



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

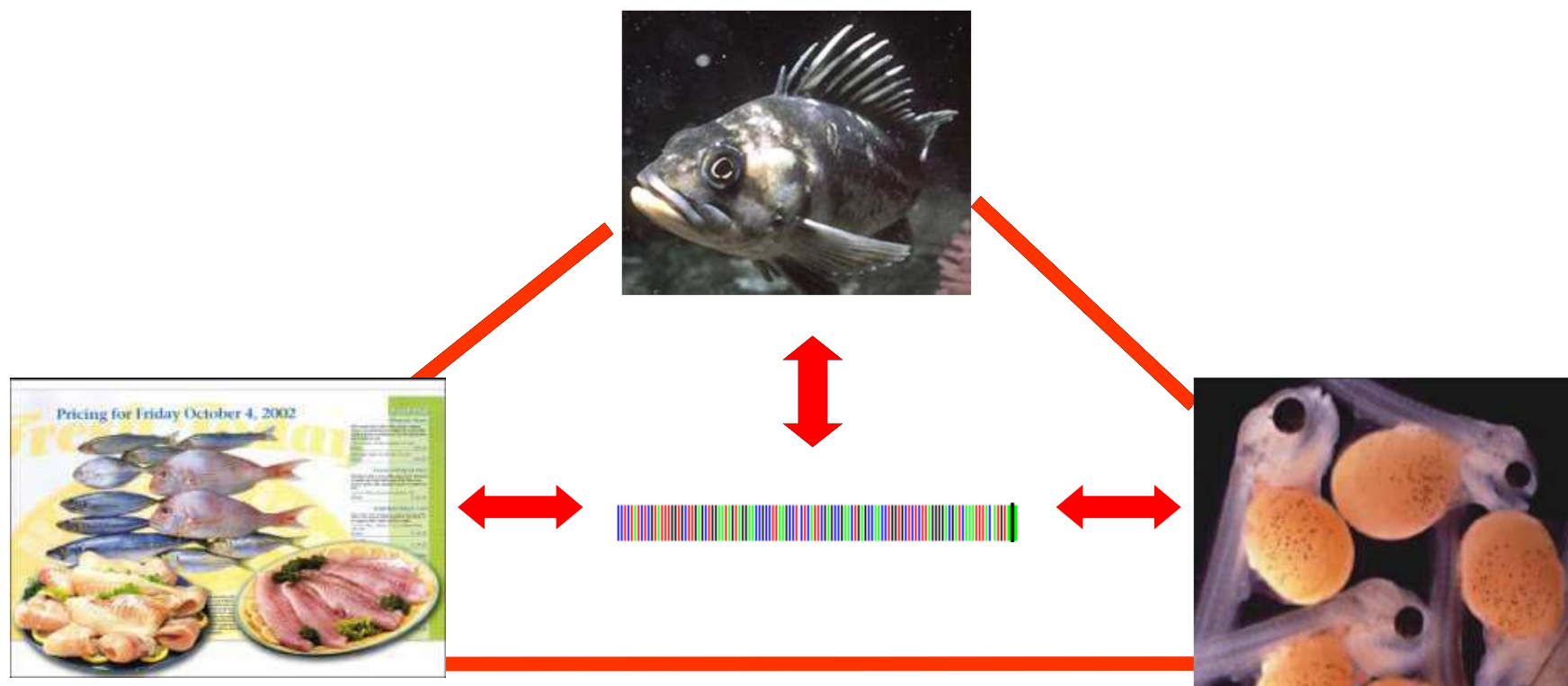
Dva pohledy genomiky

- Vertikální: kompletné genomy, hluboké, ale omezené informace
 - několik druhů a jedinců
 - úspěšně ukončeno u člověka, Drosophily a některých plodin
- Horizontální: krátké cílené sekvence, plytké, ale široké informace
 - mnoho druhů a jedinců
 - např. DNA barcoding

Historické výzvy

- Problémy s konceptem druhu a jeho aplikacemi
- Problémy s druhovou identifikací
- Systém znaků – morfologie, genetika, atd.
- Přístup k existujícím informacím
- Snižování odbornosti
- Snižování dostupných služeb
- Genomika a Internet nabízí nové možnosti

