



# Построение филогенетических деревьев

# Форматы записи деревьев

- ▶ Newick

```
"((Генетика,Геномика),Филогенетика);"
```

: — отделение длин ветвей

- ▶ Nexus

```
#NEXUS
```

```
BEGIN TAXA;
```

```
DIMENSIONS NTAX=3;
```

```
TAXLABELS Генетика Геномика Филогенетика;
```

```
END;
```

```
BEGIN CHARACTERS;
```

```
DIMENSIONS NCHAR= 12;
```

```
FORMAT DATATYPE = DNA;
```

```
MATRIX
```

```
Генетика      ----ГЕНЕТИКА
```

```
Геномика      ----ГЕНОМИКА
```

```
Филогенетика  филоГЕНЕТИКА;
```

```
END;
```

```
BEGIN TREES;
```

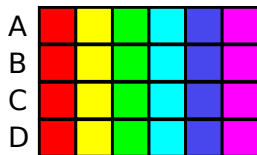
```
TREE best = ((Генетика,Геномика),Филогенетика);
```

```
END;
```

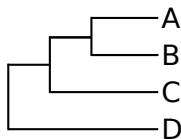
- ▶ NeXML, PhyloXML

# Bootstrap

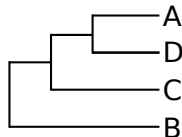
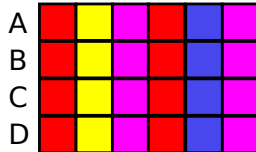
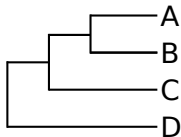
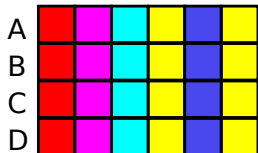
Выравнивание



Дерево



Псевдореplikации



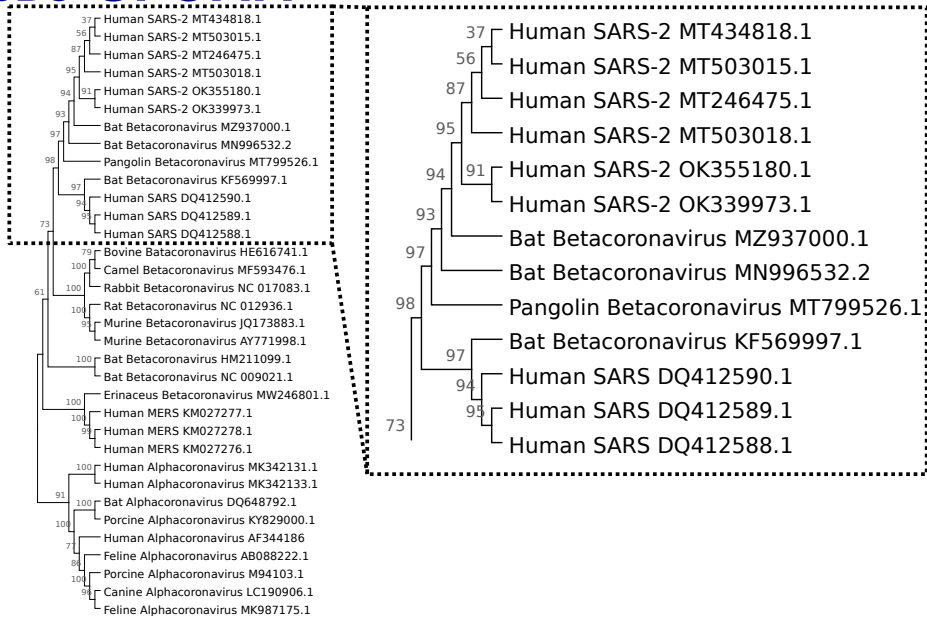
**Задание 1.** Постройте дерево методом UPGMA. Используйте выравнивание из файла `muscle_DNA_gblock.fas`.  
Рассчитайте bootstrap поддержки для 100 псевдореplikаций.



### Construct/Test UPGMA tree

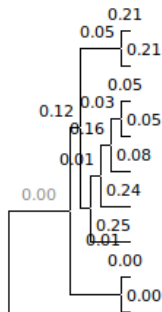
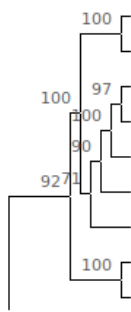
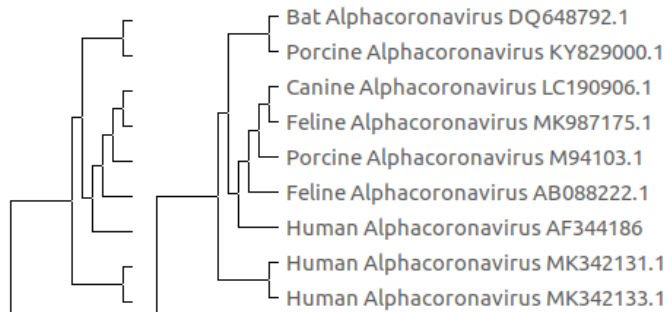
Option	Setting
<b>ANALYSIS</b>	
Scope	→ <i>All Selected Taxa</i>
Statistical Method	→ <i>UPGMA</i>
<b>PHYLOGENY TEST</b>	
Test of Phylogeny	→ <i>Bootstrap method</i>
No. of Bootstrap Replications	→ <input type="text" value="100"/>
<b>SUBSTITUTION MODEL</b>	
Substitutions Type	→ <i>Nucleotide</i>
Genetic Code Table	→ <i>Not Applicable</i>
Model/Method	→ <i>Maximum Composite Likelihood</i>
Fixed Transition/Transversion Ratio	→ <i>Not Applicable</i>
Substitutions to Include	→ <i>d: Transitions + Transversions</i>
<b>RATES AND PATTERNS</b>	
Rates among Sites	→ <i>Uniform Rates</i>
Gamma Parameter	→ <i>Not Applicable</i>
Pattern among Lineages	→ <i>Same (Homogeneous)</i>

