

МЕЖДУНАРОДНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ АСТАНА

Высшая школа естественных наук

ОСНОВЫ БИОИНФОРМАТИКИ

(Практикум)

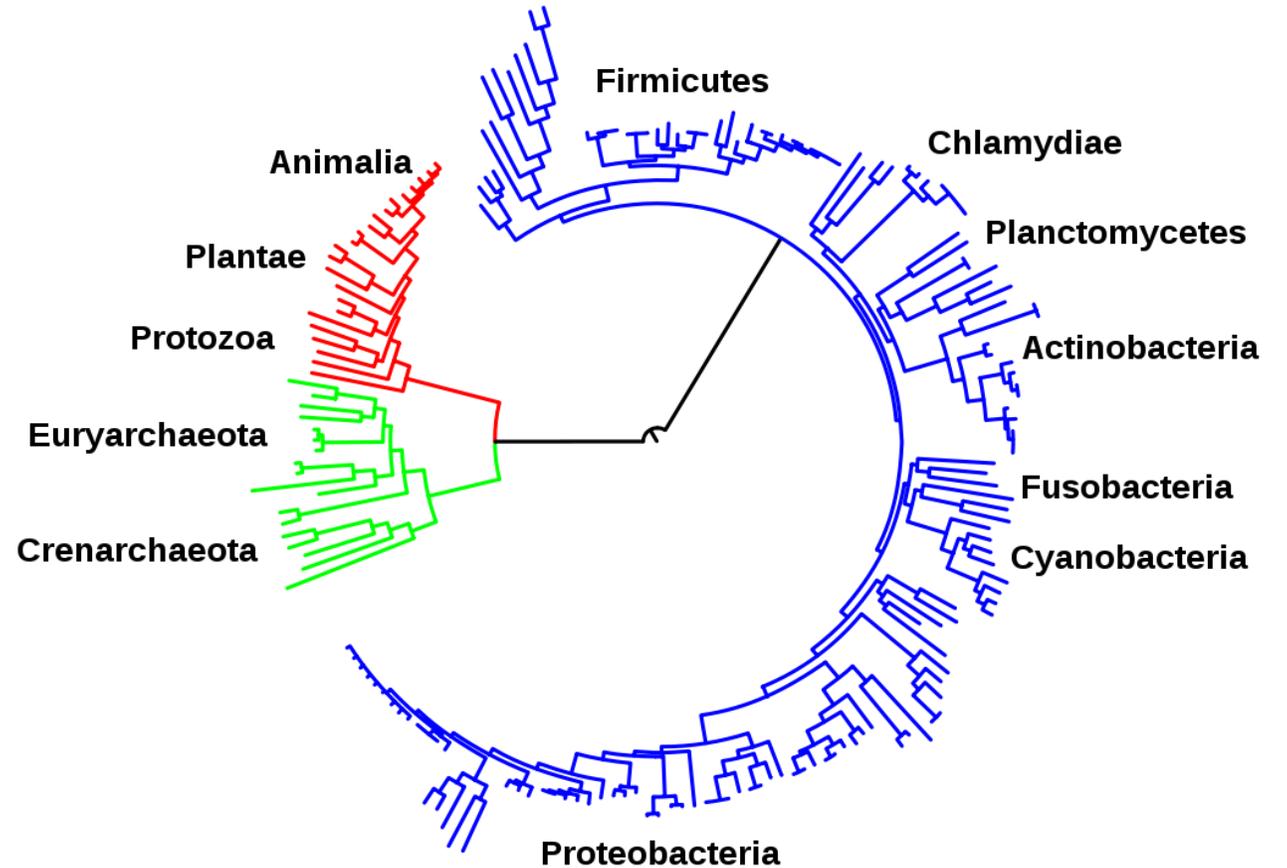
*Примеры сравнения данных
(Филогенетическое дерево)*

