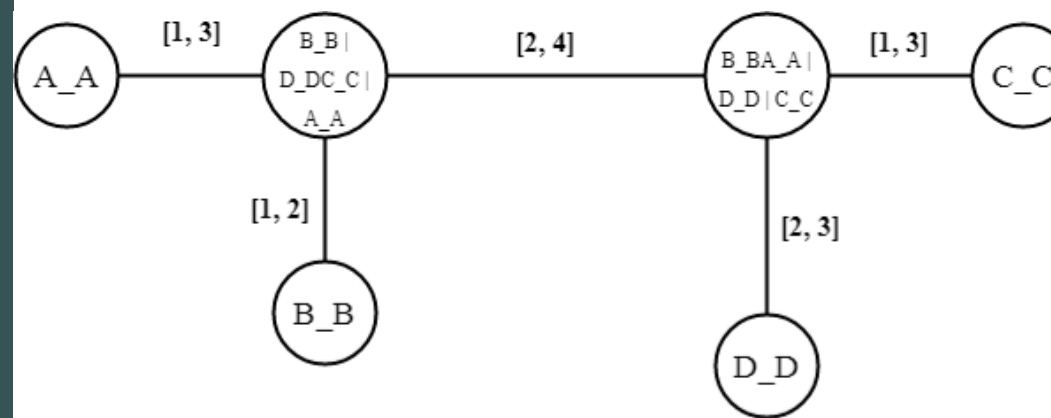začne od 0 a ide s krokom 1; voľnosť intervalu rozdelí na polovicu

zakorenenie tesne nad vrcholmi = jedna hrana má dĺžku 0, druhá má pôvodnú dĺžku

začne od 0 a ide s krokom 1; voľnosť intervalu rozdelí na polovicu

zakorenenie tesne nad vrcholmi = jedna hrana má dĺžku 0, druhá má pôvodnú dĺžku

začne od 0 a ide s krokom 1; voľnosť intervalu rozdelí na polovicu

Testing – Rooting the gene tree


```
Tree 2
Edge: A_A,  B_B| D_DC_C|A_A
Interval 1: 0.0 0.0; Interval 2: 1.0 3.0  ←
Interval 1: 1.0 3.0; Interval 2: 0.0 0.0  ←
Interval 1: 0.0 1.0; Interval 2: 1.0 2.0
Interval 1: 1.0 2.0; Interval 2: 0.0 1.0
Edge:  B_B,  B_B| D_DC_C|A_A
Interval 1: 0.0 0.0; Interval 2: 1.0 2.0  ←
Interval 1: 1.0 2.0; Interval 2: 0.0 0.0  ←
Interval 1: 0.0 0.5; Interval 2: 1.0 1.5
Interval 1: 1.0 1.5; Interval 2: 0.0 0.5
Edge:  B_BA_A| D_D|C_C,  B_B| D_DC_C|A_A
Interval 1: 0.0 0.0; Interval 2: 2.0 4.0  ←
Interval 1: 2.0 4.0; Interval 2: 0.0 0.0  ←
Interval 1: 0.0 1.0; Interval 2: 2.0 3.0
Interval 1: 1.0 2.0; Interval 2: 1.0 2.0
Interval 1: 2.0 3.0; Interval 2: 0.0 1.0
Edge: C_C,  B_BA_A| D_D|C_C
Interval 1: 0.0 0.0; Interval 2: 1.0 3.0  ←
Interval 1: 1.0 3.0; Interval 2: 0.0 0.0  ←
Interval 1: 0.0 1.0; Interval 2: 1.0 2.0
Interval 1: 1.0 2.0; Interval 2: 0.0 1.0
Edge:  D_D,  B_BA_A| D_D|C_C
Interval 1: 0.0 0.0; Interval 2: 2.0 3.0  ←
Interval 1: 2.0 3.0; Interval 2: 0.0 0.0  ←
Interval 1: 0.0 0.5; Interval 2: 2.0 2.5
Interval 1: 1.0 1.5; Interval 2: 1.0 1.5
Interval 1: 2.0 2.5; Interval 2: 0.0 0.5
```

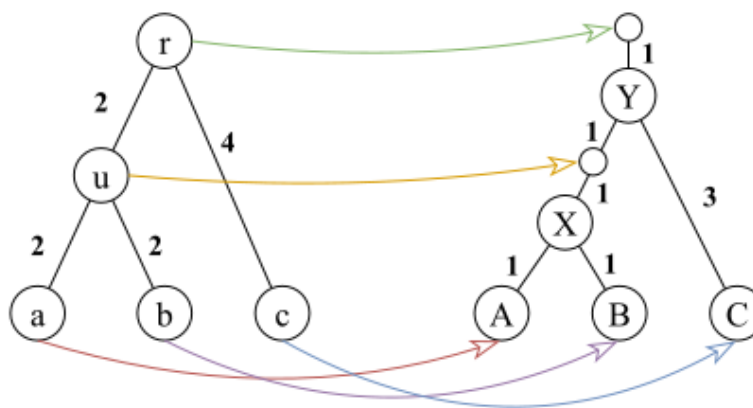zakorenenie tesne nad vrcholmi = jedna hrana má dĺžku 0, druhá má pôvodnú dĺžku