Asociace vývojových stádií, zpracovaných částí a dimorfických pohlaví

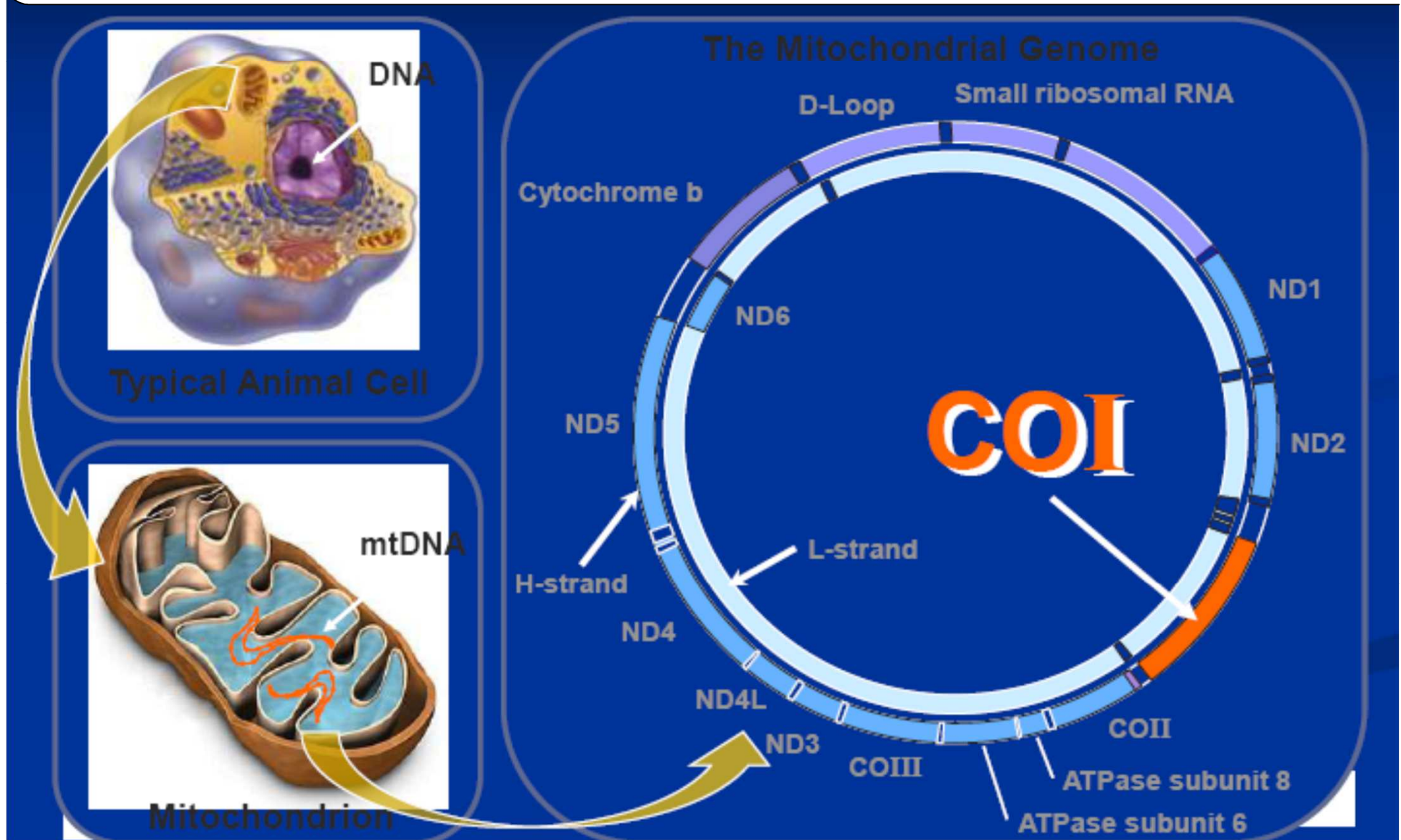


System čárového kódu

- **DNA barcode je krátká genová sekvence standardizované části genomu použitá k druhové identifikaci**



Interné ID pro všechny organizmy na Zemi



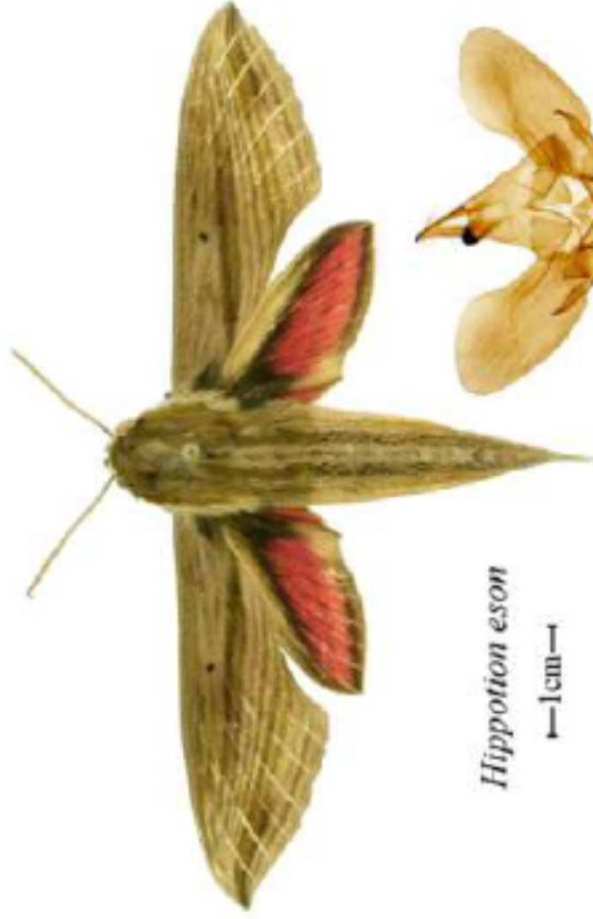
Příklad: Afričtí motýli

Tvoří species komplexy

Jejich parazitoidi (Tachinidae) také
(Dittrich et al 2006)

Leguminivora ptychora na luštěninách je
také species komplex

Ale někteří škůdci jsou široko rozšíření,
např. *Spoladea recurvalis* a *Maruca vitrata*



Hippotion eson

—1cm—



USNM slide 125245



USNM slide 125247

Rychlé a efektivní

- Čeleď Sphingidae – vzorky 49 druhů za 6 měsíců (téměř kompletní lokální fauna)
- DNA barcoding rozlišil druhy jak v lokálním, tak v globálním měřítku
- Místní knihovny můžou být rychle srovnány a přispět ke globálním knihovnám

Jak Barcoding funguje

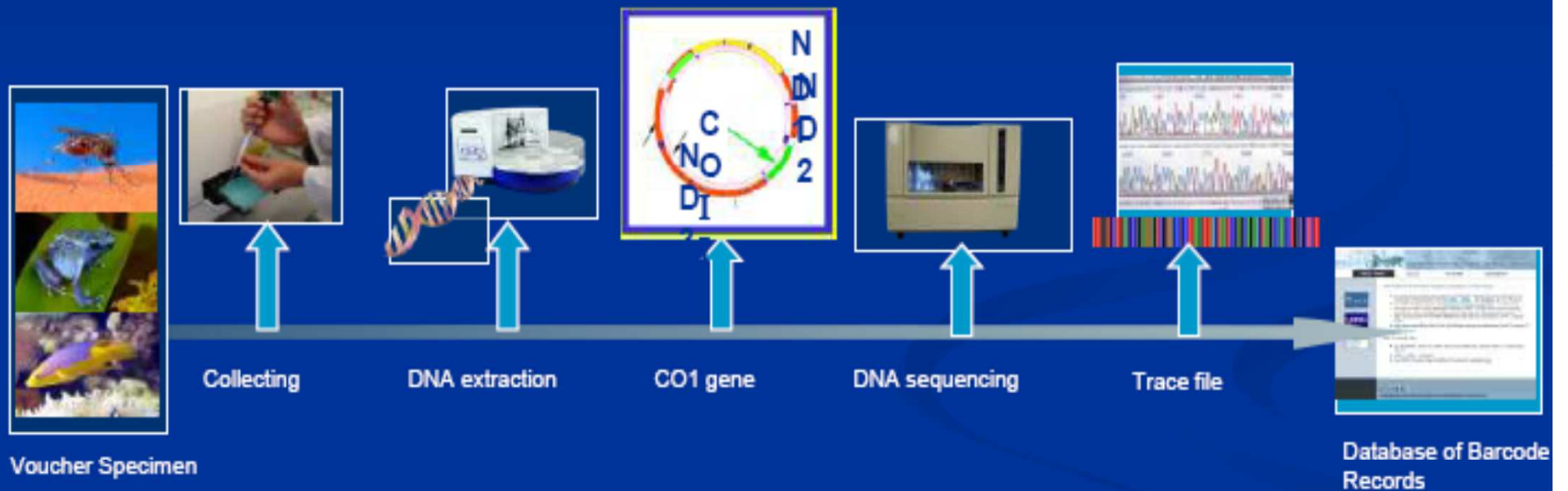
Tvorba referenční knihovny:

- Správně určený jedinec (vouchers)
- Vzorek tkáně
- DNA extrakce, PCR amplifikace
- DNA sekvenování
- Odeslání dat do GenBanku

Použití referenční knihovny :

- Neurčené druhy
- Tkáň, DNA, sekvenování
- Srovnání s referenčními sekvencemi

Jak se to vše děje od jedince přes sekvenci po druh?



Produkce dat v r. 2007



ABI 3100 sekvenátor

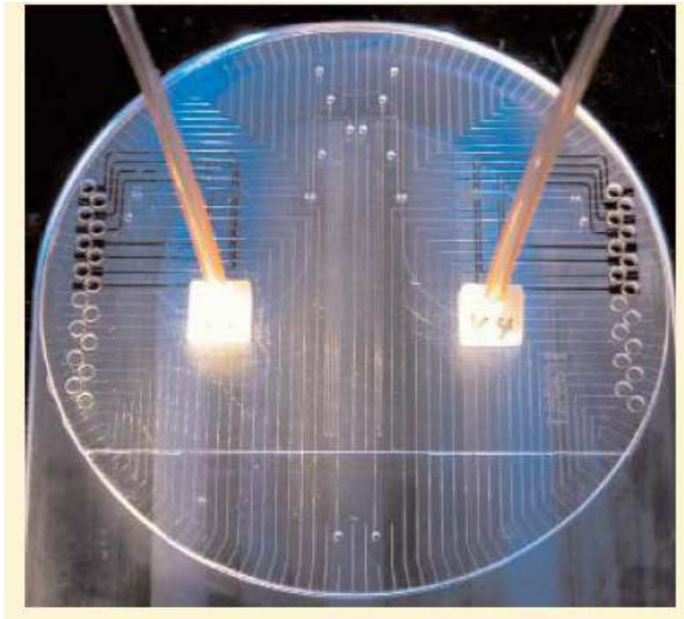
Stovky vzorků denně, cena
od několika centů po dolary

PCR amplifikační
jednotka



Produkce dat v r. 2008

Rychlejší a přenosnější systém – stovky vzorků za hodinu



Integrované DNA mikročipy



Stolní mikrofluidné systémy

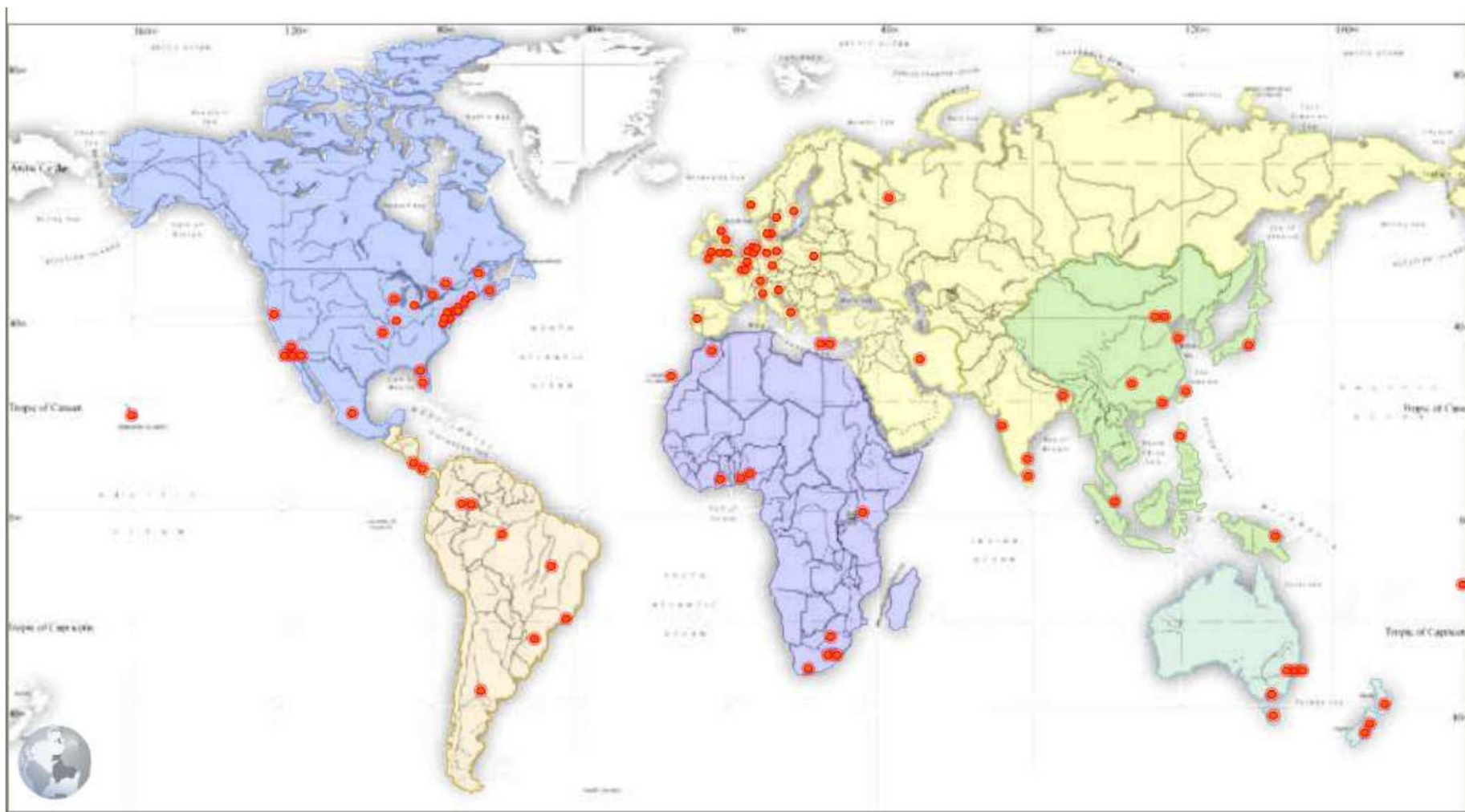
Produkce dat v budoucnosti?