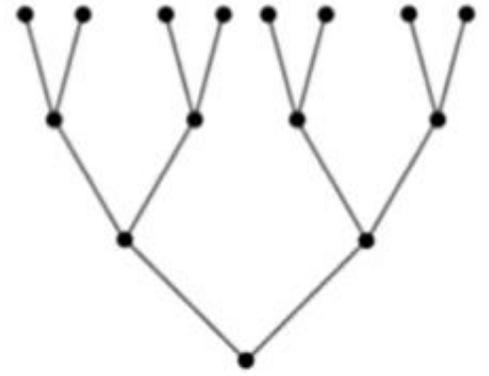
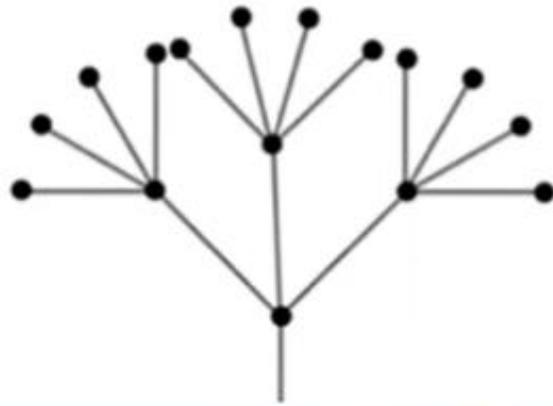
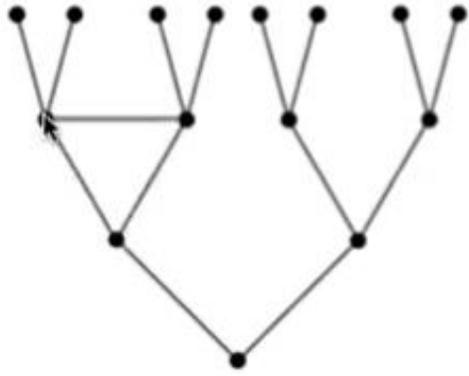
ОРАЗОВ АЙДЫН ЕРҒАЛИҰЛЫ

PhD, и.о. ассоциированного профессора Высшей школы естественных наук международного университета