začne od 0 a ide s krokom 1; voľnosť intervalu rozdelí na polovicu

zakorenenie tesne nad vrcholmi = jedna hrana má dĺžku 0, druhá má pôvodnú dĺžku

začne od 0 a ide s krokom 1; voľnosť intervalu rozdelí na polovicu

zakorenenie tesne nad vrcholmi = jedna hrana má dĺžku 0, druhá má pôvodnú dĺžku

začne od 0 a ide s krokom 1; voľnosť intervalu rozdelí na polovicu

zakorenenie tesne nad vrcholmi = jedna hrana má dĺžku 0, druhá má pôvodnú dĺžku

začne od 0 a ide s krokom 1; voľnosť intervalu rozdelí na polovicu

zakorenenie tesne nad vrcholmi = jedna hrana má dĺžku 0, druhá má pôvodnú dĺžku

začne od 0 a ide s krokom 1; voľnosť intervalu rozdelí na polovicu

Testing – Counting algorithm

Rooted gene tree G **Species tree S**

Rooted gene tree G **Species tree S**
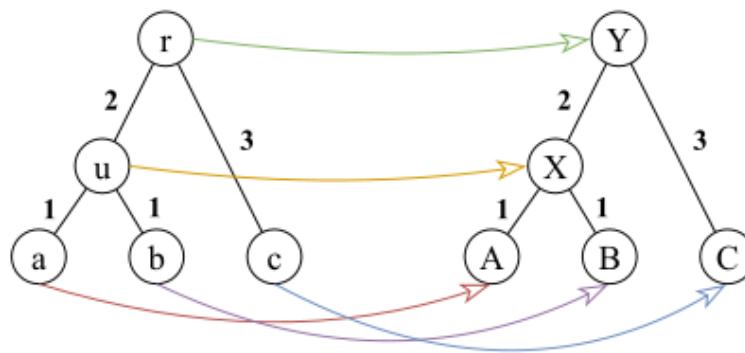
```
Gene tree 1
Node: c
      Loss: 0
Node: b
      Loss: 0
Node: a
      Loss: 0
Node: u
      Loss: 0
Node: r
Losses: 0 Duplications: 0

Gene tree 2
Node: c
      Loss: 1    ← na ceste medzi "c" a "r" je S-node "Y"
Node: b
      Loss: 1    ← na ceste medzi "b" a "u" je S-node "X"
Node: a
      Loss: 1    ← na ceste medzi "a" a "u" je S-node "X"
Node: u
      Loss: 1    ← na ceste medzi "u" a "r" je S-node "Y"
      Duplication: 1  ← "u" sa namapuje nad "X" - jeho lca
Node: r
      Duplication: 1  ← "r" sa namapuje nad "Y" - jeho lca
Losses: 4 Duplications: 2
```
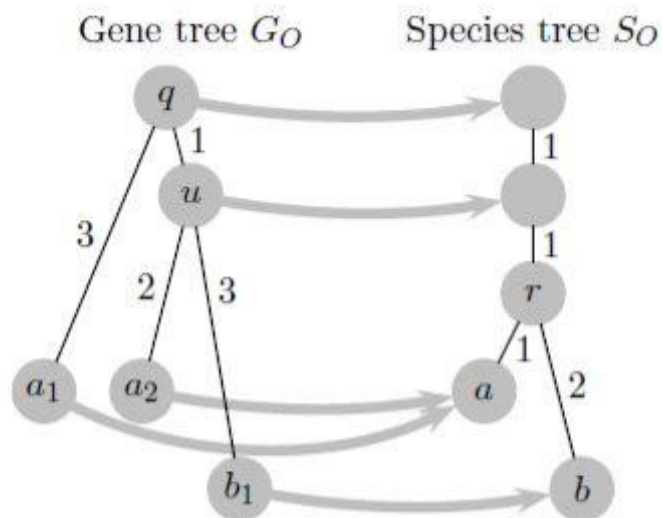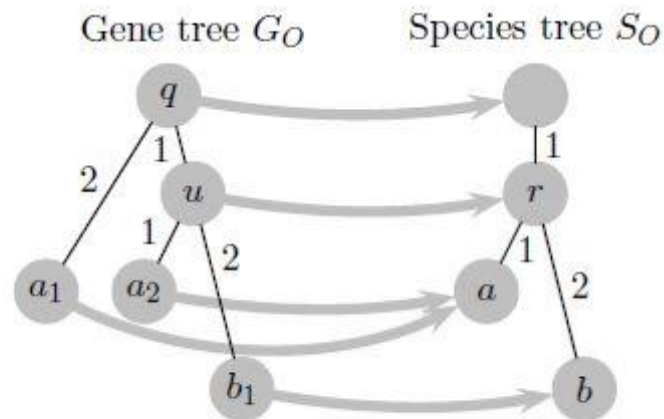
Testing – Counting algorithm

Gene tree G_O Species tree S_O

```
Gene tree 1
Node: b1
    Loss: 0
Node: a2
    Loss: 0
Node: u
    Loss: 0
Node: a1
    Loss: 1 ← na ceste medzi "a1" a "q" je S-node "r"
Node: q
    Duplication: 1 ← "q" sa namapuje nad "r"- jeho lca
Losses: 1 Duplications: 1
```

```
Gene tree 2
Node: b1
    Loss: 1 ← na ceste medzi "b1" a "u" je S-node "r"
Node: a2
    Loss: 1  ← na ceste medzi "a2" a "u" je S-node "r"
Node: u
    Loss: 0
    Duplication: 1 ← "u" sa namapuje nad "r"- jeho lca
Node: a1
    Loss: 1 ← na ceste medzi "a1" a "q" je S-node "r"
Node: q
    Duplication: 1  ← "q" sa namapuje nad "r"- jeho lca
Losses: 3 Duplications: 2
```

Thank you for your attention.