- Získání dat kdekoli, hned
- Cena několik haléřů
- Link do referenční databáze
- Taxonomická GPS
- Použitelné nespecialisty

CBOL – organizace členů od r. 2008

Více než 170 organizací z více než 50 zemí (z toho 54 organizací z 20 rozvojových zemí)



Mise CBO Lu: uvést DNA Barcoding jako globální standard

1. Vyvinout a zvednout standardy komunity
2. Barcode projekty plnit databáze
3. Globální participace a koordinace
4. Přijetí taxonomickou komunitou
5. Koordinace s jinými oblastmi vědy
6. Přijetí regulačními agenturami
7. Vyvíjení produktů soukromými společnostmi

Propojení GenBanku s vouchery

Registry of Biological Repositories

Institutional Acronyms and Collections Codes





[Home](#) [Institutional Repositories](#) [Non-Institutional Repositories](#) [FAQ](#) [Contact Us](#)

Institution

Search by

or Institution Name Acronym or Location

Please find your institution and edit the associated data. The institution will be contacted and the new data will be confirmed before it is posted.

Click on the column header to sort institutions by Acronym, Name or Country

A B C D E F G H I J K L M N O P Q R S T U V W X Y Z 1 2 3 Next > Last >

Acronym	Institution Name	Address	City	Country	Status	Action
A	Arnold Arboretum, Harvard University	22 Divinity Avenue, Cambridge, Massachusetts, 02138		U.S.A.	Unconfirmed	Edit
AA	Ministry of Science, Academy of Sciences	44 Temirajzev Street, Alma-Ata 480070		Kazakhstan	Unconfirmed	Edit
AAAG	Alan and Anita Gillogly				Unconfirmed	Edit
AAH	Arnold Arboretum, Harvard University	The Arborway, Jamaica Plain, Massachusetts, 02130		U.S.A.	Unconfirmed	Edit
AAPL	Plant Industry Laboratory	Alberta, Edmonton, Alberta Agriculture		Canada	Unconfirmed	Edit

On This Page

- [Instructions for Users](#)
- [Searching datafields](#)
- [Sorting columns](#)
- [Alphabet index](#)
- [Status column](#)

Progress

- 6,836 Total Institutional Records
- 3 Confirmed Institutional Records
- 0 Confirmed Non-Institutional Records
- 2 Confirmed Collections

Sponsors



BOLD Specimen Webpage

BOLD SYSTEMS Management & Analysis		BOLD SYSTEMS	
			
Hesperianidae of the AGC 1 (JGCR)			
Specimens Identifiers Sample ID: CO-00000-10276 Barcode: 10276 Date Collected: 12-10-2010 Collector(s): JGCR		Accession ID: 10276 Collection Code: 10276 Deposited In: Smithsonian Institution	
Taxonomy Identifier: 10 Kingdom: Metazoa Class: Insecta Order: Lepidoptera Family: Hesperianidae Subfamily: Pyraustinae Genus: <i>Pyrausta</i> Species: <i>Pyrausta laticlavia</i>			
Specimen Details Voucher Type: 1 Issue Type: 1 Initial ID: 10276 Sex: M Reproduction: 1 Life Stage: 1			
Collection Data Collector(s): JGCR Date Collected: 12-10-2010 Country: Costa Rica State/Province: Guanacaste Region/Country: Guanacaste 276 Sector: Coto Brus Exact Site: Coto Brus Latitude: 11.1791 Longitude: -84.4732 Coord. Source: 10276 Elevation/Depth: 200			
Photographs <div>  Dorsal View </div> <div>  Ventral View </div>			

The screenshot displays the BOLD Systems web application. At the top, a navigation bar includes 'BOLDSYSTEMS', 'Management & Analysis', and 'Hesperian of the AGG 1 (CSO9)'. Below this is a map of the Americas with a red pin indicating a location. To the right of the map, a sidebar contains the text 'Hesperian of the AGG 1 (CSO9)' and a table of specimen data:

Specimen Identifiers	
Sample ID :	02-506-04-1-0275
Include / Field Name:	02-506-04-1-0276
Described By :	Collection Code :
	Voucher # at :

Below the table, there is a section for 'Photographs' with a 'Dorsal View' image of a dark butterfly specimen. A yellow arrow points to the map, and another yellow arrow points to the photograph.

BOLD Sequence Webpage



Ceratopogonidae – 105 barcoding sekvencí

BOLDSYSTEMS v2.5 | Taxonomy Browser

Home | Taxonomy Browser | Request an Account | Identify Specimen | FAQs | Documentation

Ceratopogonidae

Sub-taxa

- Ceratopogonidae
- Dasyheleidae
- Forcipomyiidae
- Leptoconopidae

General

- Bezzia
- Bezzia

BOLD Systems - Sequence Download - Mozilla Firefox

www.boldsystems.org/views/sequencedownload.php?&

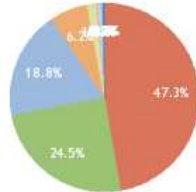
BOLDSYSTEMS v2.5 | Management & Analysis

Sequence Download [Published Sequences]

Count: 335



Fasta File: [Download File](#)