Астана, Заведующий научно-исследовательской лаборатории изучения окружающей среды «NatureLaB»

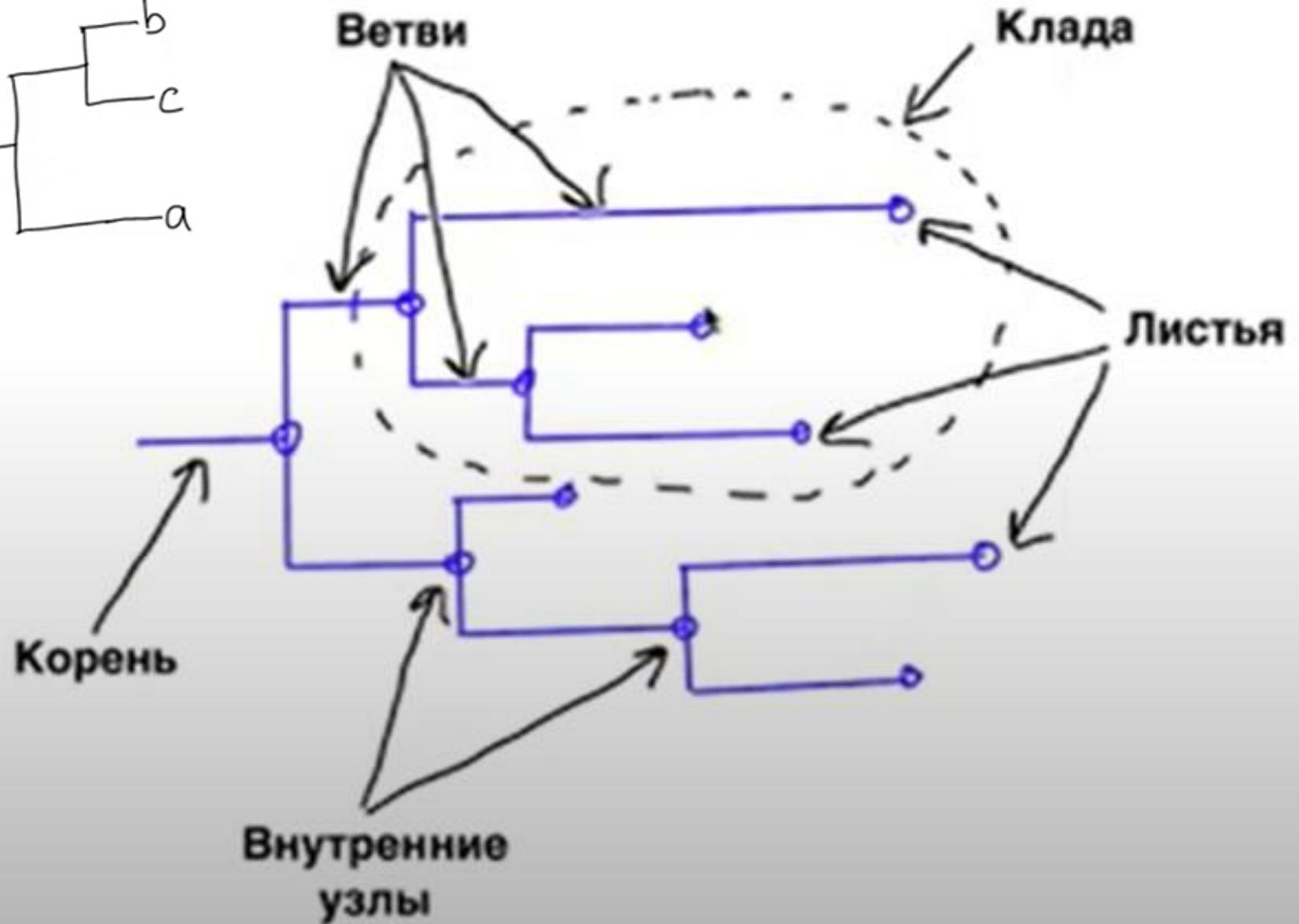
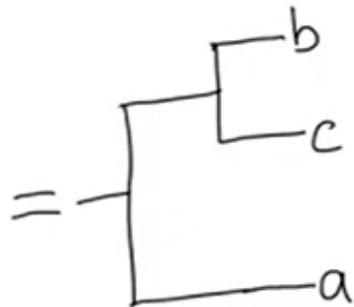
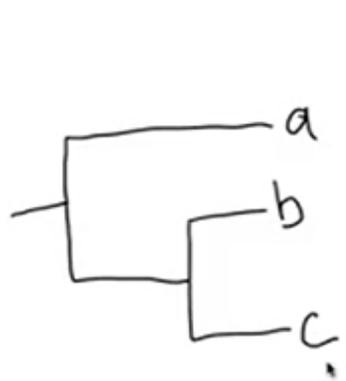
АСТАНА, 2025

