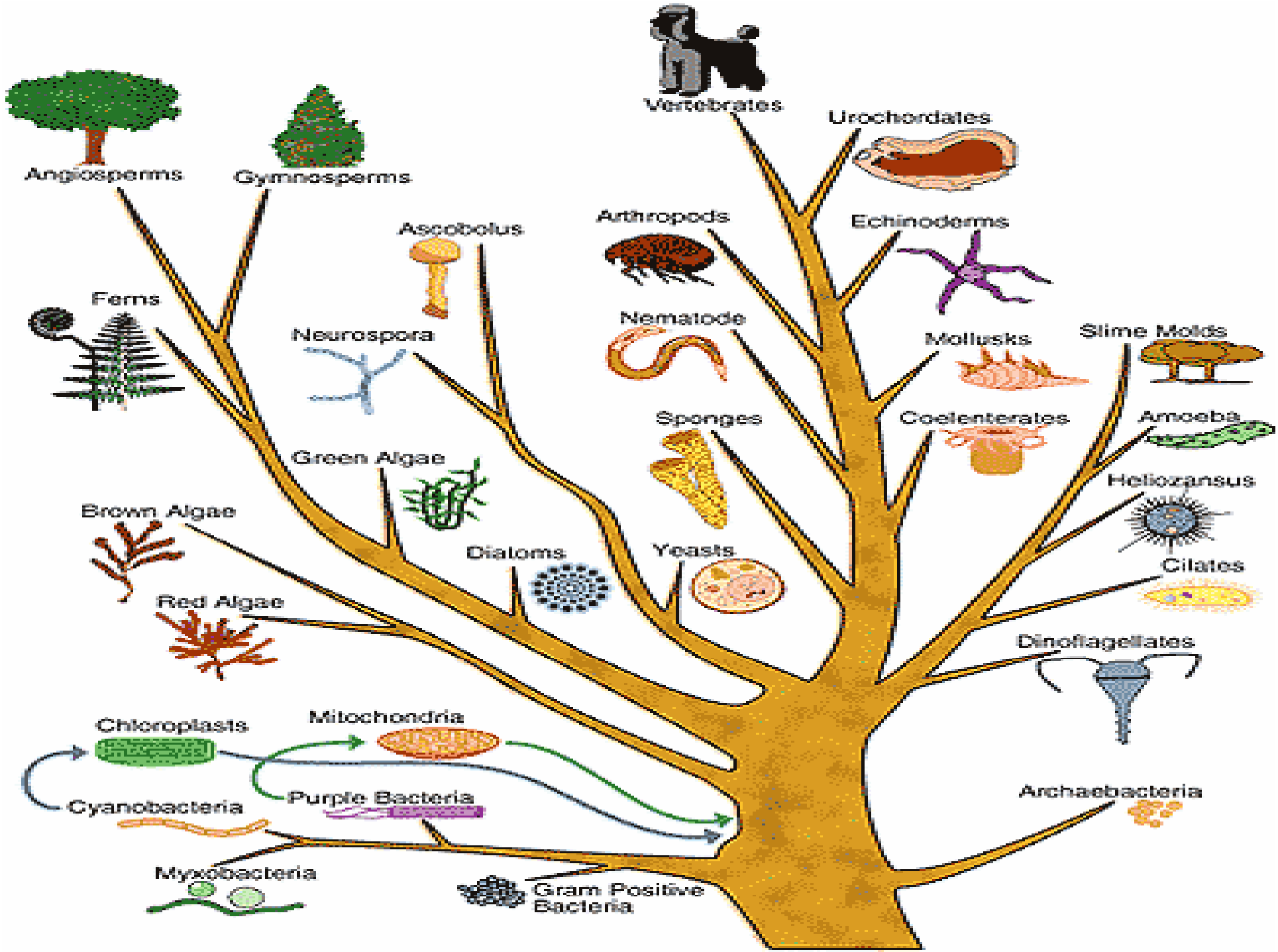
FİLOGENETİK İLİŞKİLERİN BELİRLENMESİNDE DİZİ KULLANIMI