Sample Sources



Sample Source	Count
Elizabeth Macarthur Agricultural Institute, New South Wales	1273
Wagga Wagga Agricultural Institute	978
Biodiversity Institute of Ontario	323
Mined from GenBank, NCBI	95
York University	15
Stroud Water Research Center	9
Canadian National Collection of Insects, Arachnids and Nematodes	8
Mahidol University, Department of Medical Entomology	15
Australian Quarantine and Inspection Service, Northern Australia	8
Research Collection of Graeme V. Cocks	15
8 Others	15

images representing subtaxa of Ceratopogonidae



Globální projekty CBOL

- Fish Barcode of Life (FISH-BOL) - 30 000 mořských/sladkovodných druhů do r. 2010
- All Birds Barcoding Initiative (ABBI) - 10 000 druhů do r. 2010
- Tephritidae – 2 000 škůdců/prospěšných druhů do r. 2008
- Komáry - 3 300 druhů do r. 2008
- Ohrožené druhy
- Trees of the world

Staré a nové techniky

- CBOL staví na současných taxonomických poznatcích
- Sequence knihovny založeny na voucher jedincích, co dělá vědu opakovatelnou a testovatelnou
- Voucher jedince propojují historické, současné a budoucí výzkumy

Příklad: CSIRO studie na bzučivkách mapující rezistence na insekticidy a zjišťování historie pomocí DNA z muzejních jedinců (PNAS 103: 8757)

DNA Taxonomie – pomoc při řešení problému nebo vnášení chaosu?

První záznamy COI do GenBanku – 1996, od té doby ca. 1000 sekvencí dvoukřídlých

V současnosti – ca. 153 000 popsanych druhů dipter – méně než 1% je zařazeno do „Barcoding procesu“

COI nevhodný pro odlišení blízkých druhů

Stanovení hranic druhu – podobnost sekvencí (pairwise distances) - PROBLÉM

Fylogenetická rekonstrukce příbuzenských vztahů – možné řešení – multigenový přístup

Světové sbírky hmyzu – nemožnost použít materiál pro analýzy - PROBLÉM

Taxonomie založená výlučně/převážně na DNA analýze – zkreslený pohled

Potřeba propojit s ostatními přístupy – INTEGRATIVNÍ TAXONOMIE

GenBank

- <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>
- Několik databází – Nucleotide, Protein, PubMed, CoreNucleotide, Structure, Genome, etc.
- Věrohodnost sekvencí vyšší než v databázích CBO Lu
- Součástí je BLAST - „multialign tool“

Po zadání hesla – Insect...

NCBI

Entrez, The Life Sciences Search Engine

HOME SEARCH SITE MAP PubMed All Databases Human Genome GenBank Map Viewer BLAST

Search across databases [Help](#)

- Result counts displayed in gray indicate one or more terms not found

210933 PubMed: biomedical literature citations and abstracts	737 Books: online books
52759 PubMed Central: free, full text journal articles	204 OMIM: online Mendelian Inheritance in Man
1 Site Search: NCBI web and FTP sites	

236769 Nucleotide: Core subset of nucleotide sequence records	5 dbGaP: genotype and phenotype
564429 EST: Expressed Sequence Tag records	2130 UniGene: gene-oriented clusters of transcript sequences
1 GSS: Genome Survey Sequence records	107 CDD: conserved protein domain database
85726 Protein: sequence database	3 UniSTS: markers and mapping data
172 Genome: whole genome sequences	530 PopSet: population study data sets
919 Structure: three-dimensional macromolecular structures	60427 GEO Profiles: expression and molecular abundance profiles
none Taxonomy: organisms in GenBank	1194 GEO DataSets: experimental sets of GEO data
1 SNP: single nucleotide polymorphism	none Epigenomics: Epigenetic maps and data sets

Musca domestica cytochrome oxidase subunit II (COII) gene, partial cds; mitochondrial

GenBank: DQ133110.1

[FASTA](#) [Graphics](#) [PopSet](#)

[Go to:](#) ☒

LOCUS DQ133110 663 bp DNA linear INV 13-DEC-2005
DEFINITION Musca domestica cytochrome oxidase subunit II (COII) gene, partial cds; mitochondrial.

ACCESSION DQ133110

VERSION DQ133110.1 GI:72398995

KEYWORDS .

SOURCE mitochondrion Musca domestica (house fly)

ORGANISM [Musca domestica](#)

[Eukaryota](#); [Metazoa](#); [Arthropoda](#); [Hexapoda](#); [Insecta](#); [Pterygota](#);

[Neoptera](#); [Endopterygota](#); [Diptera](#); [Brachycera](#); [Muscomorpha](#);

[Muscoidea](#); [Muscidae](#); [Musca](#).

REFERENCE 1 (bases 1 to 663)

AUTHORS Dittmar,K., Porter,M.L., Murray,S. and Whiting,M.F.

TITLE Molecular phylogenetic analysis of nycteribiid and streblid bat flies (Diptera: Brachycera, Calyptratae): implications for host associations and phylogeographic origins

JOURNAL Mol. Phylogenet. Evol. 38 (1), 155-170 (2006)

PUBMED [16087354](#)

REFERENCE 2 (bases 1 to 663)

AUTHORS Dittmar,K., Porter,M.L., Murray,S. and Whiting,M.F.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (18-JUL-2005) Integrative Biology, Brigham Young

University, 401 WIDB, Provo, UT 84602, USA

FEATURES Location/Qualifiers

source 1..663

/organism="Musca domestica"

/organelle="mitochondrion"

/mol_type="genomic DNA"

/specimen_voucher="Di180"

/db_xref="taxon:[7370](#)"

<1..>663

/gene="COII"

<1..>663

/gene="COII"

/codon_start=1

/transl_table=[5](#)

/product="cytochrome oxidase subunit II"

/protein_id="[AA272903.1](#)"

/db_xref="GI:72398996"

/translation="MSTWANLGLQSSPLMEQLIEFFHDMILVMITVLVGYLMFT
LFFKNYRLLHGQTEIITWILPAILLFIAPSLRLYLLDEINERSVTLKAIGH
QWYSYEYSDFNVEFDSYMIPTNELPVDGFRLLVDNRRVVLPMNSQIRILVTAADVI
HSWTVPALGVKVDGTPGRLNQTNFLINRPLFYGCSEICGANHSFMPVIESIPVNY
FIK"

ORIGIN

1 atgtcaacat gagcaaatatt aggtttacaa gatagttctt ctccattaat agaacaaatta
61 atttttttc atgacatgc attaataatt ttagtaataa ttacagtatatt agtcggatat
121 ttaattgttta catatttttt taataaatat gttaatcgtt attattaca tggacaaaca
181 attgaatta ttgaactat ttacactgca attattttt tatcatgc ttcccttct
241 ttacgattat tatacttatt agatgaatt aatgaacct cagtaacttt aaaggctatt
301 ggtcatcaat gatattgaag ttatgaatat tcagatttta ataattgtga atttgattct

Customize view

Analyze this sequence

Run BLAST

Pick Primers

Find in this Sequence

Related information

Related Sequences

PopSet

Protein

PubMed

Taxonomy

Recent activity

Turn Off

Clear

Musca domestica cytochrome oxidase subunit II (COII) gene, partial cds; mitochondrion

Musca domestica-mitochondrial (488)

Musca domestica (1272)

insect (236769)

Nucleotide Sequence (1495 letters)

BLAST

See more...