Филогенетическое дерево (эволюционное дерево, дерево жизни) — дерево, отражающее эволюционные взаимосвязи между различными видами или другими сущностями, имеющими общего предка.

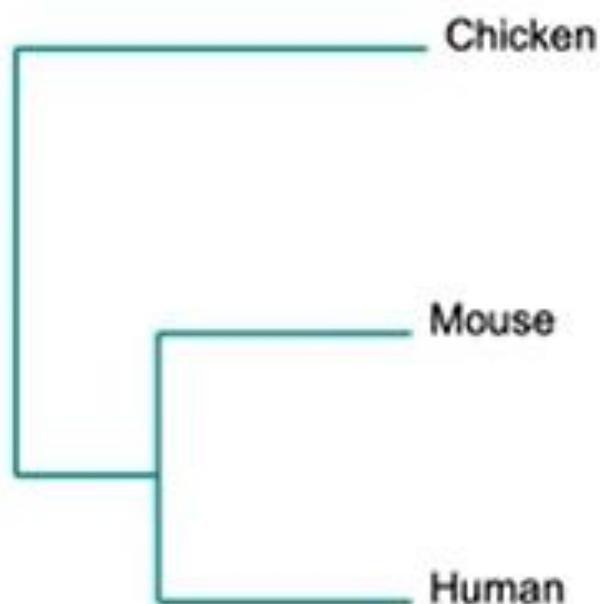




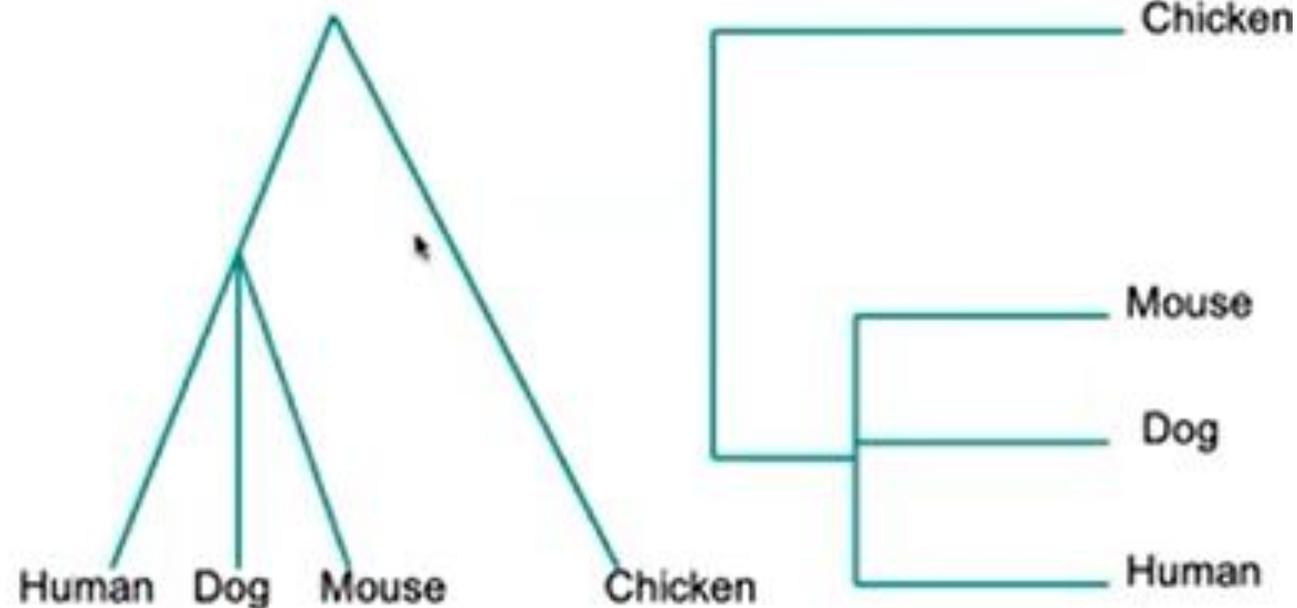
Терминология