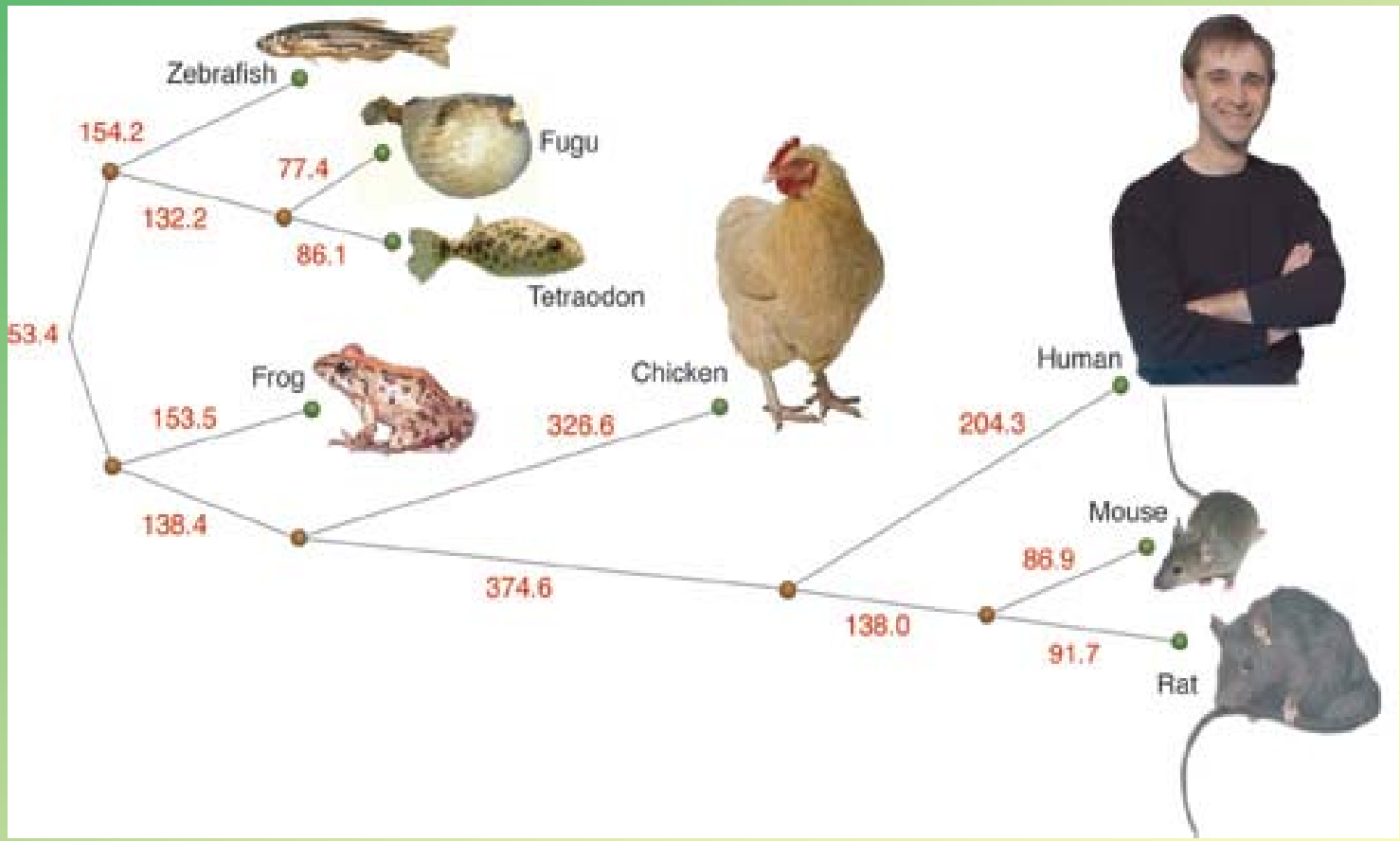

Vertebrates
Urochordates
Angiosperms
Gymnosperms
Ascobolus
Arthropods
Echinoderms
Ferns
Nematode
Neurospora
Molluscs
Slime Molds
Sponges
Coelenterates
Amoeba
Green Algae
Heliozansus
Brown Algae
Diatoms
Yeasts
Ciliates
Red Algae
Dinoflagellates
Chloroplasts
Mitochondria
Archaebacteria
Purple Bacteria
Cyanobacteria
Myxobacteria
Gram Positive Bacteria

- Biyolojide **filogenetik** çeşitli organizma grupları arasındaki evrimsel akrabalıkların araştırılmasıdır.
- Genomik bilgiyi kullanarak canlılar arasındaki ilişkileri ve moleküler düzeydeki benzerlikleri açıklamaya çalışır.
- Filogenetik; bir türdeki tüm bireyleri, zaman içinde soy olarak bağlantılı bireyler olarak kabul eder.

Taksonomi; organizmalar arasındaki benzerliklerin sınıflandırılmasına dayalıdır. Filogenetikten çok fazla beslenmiş olmasına rağmen, metodolojik ve mantıksal olarak farklılıklar içermektedir.

- **Filogenetik analiz**de DNA ya da protein dizileri kullanılarak genom benzerlikleri bulunur. Bu dizilere ait bilginin özetlenmesi ve görsel olarak anlaşılabilmesi için filogenetik ağaçlar oluşturulur ve kullanılır. Bu ağaçlar genellikle, oldukça karmaşık metotlar ile elde edilirler.

Bir filogenetik ağaç ortak bir atadan gelen bireyler arasındaki evrimsel ilişkileri gösterir.



- Önceleri canlılar filogenetik olarak prokaryot ve ökaryot olmak üzere iki bölüme ayrılmıştı.
- 1970lerin sonunda Carl Woese ve George Fox, prokaryot ve ökaryot ayrımının kadar temel bir ayırımın, prokaryotların içinde de var olduğunu ardışık 16S rRNA analizleriyle kanıtlamıştır.
- 1990da Woese, Kandler ve Wheelis, filogenetik ağacın yeni üç parçalı halini önerdiler: Bu ağaçta Bakteri(eskiden eubacteria), Arke(eskiden archaebacteria) ve ökaryotlar yer alır.

Farklı organizmalara ait 16S rRNA gen parçalarının baz dizileri.