# Дерево UPGMA



# Настройки отображения

- ▶ Taxon Names
- ▶ Branch Lengths
- ▶ Statistics/Frequency/Info



**Задание 2.** Постройте дерево методом NJ. Используйте выравнивание из файла `muscle_DNA_gblock.fas`. Рассчитайте bootstrap поддержки для 100 псевдореplikаций.



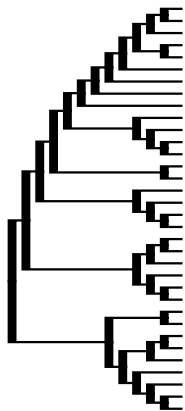
## Construct/Test Neighbor-Joining Tree

Option	Setting
<b>ANALYSIS</b>	
Scope	→ <i>All Selected Taxa</i>
Statistical Method	→ <i>Neighbor-joining</i>
<b>PHYLOGENY TEST</b>	
Test of Phylogeny	→ <i>Bootstrap method</i>
No. of Bootstrap Replications	→ <i>100</i>
<b>SUBSTITUTION MODEL</b>	
Substitutions Type	→ <i>Nucleotide</i>
Genetic Code Table	→ <i>Not Applicable</i>
Model/Method	→ <i>Maximum Composite Likelihood</i>
Fixed Transition/Transversion Ratio	→ <i>Not Applicable</i>
Substitutions to Include	→ <i>d: Transitions + Transversions</i>
<b>RATES AND PATTERNS</b>	
Rates among Sites	→ <i>Uniform Rates</i>
Gamma Parameter	→ <i>Not Applicable</i>
Pattern among Lineages	→ <i>Same (Homogeneous)</i>

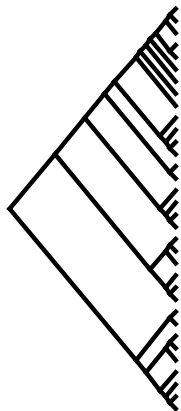
# Изменение способа изображения дерева

Layout/Tree style

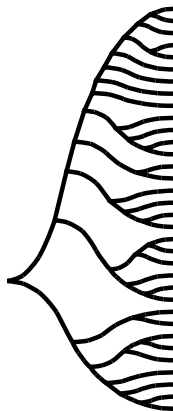
Rectangular



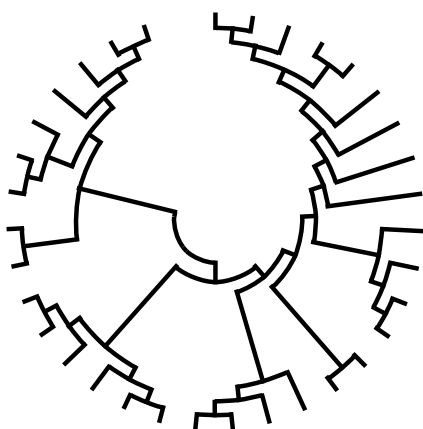
Straight



Curve

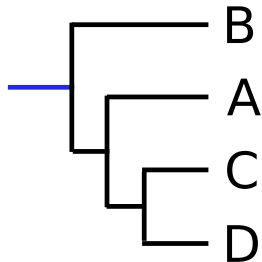
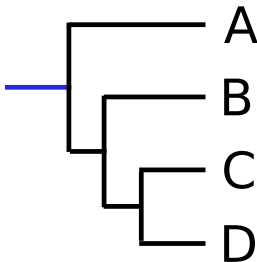
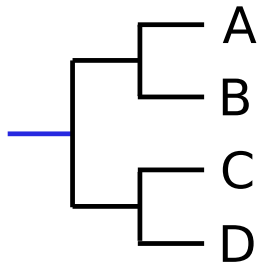
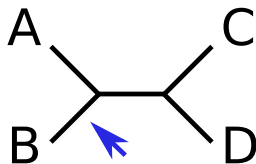
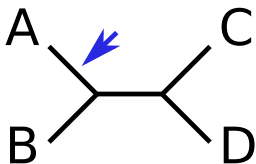
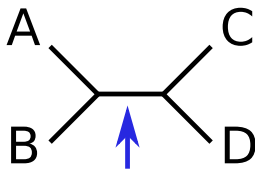