Терминология

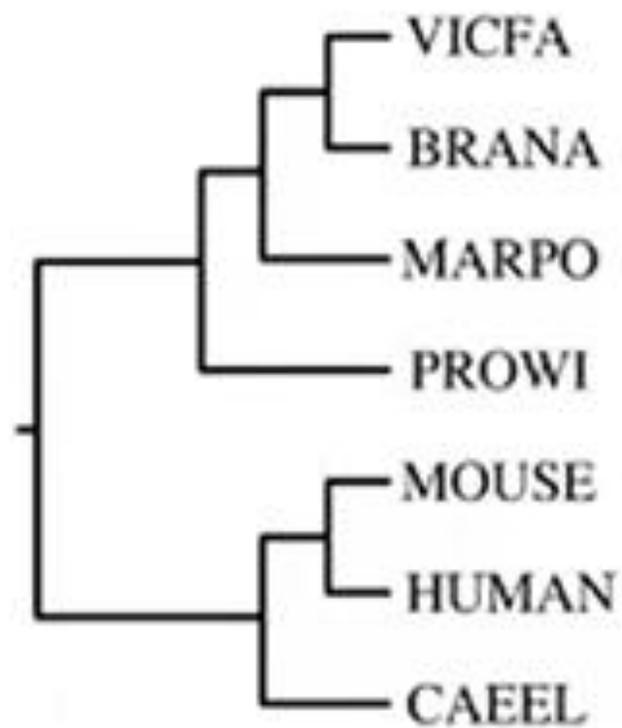


Бинарное дерево

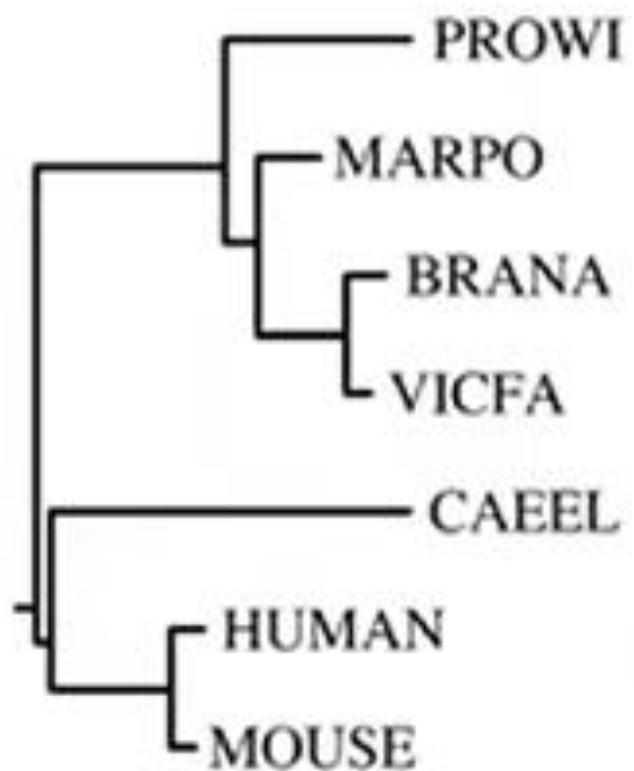


Небинарное дерево

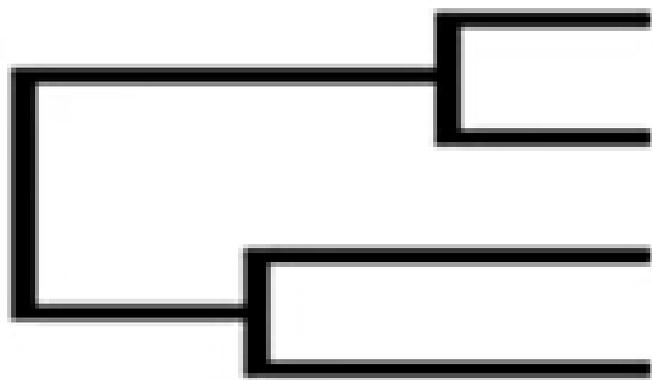
Терминология



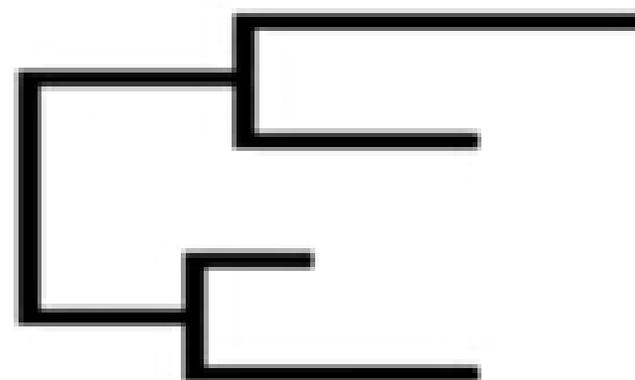
Без длин ветвей
(только топология)