İnsan **GTG**CCAGCAGCCGCGG**TAATTCCAG**CTCCAAT **AG**CGTAT

Maya **GTG**CCAGCAGCCGCGG**TAATTCCAG**CTCCAAT **AG**CGTAT

Mısır **GTG**CCAGCAGCCGCGG**TAATTCCAG**CTCCAAT **AG**CGTAT

Escherichia coli **GTG**CCAGCAGCCGCGG**TAATACG****GA**GGGTGCA**AG**CGTTA

Anacystisnidulans **GTG**CCAGCAGCCGCGG**TAATACG**GGAGAGGCA**AG**CGTTA

Thermotogamaratima **GTG**CCAGCAGCCGCGG**TAATACG**TAGGGGGCA**AG**CGTTA

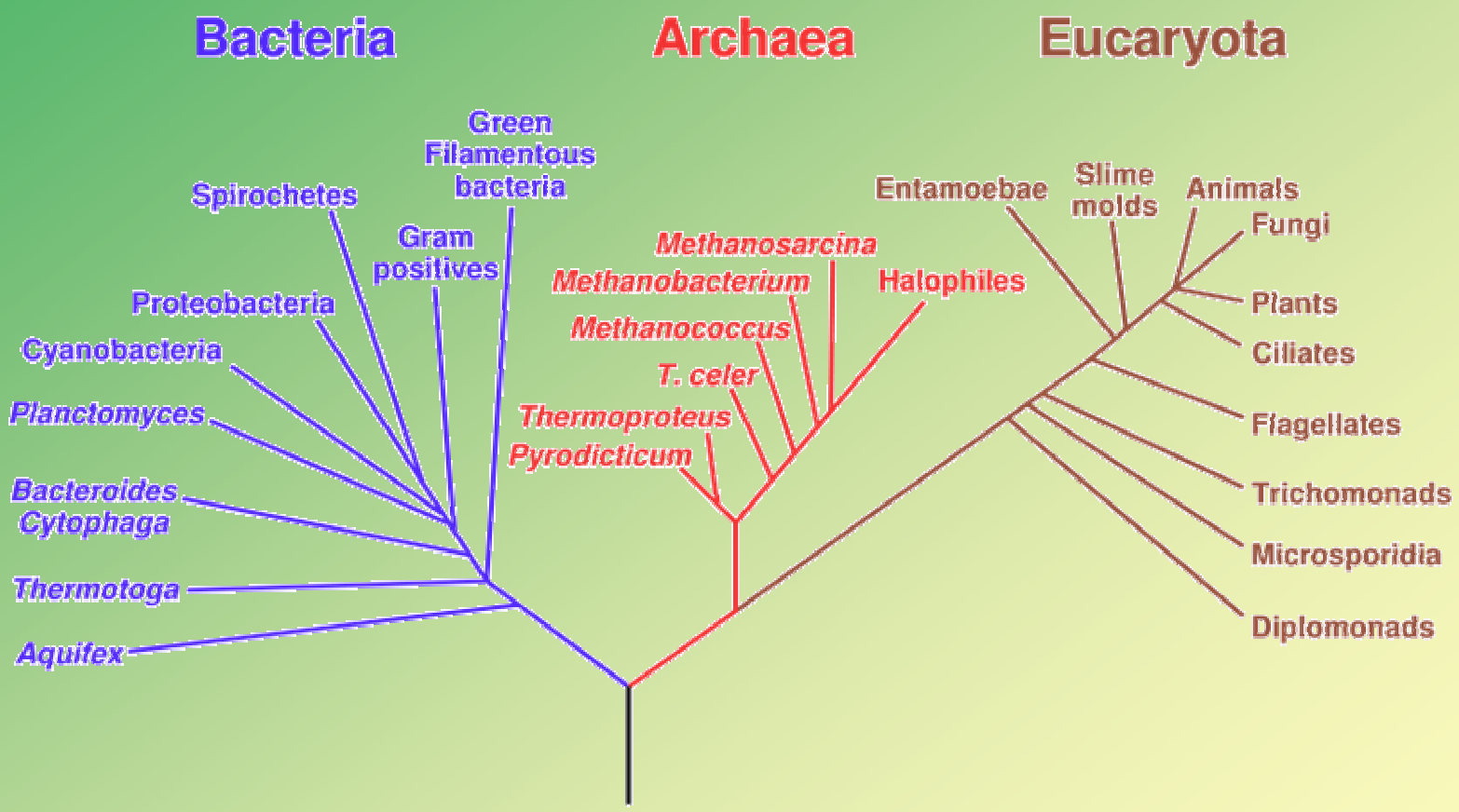
Methanococcusvannielii **GTG**CCAGCAGCCGCGG**TAATAC**CGACGGCCCG**AG**TGGTA

Thermococcusceler

GTGGCAGCCGCCGCGG**TAATAC**CGGCGGCCCG**AG**TGGTG

Sulfolobus sulfataricus **GTG**TCAGCCGCCGCGG**TAATAC****C**AGCTCCGCG **AG**TGGTC

Phylogenetic Tree of Life



- **Bilgisayar destekli filogenetik**, bilgisayar algoritmalarının, metotlarının ve programlarının filogenetik analizlere uygulanmasıdır.
- Amacımız genlerin ve türlerin evrimsel akrabalıklarını gösteren bir filogenetik ağaç oluşturmaktır.