NCBI

Resources

How To

My NCBI

Sign In

Nucleotide

Nucleotide

Search

Help

Send: ☒

Change region shown

Customize view

Analyze this sequence

Run BLAST

Pick Primers

Find in this Sequence

Related information

Related Sequences

PopSet

Protein

PubMed

Taxonomy

Recent activity

Turn Off

Clear

Musca domestica cytochrome oxidase subunit II (COII) gene, partial cds; mitochondrion... Nucleotide

Musca domestica mitochondrial (188)

Musca domestica (1272)

Display Settings: ☒ FASTA

GenBank

Graphics

PopSet


Musca domestica cytochrome oxidase subunit II (COII) gene, partial cds; mitochondrial

GenBank: DQ133110.1

>gi|72398995|gb|DQ133110.1| Musca domestica cytochrome oxidase subunit II (COII) gene, partial cds; mitochondrial
ATGTCACATGAGCAAAATTTAGGTTTACAAGATAGTTCTCTCCATTAAATAGAACAAATTAATTTTTC
ATGATCATGCATTAATAATTTTAGTAATAATTACAGTATTAGTCGGATAATTTAAATGTTTACATTATTTT
TAATAAATATGTTAATCGTTTATTTATTACATGGACAAACAAATGAAATTAATTGAACTAATTTTACCTGCA
ATTATTTTATTATCAATGCTTCCCTTCTTTACGATTATTAATTAATGAAATTAATGAACCAT
CAGTAACCTTTAAAGGCTAATGGTCAATCAATGATTAATGAAGTTATGAATATTCAGATTTCAGATTTAATAATGTTGA
ATTGATCTTATATAATTCCTACAAATGAATACCAGTAGACGGATTCGTTTATAGATGATGAATAT
CGAGTAGTTTACCATAAATTTCAAAATTCGAATTTAGTAATCTGCTGCTGATGTAATTCATTCAIGAA
CTGTTCCTGCTTTAGGTGTAAGGTGATGGTACTCTGTGCTGCTAAATCAAACATAATTTCTTAATTAA
TCGACCAGGTTTATCTATGACACAATGTTCAAGAAATTTGTGGAGCTAATCATAGTTTATACCAATTTGA
ATTGAAAGTATTCCTGTAAATTAATTTTATTAG

BLAST

<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

 **BLAST®** Basic Local Alignment Search Tool

[Home](#) [Recent Results](#) [Saved Strategies](#) [Help](#)

[My NCBI](#) [\[Sign In\]](#) [\[Register\]](#)

► **NCBI/ BLAST Home**

BLAST finds regions of similarity between biological sequences. [more...](#)

New Aligning Multiple Protein Sequences? Try the [COBALT Multiple Alignment Tool](#). [Go](#)

BLAST Assembled RefSeq Genomes

Choose a species genome to search, or [list all genomic BLAST databases](#).

<input type="checkbox"/> Human	<input type="checkbox"/> Oryza sativa	<input type="checkbox"/> Gallus gallus
<input type="checkbox"/> Mouse	<input type="checkbox"/> Bos taurus	<input type="checkbox"/> Pan troglodytes
<input type="checkbox"/> Rat	<input type="checkbox"/> Danio rerio	<input type="checkbox"/> Microbes
<input type="checkbox"/> Arabidopsis thaliana	<input type="checkbox"/> Drosophila melanogaster	<input type="checkbox"/> Apis mellifera

Basic BLAST

Choose a BLAST program to run.

nucleotide blast	Search a nucleotide database using a nucleotide query <i>Algorithms: blastn, megablast, discontinuous megablast</i>
protein blast	Search protein database using a protein query <i>Algorithms: blastp, psi-blast, phi-blast</i>
blastx	Search protein database using a translated nucleotide query
tblastn	Search translated nucleotide database using a protein query
tblastx	Search translated nucleotide database using a translated nucleotide query

Your Recent Results **New!**

[Nucleotide Sequence \(1495 let...](#)

News

[SOAP BLAST](#)

A SOAP based BLAST service is available.
Mon, 18 Jul 2011 08:00:00 EST

[More BLAST news...](#)

Tip of the Day

[Use Genomic BLAST to see the genomic context](#)

If you are interested in the evolution of a particular gene or gene family it is often interesting to examine the intro-exon structure even across species.

[More tips...](#)

Other reports: ► [Search Summary](#) [Taxonomy reports](#) [\[Distance tree of results\]](#)

▼ [Graphic Summary](#)

Distribution of 100 Blast Hits on the Query Sequence (3)



▼ [Descriptions](#)

Legend for links to other resources: [U](#) UniGene [E](#) GEO [G](#) Gene [S](#) Structure [M](#) Map Viewer [P](#) PubChem BioAssay

Sequences producing significant alignments:

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident	Links
GO455784.1	Musca domestica cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial c	2761	2761	100%	0.0	100%	
AB479529.1	Musca domestica mitochondrial COI gene for cytochrome oxidase sub	2750	2750	100%	0.0	99%	
AB479528.1	Musca domestica mitochondrial COI gene for cytochrome oxidase sub	2750	2750	100%	0.0	99%	
AY526196.1	Musca domestica tRNA-Tyr gene, partial sequence; and cytochrome	2750	2750	100%	0.0	99%	
EU154477.1	Musca domestica mitochondrion, partial genome	2739	2739	100%	0.0	99%	
EU627696.1	Musca conductens cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial c	2244	2244	99%	0.0	93%	
EU627694.1	Musca asiatica cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds;	2222	2222	99%	0.0	93%	
EU627693.1	Musca sorbens cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds;	2222	2222	99%	0.0	93%	
EU627700.1	Musca larvipara cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds	2206	2206	99%	0.0	93%	
EU627698.1	Musca confiscata cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial c	2178	2178	99%	0.0	92%	
AB479530.1	Musca crassirostris mitochondrial COI gene for cytochrome oxidase s	2167	2167	99%	0.0	92%	
AB479531.1	Musca crassirostris mitochondrial COI gene for cytochrome oxidase s	2161	2161	99%	0.0	92%	
EU627701.1	Musca convexifrons cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial	2156	2156	99%	0.0	92%	
EU627702.1	Musca formosana cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial c	2089	2089	99%	0.0	91%	
AB479533.1	Musca bezzii mitochondrial COI gene for cytochrome oxidase subunit	2061	2061	99%	0.0	91%	
EU627695.1	Musca crassirostris cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial	2056	2056	99%	0.0	91%	
AB479532.1	Musca bezzii mitochondrial COI gene for cytochrome oxidase subunit	2056	2056	99%	0.0	91%	
EU815009.1	Musca domestica isolate JIA-A-1 cytochrome oxidase subunit I (COI)	2049	2049	74%	0.0	100%	
EU627699.1	Musca inferior cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds;	2045	2045	99%	0.0	91%	
EU814999.1	Musca domestica isolate jia21 cytochrome oxidase subunit I (COI) ge	2045	2045	74%	0.0	100%	
EU814993.1	Musca domestica isolate jia14 cytochrome oxidase subunit I (COI) ge	2043	2043	73%	0.0	100%	
FJ814992.1	Musca domestica isolate jia13 cytochrome oxidase subunit I (COI) nd	2039	2039	73%	0.0	100%	

FLY TREE

2004-2008, 30 mil. USD, 649 taxonů, desítky tisíc bp



FLYTREE

Assembling the Diptera Tree of Life

FLYTREE

[Introduction](#)
[About this Grant](#)
[About & Contact Us](#)
[Opportunities](#)

Features

[About Flies](#)
[Pictures](#)
[Fly Morphology](#)
[Fly Nomenclature](#)
[Species Highlights](#)
[Phylogeny](#)
[Publications & Products](#)

News

[Press Releases](#)
[Talking About Flies](#)

Buzz About Flies

[Additional Buzz](#)

[Diptera.org](#)

Latest FLYTREE News:

[view all recent posts](#)

October 5, 2011

[Finding The Fly Tree of Life - The Poster!](#)

March 14, 2011

[Map of the Fly Tree of Life Published!](#)

December 8, 2010

[Rediscovering World's Rarest Fly](#)

With over 158,000 described species, flies (the insect order Diptera), are among the most diverse groups of living organisms on the planet.

This diversity transcends simple species numbers and is demonstrated in the great breadth of morphological, ecological, and behavioral variation found in the group.

Flies have a deep evolutionary history that extends back to the Permian Period, over 250 million years ago.





Builders of the Dipteran Tree...

FLYTREE

[Introduction](#)
[About this Grant](#)
[About & Contact Us](#)
[Opportunities](#)

Features

[About Flies](#)
[Pictures](#)
[Fly Morphology](#)
[Fly Nomenclature](#)
[Species Highlights](#)
[Phylogeny](#)
[Publications & Products](#)

News

[Press Releases](#)
[Talking About Flies](#)

Buzz About Flies

[Additional Buzz](#)
[Diptera.org](#)
[EDIT Diptera](#)
Team of 1 fly.

[//www.cals.ncsu.edu/entomology/wiegmanny/](http://www.cals.ncsu.edu/entomology/wiegmanny/)



FLYTREE

Builders of the Dipteran Tree...



FLYTREE

[Introduction](#)
[About this Grant](#)
[About & Contact Us](#)
[Opportunities](#)

Features

[About Flies](#)
[Pictures](#)
[Fly Morphology](#)
[Fly Nomenclature](#)
[Species Highlights](#)
[Phylogeny](#)
[Publications & Products](#)

News

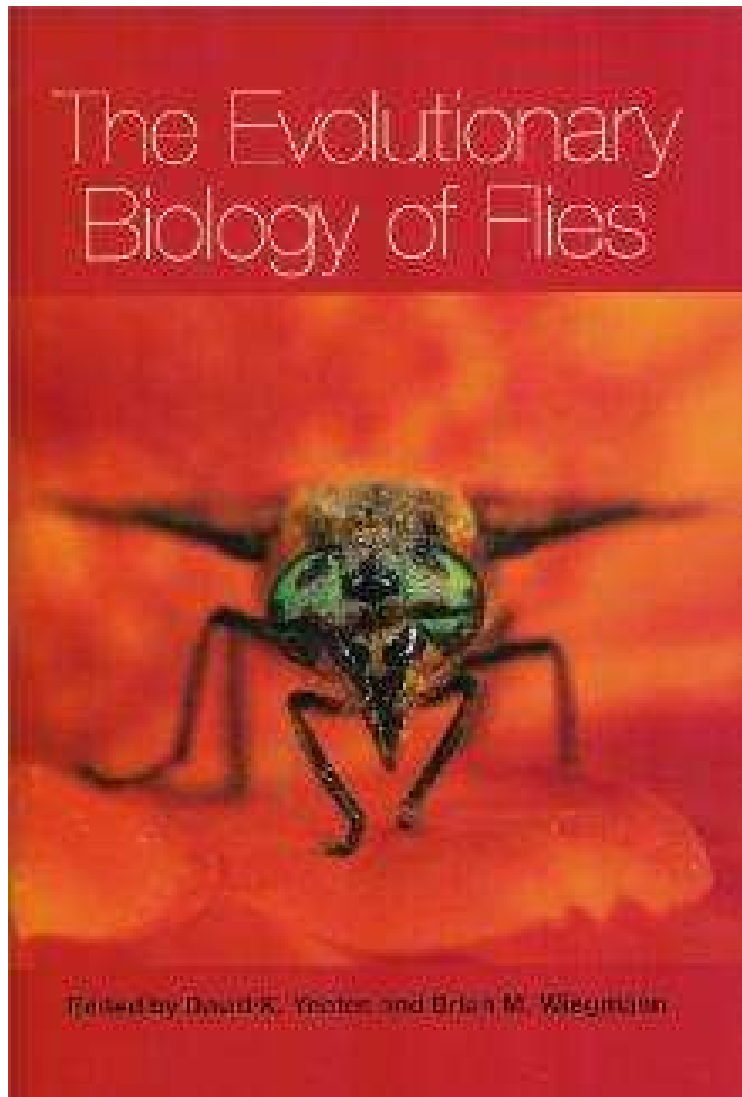
[Press Releases](#)
[Talking About Flies](#)