С длинами ветвей



Ультраметрическое
дерево

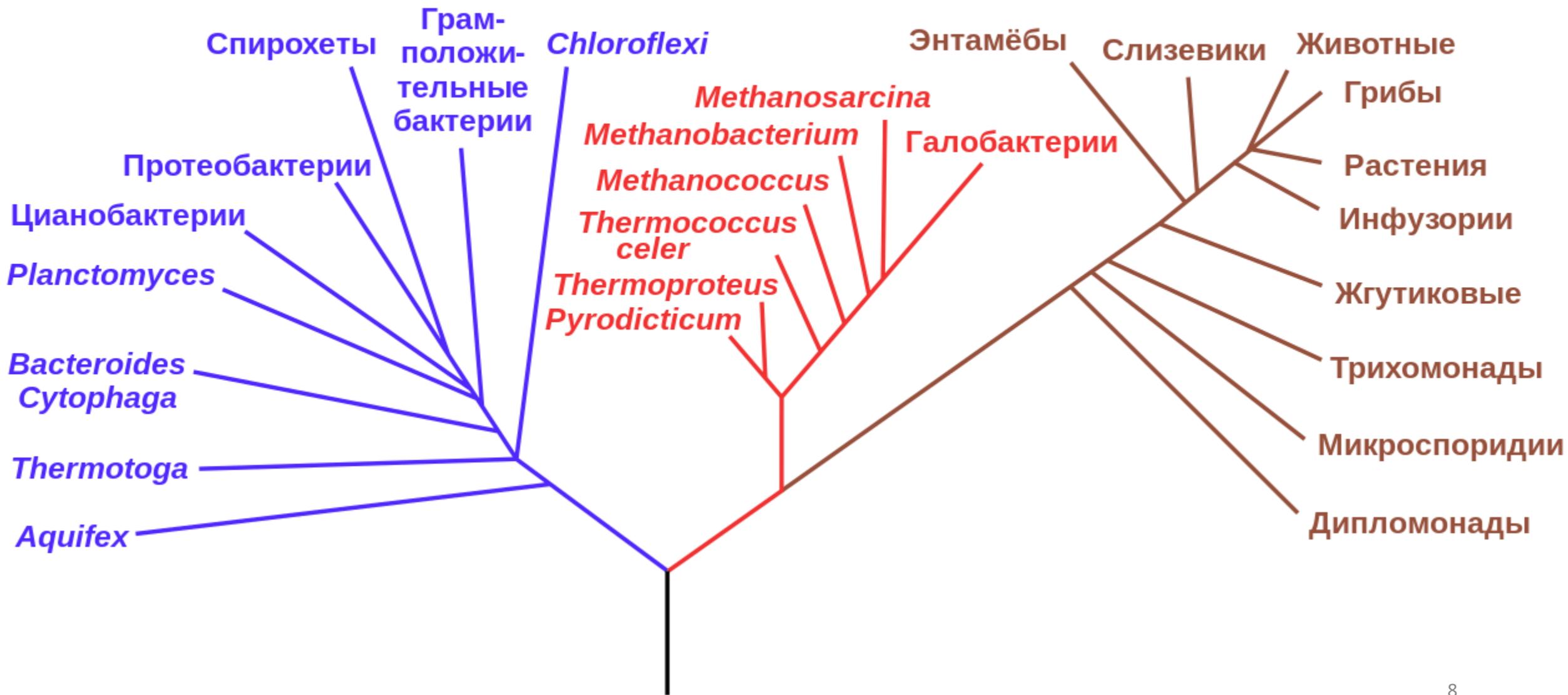


Неультраметрическое
дерево

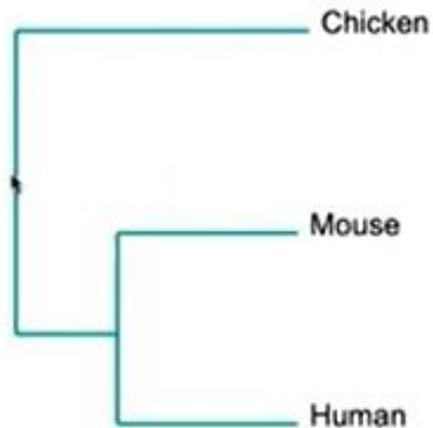
Бактерии

Археи

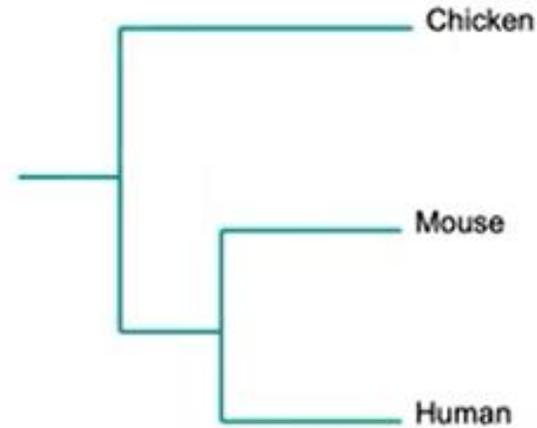
Эукариоты



Терминология



Может подразумеваться как укорененное дерево, так и нет



Укорененное дерево

Укоренённое дерево — дерево, содержащее выделенную вершину — корень. Укоренённое дерево можно считать ориентированным графом, поскольку на нём имеется естественная ориентация — от корня к листьям. Каждый узел укоренённого дерева отвечает последнему общему предку нижележащих листьев дерева. На иллюстрации показано укоренённое филогенетическое дерево, окрашенное в соответствии с трёхдоменной системой живых организмов

Неукоренённое дерево не содержит корня и отражает связь листьев без предполагаемого положения общего предка. Необходимость рассматривать неукоренённые деревья возникает из-за того, что часто связи между узлами восстановить легче, чем направление эволюции. На иллюстрации показано неукоренённое филогенетическое дерево. Наиболее достоверным методом для превращения неукоренённого дерева в укоренённое (для этого надо либо объявить корнем один из узлов, либо разбить одну из ветвей на две, выходящие из корня) является использование «внешней группы» видов — достаточно близких к интересующему нас набору видов (для достоверного восстановления топологии дерева для объединённого множества видов), но в то же время заведомо являющихся отдельной группой. Иногда положение корня можно угадать, исходя из каких-либо дополнительных знаний о природе изучаемых объектов (видов, белков, и т. д.)