- Geleneksel filogenetik, organizmaların fenotipik özelliklerinin ölçülerek ve miktarları belirlenerek gözlemlenen, morfolojik bilgilere dayanmaktadır.

- Moleküler filogenetik ise genleri kodlayan nükleotid dizilerini ya da proteinleri kodlayan aminoasit dizilerini sınıflandırmada temel alır.

- Filogenetik ağaçların oluşturulmasında, moleküler filogenetikteki dizi karşılaştırması kullanılır.

- Filogenetik ağaçlar, farklı türlerdeki homolog genlerin arasındaki evrimsel ilişkiyi göstermektedir.

- Bir filogenetik ağaç oluşturulmasında, karşılaştırılan gruplardaki karakterlerin homolojisinin ölçülmesi gerekir.

- Bu nedenle moleküler çalışmalarda, genler veya ilgili aminoasit dizileri arasındaki **çoklu dizi karşılaştırması**nın (Multiple Sequence Aligment) yapılması gereklidir.

Çoklu Dizi Karşılaştırması için kullanılan bazı programlar:

- **CLUSTALW** [EBI, PBIL, My Hits ya da EMBnet-CH'de var]
- **KALIGN** - doğru ve hızlı bir çoklu dizi karşılaştırma algoritması[Karolinska Enstitüsü ya da EBI]
- **MAFFT** [Kyushu Üniversitesi, EBI ya da MyHits]
- **Muscle** [Berkeley or at BioAssist]
- **T-Coffee** [At MyHits, BioAssist or at EBI]
- **MSA** – Genestream'de var(IGH)
- **DIALIGN**- [Bielefeld Üniversitesi]
- **Match-Box** – [Namur Üniversitesi(Belçika) ve Washington Üniversitesi]
- **Multalin** [INRA, PBIL]
- **MUSCA** – [IBM]

AliBee - Multiple Alignment

Help | Full query form | Your E-mail address | Result Alignment Format: GeneBee

References | Comments on output

Tree and Picture Options

Extra tree format: None / Phylip / Phylip (multiline)

Picture formats: None / Slanted / Slanted 2

Bootstrap: Yes / No

Sorguyu Gönder

Reset Form

You can paste or edit your sequences right here (in FASTA format)

Example:

```
>SeqName1
MLPTAVLLVL AVSVAARDNA TCDGPCGLRF RQKLESGMRV MYHNNRRYHT CGGILLNSHW
VLTAAHCFKN KKKVT
>SeqName2
IVGGRRAQPQ EFPFLASIQK QGRPFCAGAL VHPRFVLTAA RQQEQSRQTF SIRSISQNGY
DPRQNLNDVL
>SeqName3
SRRTYTLTDY LKSTFR
```

REFINED ALIGNMENT Power 4.67

Homology percent 10.1

The meaning of signs at the top of the alignment is following:
' ' - the average weight of column pair exchanges is less than
weight matrix mean value
'.' - is less than mean value plus one SD
'+' - is less than mean value plus two SD
'*' - is more than mean value plus two SD

