

第15章 系统发育分析



生命健康信息学院
解增言

第15章 系统发育分析

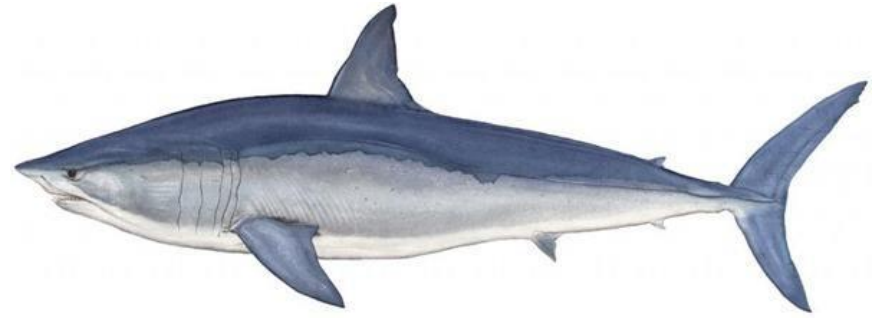
- 系统发育与分子进化
- 系统发育树构建方法及工具
- 系统发育树构建流程
- 系统发育树实例

系统发育与分子进化

- **系统发育**：利用形态、生理生化或分子等数据推断物种之间进化关系
- **分子系统发育**：利用分子数据（主要是蛋白质和核酸序列）推断物种之间进化关系
- **分子进化**：研究分子在一个物种基因组内或不同物种基因组间的序列及功能演化

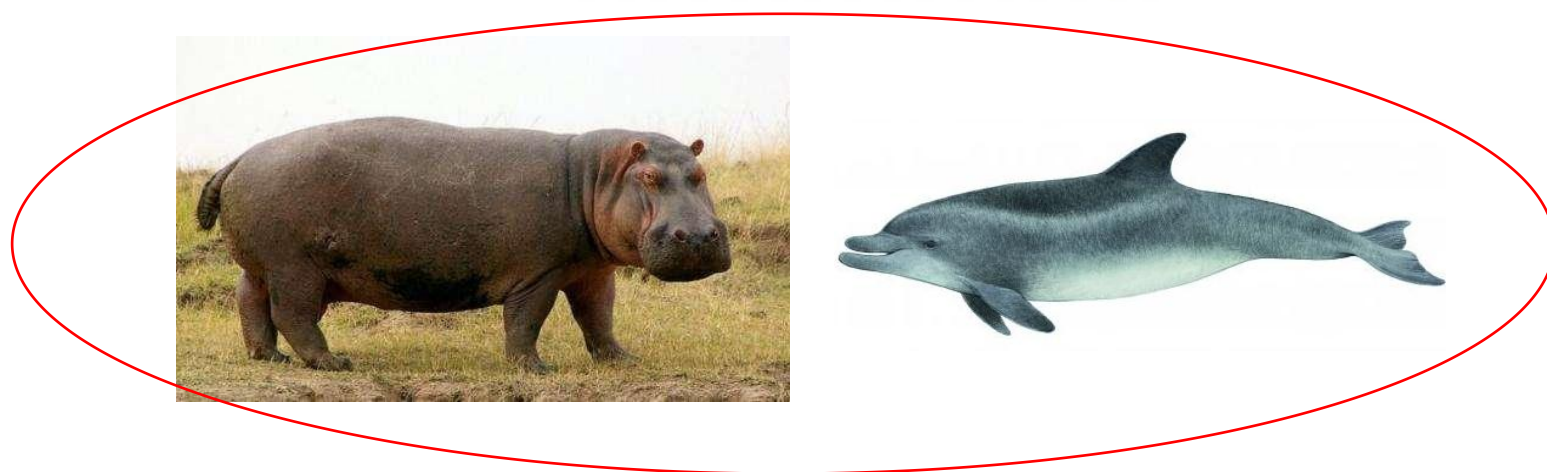
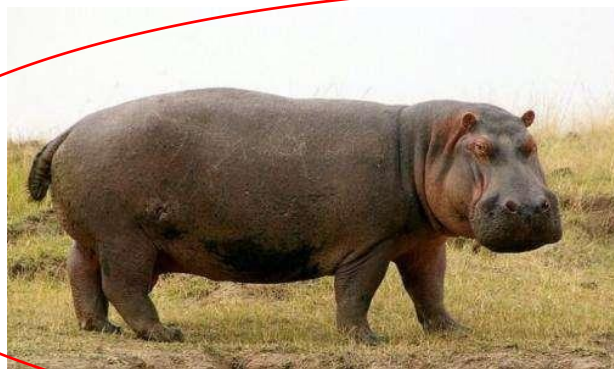
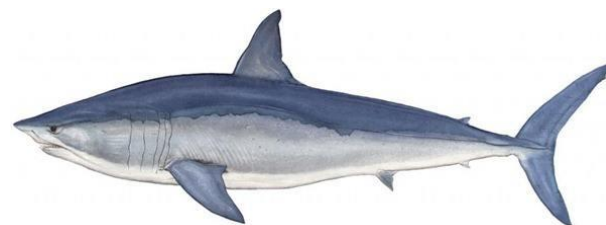