NCBI taxonomy last update: Thu, 26 Oct 2023

Search species, clad

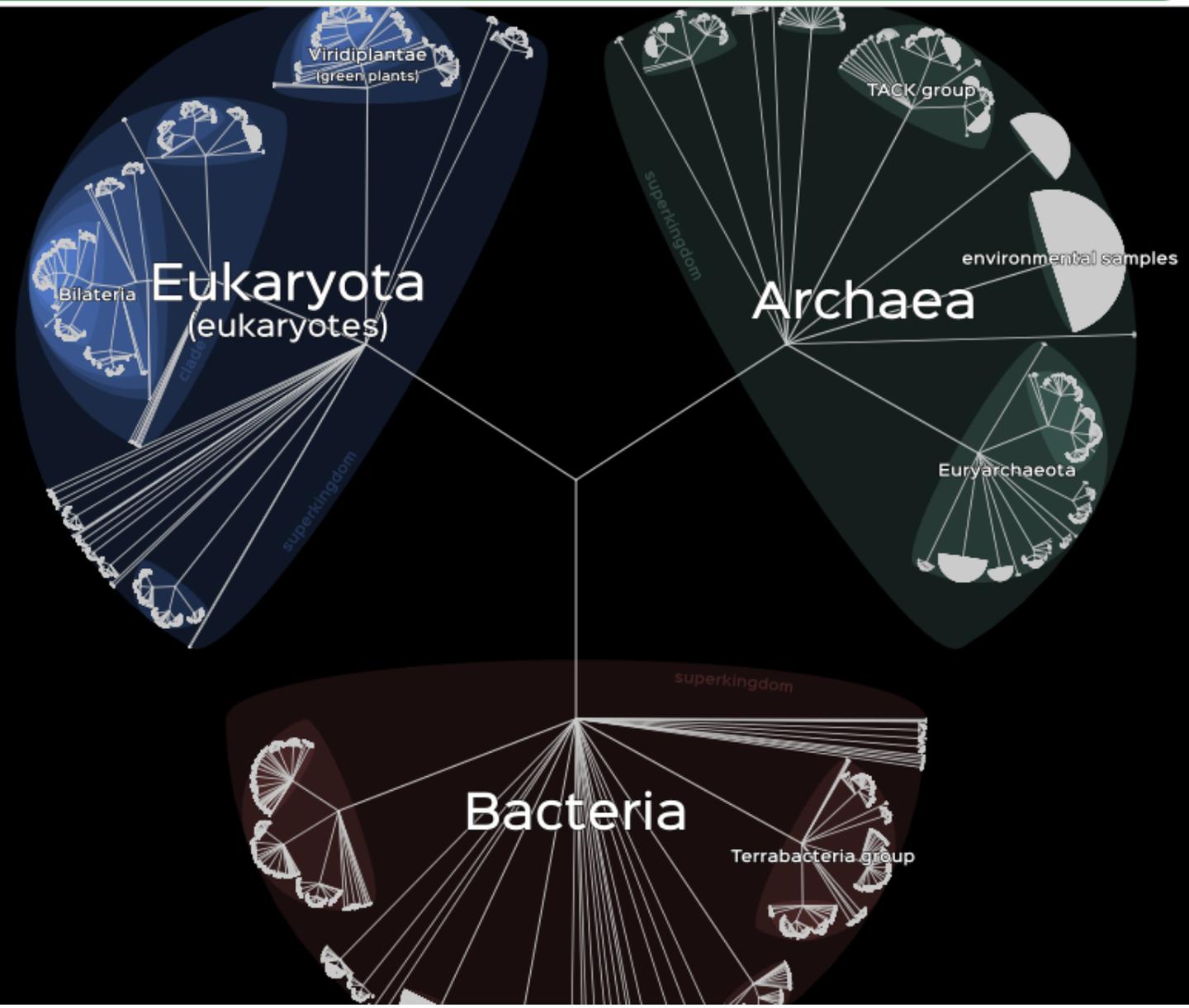
Display additional information

- Number of genomes fully sequenced
- ...more to come...