Circle



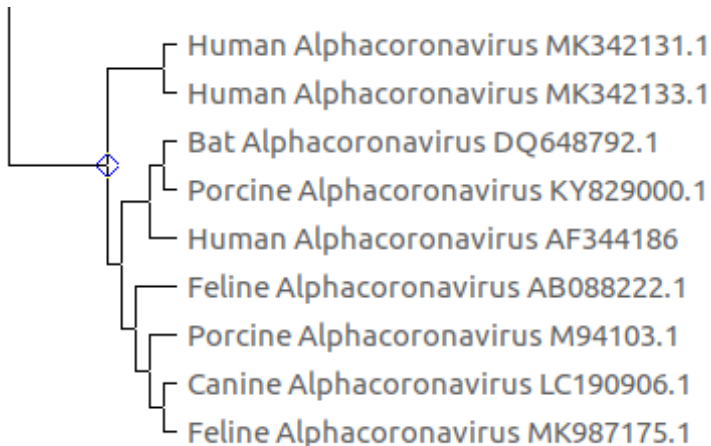


# Укоренение деревьев



# Укоренение деревьев в MEGA

- ▶ Subtree/Root tree
- ▶ Layout/Root on midpoint

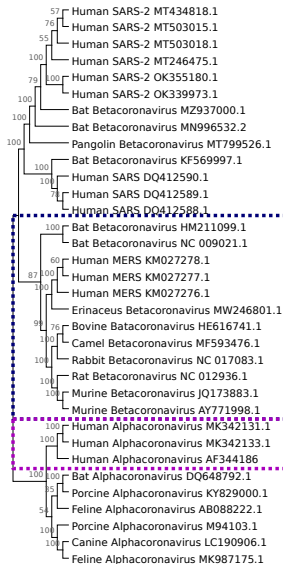


**Задание 3.** Укорените дерево двумя способами, есть ли отличия?

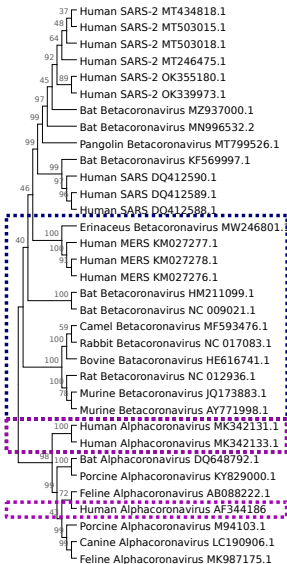
**Задание 4.** Постройте ещё два дерева методом NJ с теми же настройками. Используйте выравнивания из файлов: `muscle_DNA.fas` и `muscle_aa.fas`. Есть ли различия в результатах?

# Сравнение деревьев

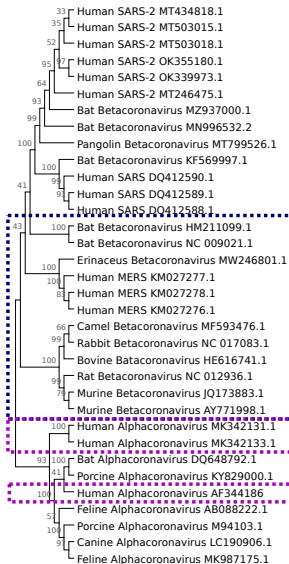
Protein



DNA Gblocks



DNA



**Задание 5.** Постройте дерево методом МЕ по одному из трех файлов и сравните с NJ деревом, построенным по тем же данным. Есть ли различия в результатах?

# Метод Maximum Likelihood



## Construct/Test Maximum Likelihood Tree

Option	Setting
<b>ANALYSIS</b>	
Statistical Method →	<i>Maximum Likelihood</i>
<b>PHYLOGENY TEST</b>	
Test of Phylogeny →	<i>Bootstrap method</i>
No. of Bootstrap Replications →	<i>100</i>
<b>SUBSTITUTION MODEL</b>	
Substitutions Type →	<i>Nucleotide</i>
Genetic Code Table →	<i>Not Applicable</i>
Model/Method →	<i>Tamura-Nei model</i>
<b>RATES AND PATTERNS</b>	
Rates among Sites →	<i>Uniform Rates</i>
No of Discrete Gamma Categories →	<i>Not Applicable</i>
<b>TREE INFERENCE OPTIONS</b>	
ML Heuristic Method →	<i>Nearest-Neighbor-Interchange (NNI)</i>
Initial Tree for ML →	<i>Make initial tree automatically (Default - NJ/BioNJ)</i>
Initial Tree File →	<i>Not Applicable</i>
Branch Swap Filter →	<i>None</i>

# Программы

1. BEAST2 (**Именно BEAST2!**)
2. Tracer
3. FigTree

Для всех программ нужна Java версии не меньше 8й.

У Tracer и FigTree .dmg — для MacOS, .zip — для Win и .tgz — для Linux. Архивы необходимо распаковать.