	**** *:*:*:*:::****:***** *****:***:***:*****.* *****:*
Dorphen	-MTNIRKTHPLMKILNDAFIDLPTPSNISSWWNFGSLLGLCLIMQILTGLFLAMHYTPDTSTAFSSVAH
Hippo	-MTNIRKSHPLMKIINDAFVDLPAPSNISSWWNFGSLLGVCLILQILTGLFLAMHYTPDTLTAFSSVTH
Shark	MALNIRKIHPLLLKIMNQTLIDLAPPSNISIWVNFGSLLGLCLVIQIVTGLFLAMHYTADITMAFSSVTH

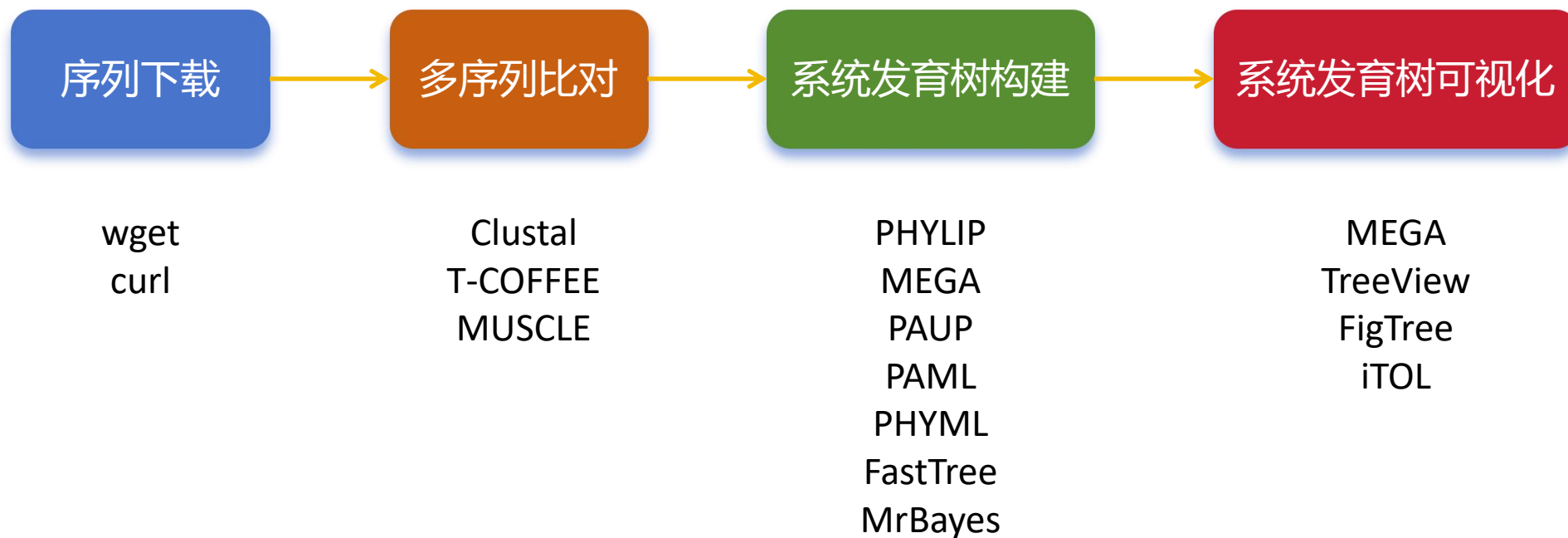
宽吻海豚、河马和大白鲨的细胞色素b蛋白分子序列比对结果



系统发育树构建方法及工具

- 距离法
- 最大似然法
- 最大简约法
- 贝叶斯方法

系统发育树构建流程

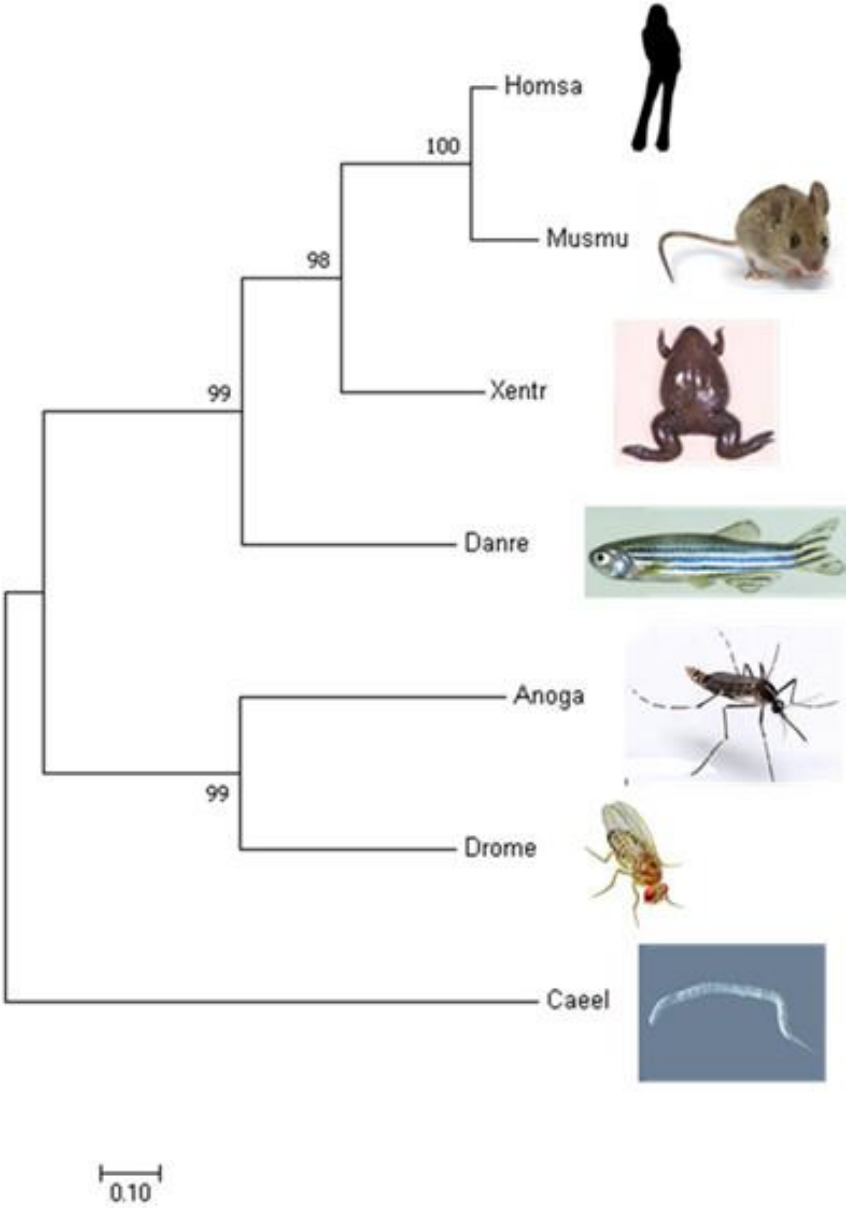


系统发育树实例

物种	拉丁学名	缩写
秀丽隐杆线虫	<i>Caenorhabditis elegans</i>	<i>Caeel</i>
黑腹果蝇	<i>Drosophila melanogaster</i>	<i>Drome</i>
冈比亚按蚊	<i>Anopheles gambiae</i>	<i>Anoga</i>
斑马鱼	<i>Danio rerio</i>	<i>Danre</i>
热带爪蟾	<i>Xenopus tropicalis</i>	<i>Xentr</i>
小鼠	<i>Mus musculus</i>	<i>Musmu</i>
人	<i>Homo sapiens</i>	<i>Homsa</i>

>Homsa debranching RNA lariats 1