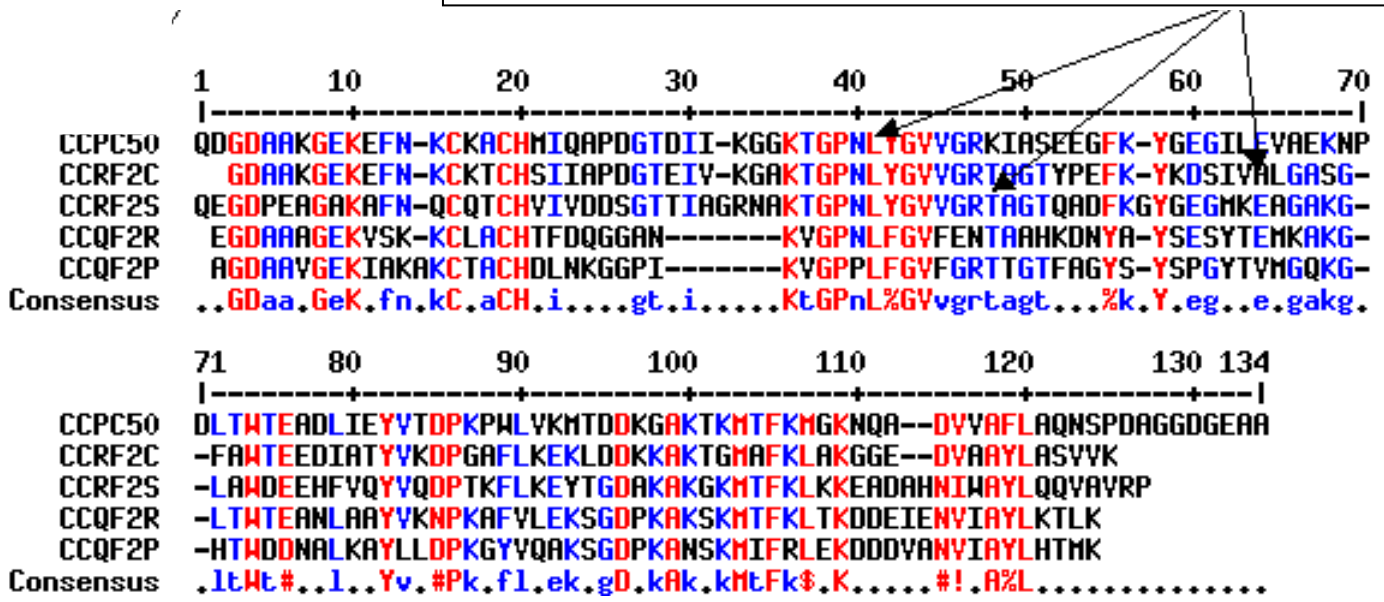
```
                    ..      +   .  .. ..  . .  + +  ..   . . .. . . ..+*+.++. ..
SeqName1    (     1) ML------PTAvLLVLAvSVAARDNATCDGpcGLRFRQKLESGMRvMYHNNRRYHTCGGI
SeqName2    (     1) IVggrraqPQE-FPFLA-SIQKQGRPFCAG--ALVHPRFVLTAAR-QQEQSRQTFSIRSI
SeqName3    (     1) ----------------------------------------------------SRRTYTL---

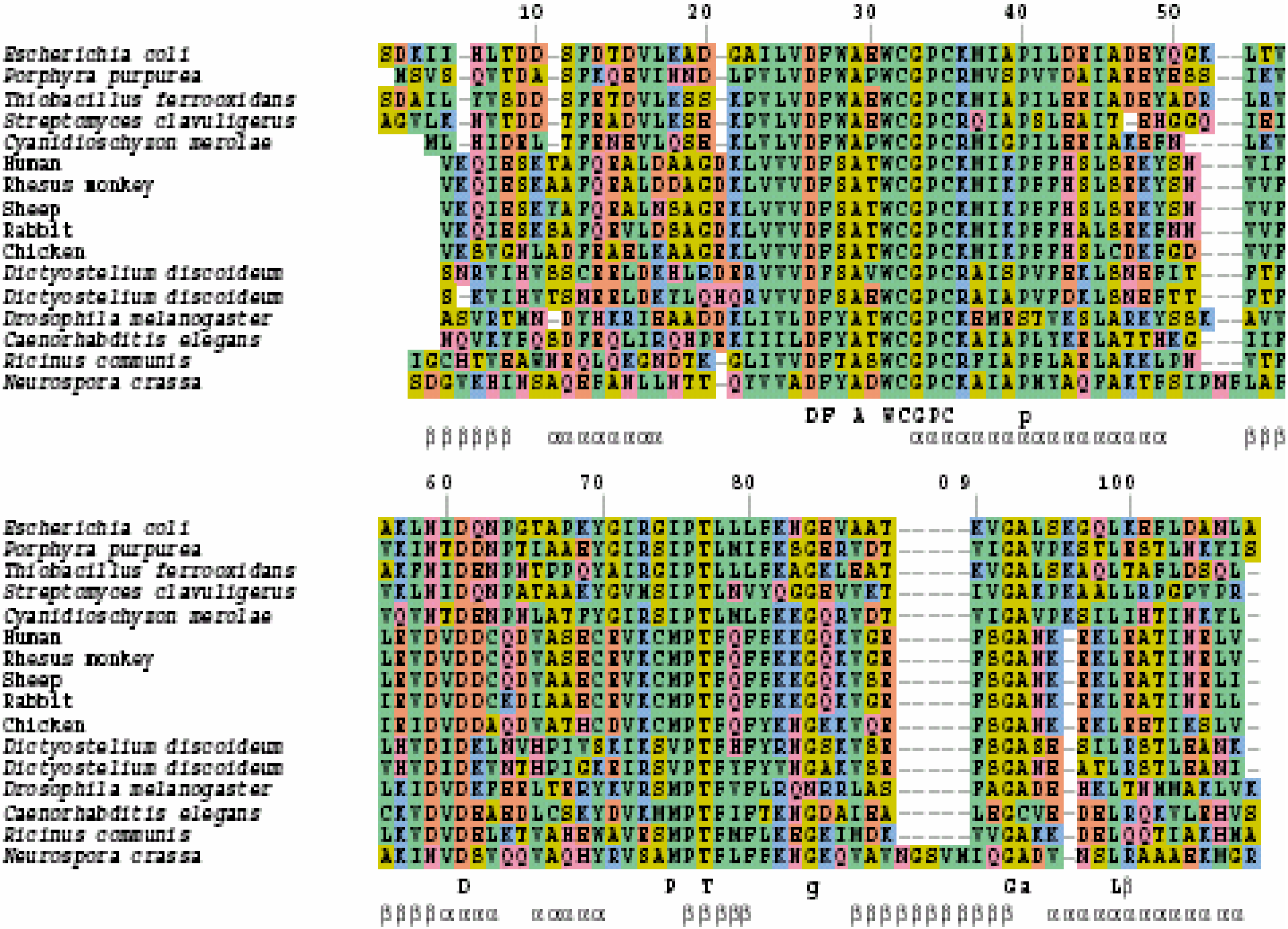

                      +.       . .++ . .
SeqName1    (    55) LLNShwvlTAAHCFKNKKKVT
SeqName2    (    56) SQNG------YDPRQNLNDVL
SeqName3    (     8) --TD----YLKSTFR------
```