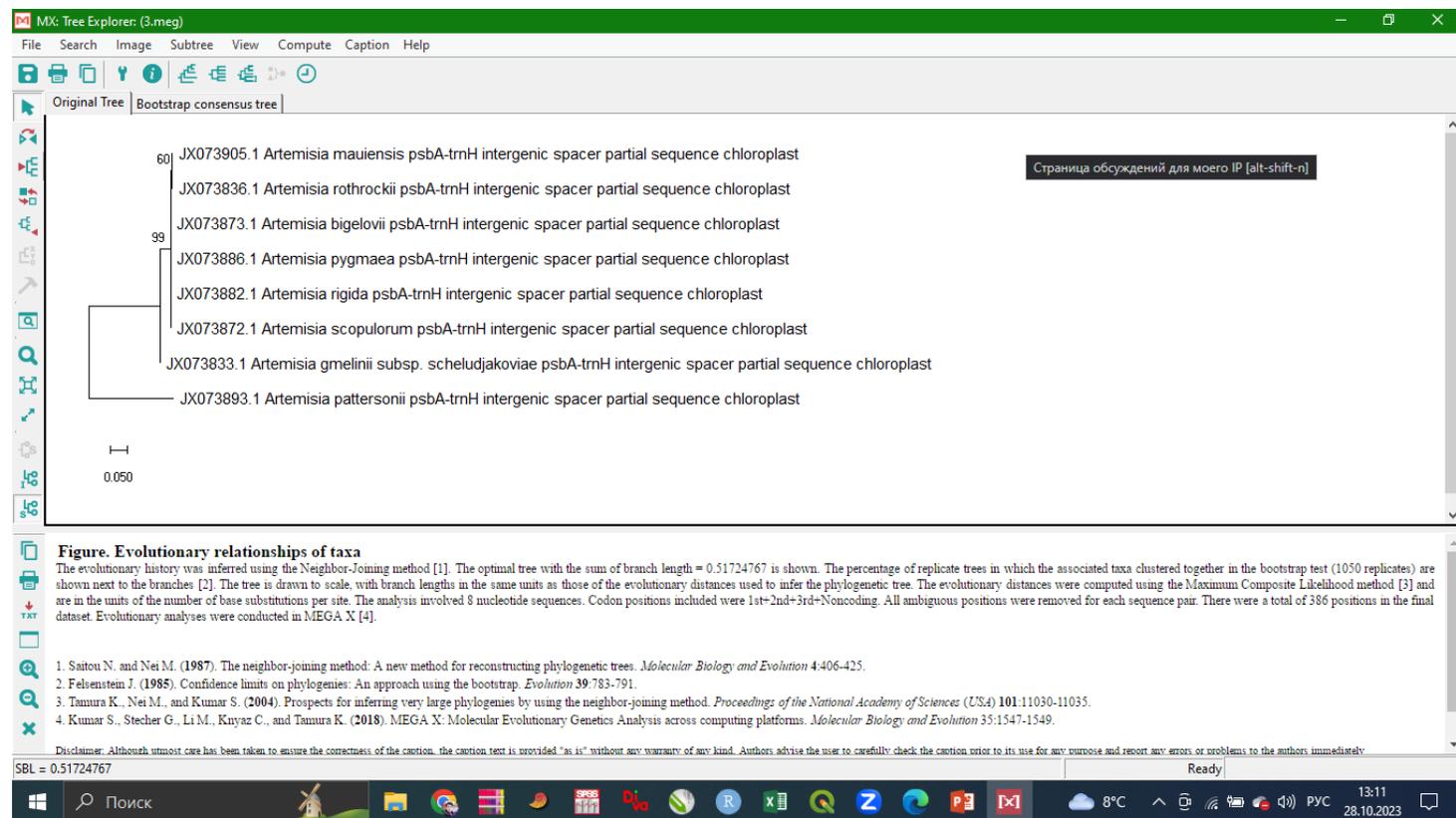
Input multiple taxid load example

Separate Taxids by comas, spaces, new lines or anything non-numerical, or use the searchbox above to add Taxids.

View Get subtree Clear



Метод присоединения соседей (в лингвистике «метод ближайших соседей») — алгоритм биоинформатики и лингвистики, разработанный Наруя Сайтоу и Масатоси Нэи в 1987 году. Это восходящий кластерный метод для создания филогенетических деревьев. Обычно используется для деревьев, основанных на ДНК или белковых последовательностях, в лингвистике — на данных лексикостатистики, реже фоно- или морфостатистики. Для его реализации необходимо вычислить расстояния между каждой парой таксонов (например, видов или последовательностей).



ССЫЛКИ:

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

<https://lifemap-ncbi.univ-lyon1.fr/>

<https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%9F%D0%BE%D0%BB%D1%8B%D0%BD%D1%8C>

<https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%9E%D0%B4%D1%83%D0%B2%D0%B0%D0%BD%D1%87%D0%B8%D0%BA>

<https://xn--80abvyzg.xn--p1ai/%D0%B1%D0%B8%D0%BE%D0%B8%D0%BD%D1%84%D0%BE%D1%80%D0%BC%D0%B0%D1%82%D0%B8%D0%BA%D0%B0/#11>