MRVAVAGCCHGELDKIYETLALAERRGPGPVDLLCCGDFQAVRNEADLRCMAVPPKYRHMQTFYRYYS
EKKAPVLTFLFIGGNHEASNHLQELPYGGWVAPNIYYLGLAGVVKYRGVRIIGGISGIFKSHDYRKGFEC
PYNSSIRSIYHVRNIEVYKLKQLKQPIDIFLSHDWPRSIYHYGNKKQLLTKSFFRQEVENNTLGSPAA
SELLEHLKPTYWFSAPHLHVKFAALMQHQAQDKGQTARATKFLALDKCLPHRDFLQILEIEHDPSAPDYLE
YDIEWLTILRATDDLINVTGRLWNMPENGLHARWDYSATEEGMKEVLEKLNHDLKVPCNFSVTAACYDP
SKPQTQMQLIHRINPQTTEFCAQLGIIDINVRLQKSKEEHHVCGEYEEQDDVESNDSGEDQSEYNTDTS
LSSINPDEIMLDEEEDEDSIVSAHSGMNTPSVEPSDQASEFSASFSDVRILPGSMIVSSDDTV DSTIDRE
GKPGGTVESNGEDLTKVPLKRLSDEHEPEQRKKIKRRNQAIYAAVDDDDDDAA



用Shell脚本构建系统发育树

```
#!/bin/bash
```

```
#从Fasta格式序列开始构建系统发育树
```

```
infile=$1
```

```
test -f pips.aln.fa.tmp && rm -f pips.aln.fa.tmp
```

```
clustalo -i infile -o pips.aln.fa.tmp --outfmt=fasta
```

```
FastTree pips.aln.fa 2>/dev/null
```

```
rm -f pips.aln.fa.tmp
```