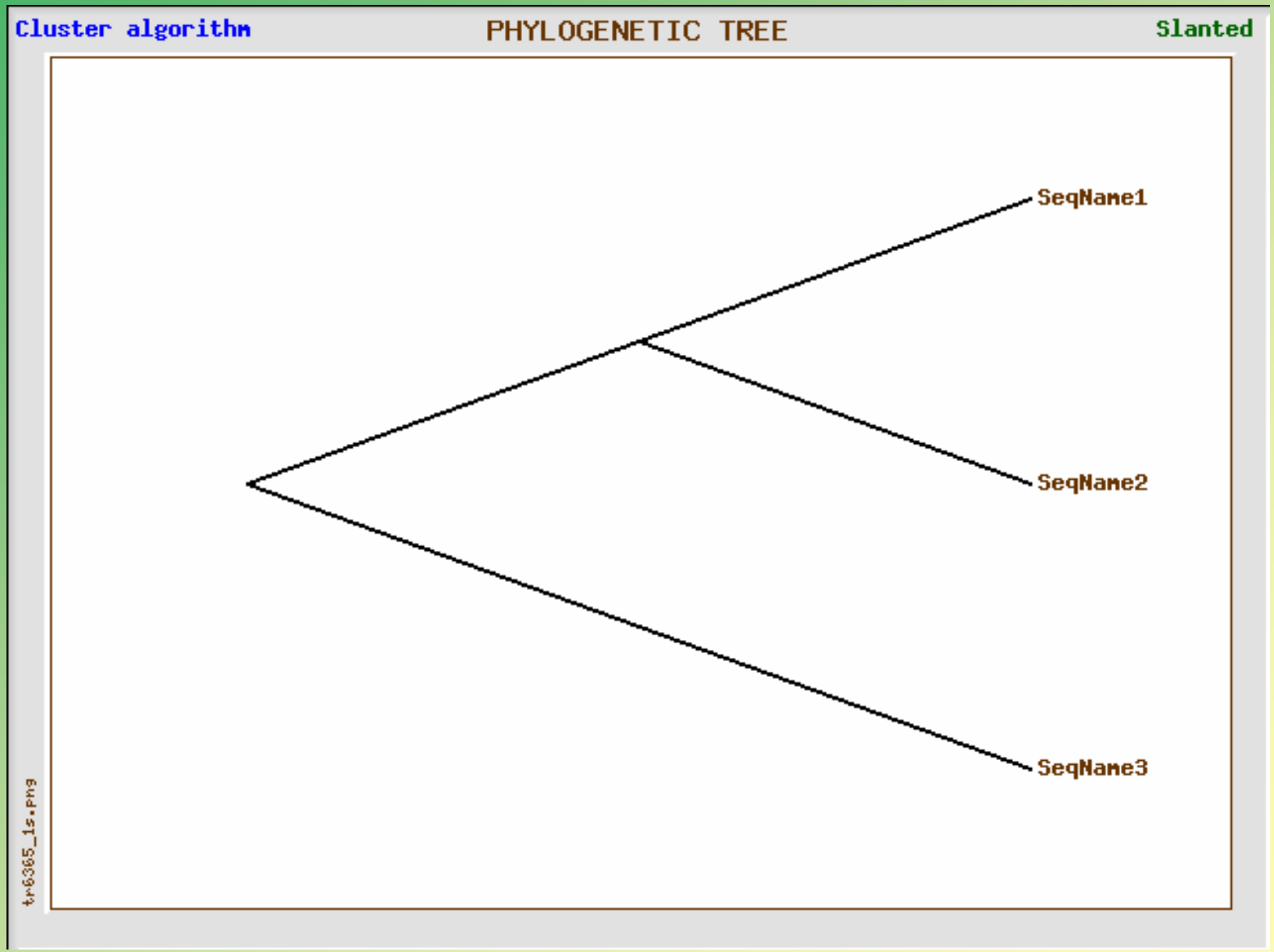
KORUNMUŞ DİZİLER=KIRMIZI

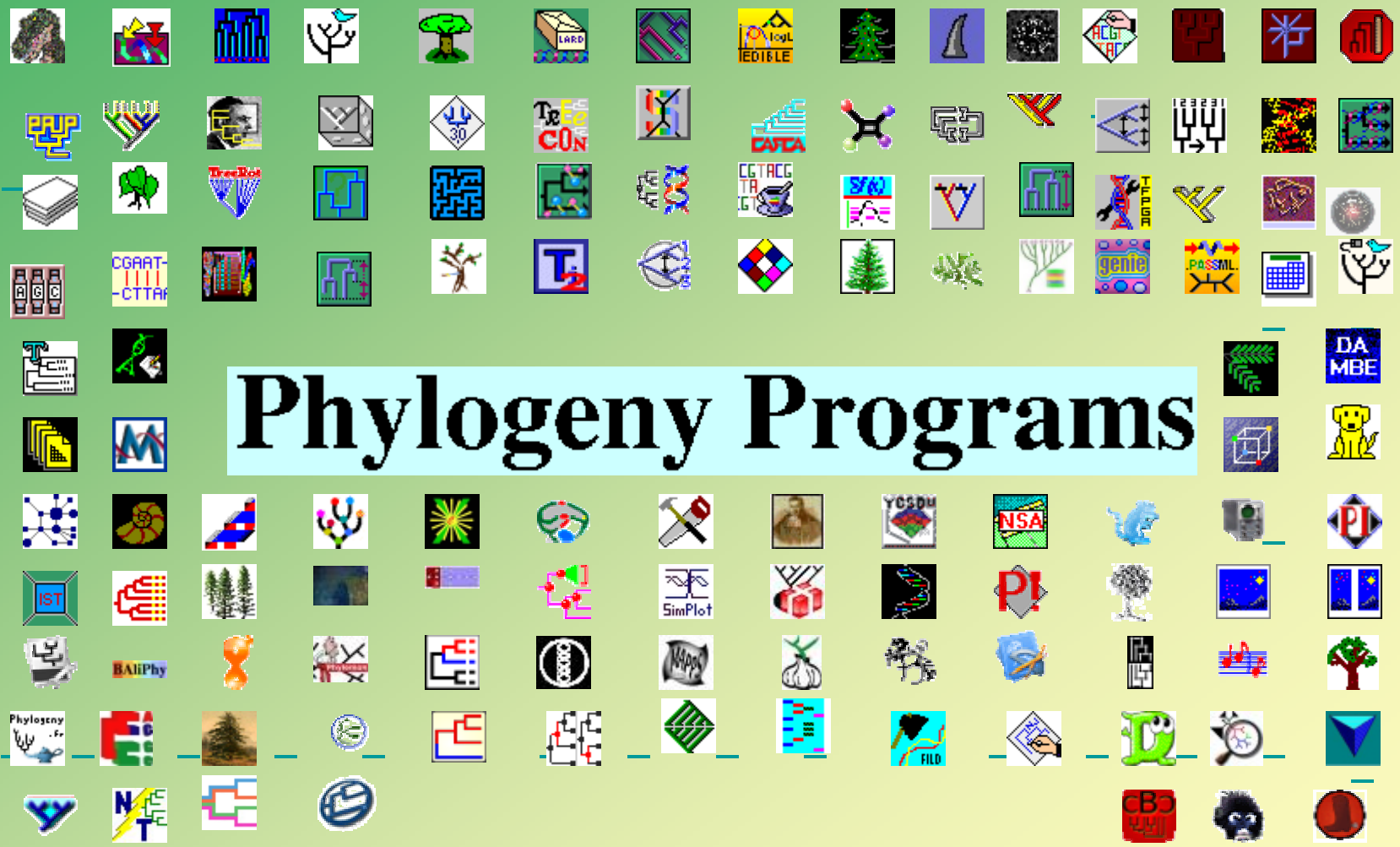
KISMEN KORUNMUŞ DİZİLER=MAVİ

KORUNMAMIŞ DİZİLER=SİYAH




10
20
30
40
50
Escherichia coli
Porphyra purpurea
Thiobacillus ferrooxidans
Streptomyces clavuligerus
Cyanidioschyzon merolae
Human
Rhesus monkey
Sheep
Rabbit
Chicken
Dictyostelium discoideum
Dictyostelium discoideum
Drosophila melanogaster
Caenorhabditis elegans
Ricinus communis
Neurospora crassa
60
70
80
90
100
Escherichia coli
Porphyra purpurea
Thiobacillus ferrooxidans
Streptomyces clavuligerus
Cyanidioschyzon merolae
Human
Rhesus monkey
Sheep
Rabbit
Chicken
Dictyostelium discoideum
Dictyostelium discoideum
Drosophila melanogaster
Caenorhabditis elegans
Ricinus communis
Neurospora crassa


Cluster algorithm
PHYLOGENETIC TREE
Slanted
SeqName1
SeqName2
SeqName3
tr6365_1s.png


Phylogeny Programs
DA MBE
NSA
SimPlot
BAliPhy
Phylogeny .Fr
FILD

- Genellikle filogenetik alanında çalışan akademisyenler ile bu alanda program geliştirenler, yazılım olarak Macintosh(MAC) kullanmaktadırlar.

- Filogenetik ile ilgili programlar, filogenetik ağaçları oluşturmada kullanılan bilgisayar destekli filogenetik yazılımlarının bir derlemesidir.

Filogenetik analizlerde kullanılan metotların en yaygın olanları şunlardır:

1- **Maksimum parsimoni metodu:** Filogenetik ağacın tanımlanmasında kullanılan bir metottur. Bu metot dizi bilgilerini açıklamak için küçük ölçekte evrimsel olayların bilinmesini gerektirir. Buna göre en az farklı olan birimler birbirine en yakın ve benzeyen birimlerdir.

2- **Maksimum benzerlik metodu:** Olası filogenetik ağaçlarda dağılım ihtimallerini anlamak için standart istatistiksel teknikleri kullanır. Eldeki bilgi ile olması ihtimali en yüksek ağaç ya da çözümleme en geçerli olandır.

3- **Bayesian çıkarım metodu:** Hemen her alanda kullanımı oldukça yaygınlaşan bu istatistik modeli filogenetiğin en popüler metodudur. Bayesian çıkarım metodu, ağaç oluşturmada maksimum benzerlik metotuna benzer bir yöntem kullanır ancak öncül olasılık kullanımı ile bu metottan ayrılır.