Buzz About Flies

[Additional Buzz](#)
[Diptera.org](#)
entomofans



OUTPUTS



MEGA v. 6 – úprava sekvencí (alignment)



Fylogenetické analýzy

Fylogenetický strom – hypotéza, která vznikla co nejlepším odhadem na základě omezeného zdroje informací

Metody FA – dva přístupy

1. Algoritmus – jde přímo k výsledku, co je jediný strom (odpadá srovnání vzájemně si konkurujících stromů) – metody shlukové analýzy (UPGMA), Neighbour-joining (NJ) – obě využívají data vzdáleností (distance)
2. Kritérium optimálnosti – **dva kroky** – definování kritéria, podle kterého je hodnocen každý strom určitým skóre, které se použije k následnému srovnání všech stromů
 - použití specifického algoritmu pro výpočet funkce (kritérium optimálnosti) a pro získání stromu s nejlepší hodnotou této funkce

Jaká by měla vybraná metoda být?

Výkonnost – „tempus fugit“ nebo „time is money“

pomoc – heuristické metody hledání v případě vyššího počtu taxonů či znaků

Síla – kolik dat musíme shromáždit, aby byly výsledky správné

Konzistence – s přidáváním dalších znaků spějeme k správnému výsledku

Robustnost – do jaké míry vedou drobné odchýlky od vstupných předpokladů k nesprávným závěrům

Falzifikovatelnost – určení nevhodnosti modelu na základě odchýlky od předpokladu

IDEÁLNÍ METODA NEEXISTUJE...

Metoda maximální parsimonie – úspornosti (MP)

Jedna z nejpoužívanějších metod - rychlá, jednoduchá
preferuje jednodušší hypotézy před složitějšími (široká filozofická
platnost), tzn. vybere možnost (strom) s minimálním počtem
evolučních kroků nutných k vysvětlení vstupních dat
Ne všechny znaky jsou použitelné, parsimony - informative

+

Dobrá pochopitelnost, jednoduchost, rychlost, nízký počet
předpokladů (předpokládá, že jakákoli evoluční změna je
vzácná, takže MP strom se dá považovat za nejlepší odhad
skutečné evoluce)

-

Nekonzistentnost, přitažlivost dlouhých větví (LBA)

Metoda maximální pravděpodobnosti (Maximum likelihood, ML)

- posuzují se jednotlivé hypotézy o evoluční historii zkoumaných taxonů z hlediska pravděpodobnosti, že jsou v souladu se získanými daty, výsledek – maximálně pravděpodobný odhad

Tři součásti - vstupné data

evoluční model

fylogenetický strom s topologií i délkou větví

+

Nízka náchylnost k chybě, robustnost vůči odchýlkám

-

Vysoká výpočetní náročnost

Bayesian inference

Výpočet pravděpodobnosti na základě specifikovaného modelu a na základě toho, co jsme o charakteru dat zjistili

Základ – strom s danou topologií a délkami větví, model nukleotidových substitucí a rozložení substitučních frekvencí mezi jednotlivými nukleotidy

Princip přístupu jako u ML

VÝHODY – menší časová náročnost, strom zohledňující fylogenetický signál v datasetu, možnost použít i pro smíšený dataset

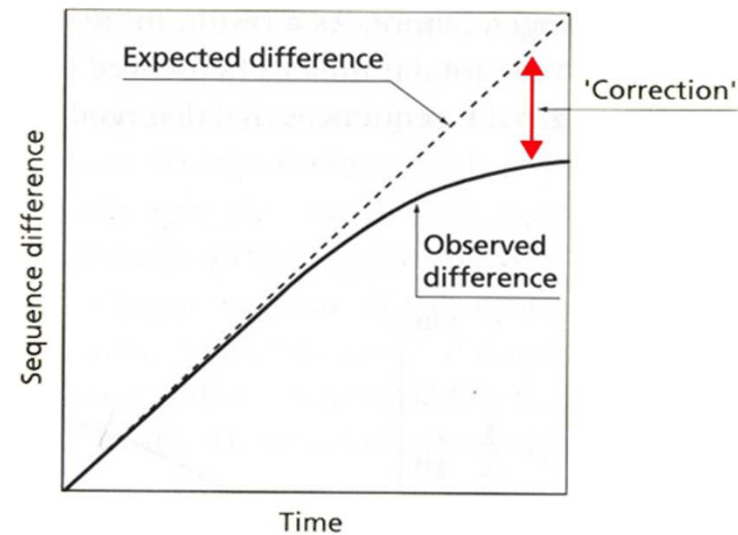
Distanční metody

Založené na podobnostech (vzdálenostech, rozdílech)

Poznání skutečné evoluční vzdálenosti mezi všemi členy studovaného souboru taxonů umožňuje velmi lehkou rekonstrukci evoluční historie těchto taxonů

Opakované změny
jednoho znaku –
korigované distance (jako
u pravděpodobnosti)

Nekorigovaná vzdálenost
– p-distance
Korekce: JC, F81, K2P,
F84, GTR



Předpříprava😊

- Úprava sekvencí (Sequencher)
- Vytvoření alignmentu (MEGA) - .fas, .nex
- Analýza MP (Paup)
- Analýza NJ (Paup, MEGA)
- Vytvoření souboru pro MrModeltest (PAUP)
- MrModeltest
- Příprava souboru pro MrBayes
- Ukázka práce s SequenceMatrix pro velké datasety