İSİM	Tanımlama	Metot	Link	Yazar
BEAST	Bayesian evrimsel analiz örnekleme ağaçları	Bayesian inference, yavaşlatılmış moleküler saat, demografik tarih	beast.bio.ed.ac.uk/	A. J. Drummond, A. Rambaut
ClustalW	İlerlemiş çoklu dizi karşılaştırması	Uzak matriks/en yakın komşu	http://align.genome.jp/	Thompson et al.
fastDNAml	Optimize edilmiş maksimum benzerlik (sadece nukleotid)	Maksimum benzerlik	Geta.life.uiuc edu/~gary/programs/fastDNAml.html	G.J. Olsen
Geneious	Geneious, ayrıntılı genome ve proteome araştırmaları sağlar.	Komşu bağlantılar, UPGMA, MrBayes eklentisi, PHYML eklentisi	geneious.com/default,28,download.sm	A. J. Drummond,M.Suchard,V.Lefort et al
HyPhy	Filogeniyi kullnarak hipotez test etme	Maksimum benzerlik, komşu bağlatılar, clustering techniques, uzak matriksler	http://www.hyphy.org/	S.L. Kosakovsky Pond, S.D.W. Frost, S.V. Muse
IQPNNI	Tekrarlayan maksimum benzerlikle ağaç araştırması	Maksimum benzerlik, komşu bağlantılar	http://www.cibiv.at/software/iqpnni/	L.S. Vinh, A. von Haeseler

İSİM	Tanımlama	Metot	Link	Yazar
MEGA	Moleküler evrimsel genetik analiz	Uzaklık,parsimoni and maksimum birleşik benzerlik metotları	http://www.megasoftware.net/index.html	Tamura K, Dudley J, Nei M & Kumar S
Mesquite	Mesquite, evrimsel biyolojide biyologlara organizmaların verilerinin karşılaştırmasında yardımcı olan bir yazılımdır.	Maksimum parsimoni, uzak matriks, maksimum benzerlik	http://www.mesquiteproject.org/mesquite/mesquite.html	W. P. Maddison and D. R. Madison
MOLPHY	Moleküler filogenetik (protein ya da nukleotid)	Maksimum benzerlik	http://bioweb.pasteur.fr/seqanal/interfaces/prot_nucml.html	J. Adachi and M. Hasegawa
MrBayes	Sonradan olasılık tahmini	Bayesian inference	http://mrbayes.csit.fsu.edu/index.php	J. Huelsenbeck, *et al.*
Nona	Filogenetik çıkarım	Maksimum parsimoni, dolaylı yükleme, dişli çark	http://www.cladistics.com/aboutNona.htm	P. Goloboff
PAML	Maksimum benzerlikle filogenetik analiz	Maksimum benzerlik	http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html	Z. Yang

İSİM	Tanımlama	Metot	Link	Yazar
PAUP	Parsimoni kullanarak filogenetik analiz	Maksimum parsimoni, uzak matriks, maksimum benzerlik	http://paup.csit.fsu.edu/	D. Swofford
PHYLIP	Filogenetik çıkarım paketi	Maksimum parsimoni, uzak matriks, maksimum benzerlik	http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html	J. Felsenstein
PhyloQuart	Dörtlü yürütme(dizileri veya uzaklığı kullanır)	Quartet metodu	http://www.lirmm.fr/~vberry/PHYLOQUART/phyloquart.html	V. Berry
QuickTree	Verimli optimizde edilmiş ağaç oluşumu	Komşu bağlantılar	http://bioweb.pasteur.fr/seqanal/interfaces/quicktree.html	K. Howe, A. Bateman, R. Durbin
RAxML-HPC	Bilgisayarla hesaplamada yüksek performans için Maksimum benzerlik (nukleotidler ve aminoasitler)	Maksimum parsimoni, uzak matriks	http://icwww.epfl.ch/~stamatak/	A. Stamatakis
TNT	Filogenetik çıkarım	Parsimony, weighting, ratchet, tree drift, tree fusing, sectorial searches	http://www.zmuc.dk/public/phylogeny/TNT/	P. Goloboff et al

İSİM	Tanımlama	Metot	Link	Yazar
TreeGen	Daha önceden girilen uzak verilerle ağaç oluşturulması	Uzak matriks	http://www.cbrg.ethz.ch/services/TreeGen	ETH Zurich
TreeAlign	Etkili hibrid metodu	Uzak matriks ve yakın parsimoni	http://bioweb.pasteur.fr/seqanal/interfaces/treealign-simple.html	J. Hein
TREE-PUZZLE	Maksimum benzerlik ve istatistiksel analiz	Maksimum benzerlik	http://www.tree-puzzle.de/	H.A. Schmidt, K. Strimmer, A. von Haeseler
T-REX	Ağaç çıkarımı ve görüntülenmesi	Uzaklık, parsimoni ve maksimum benzerlik	http://www.trex.uqam.ca/	V. Makarenkov, *et al.*
Winclada	GUI ve ağaç yazımı(Nona gerektirir.)	Maksimum parsimoni, çark		

Kaynaklar

- http://www.expasy.org/tools/#phylo
- http://en.wikipedia.org/wiki/Phylogenetic_tree
- http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html
- http://en.wikipedia.org/wiki/Computational_phylogenetics
- http://msakiroglu.wordpress.com/2007/01/17/filogenetik-nedir/
- Doç.Dr.Filiz Gürel- Moleküler Evrim ders notu