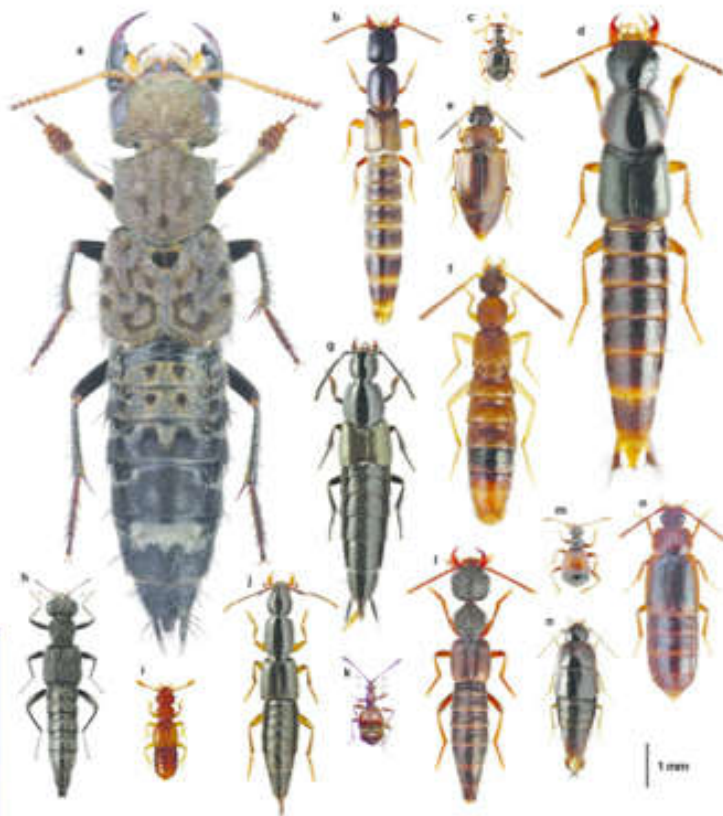


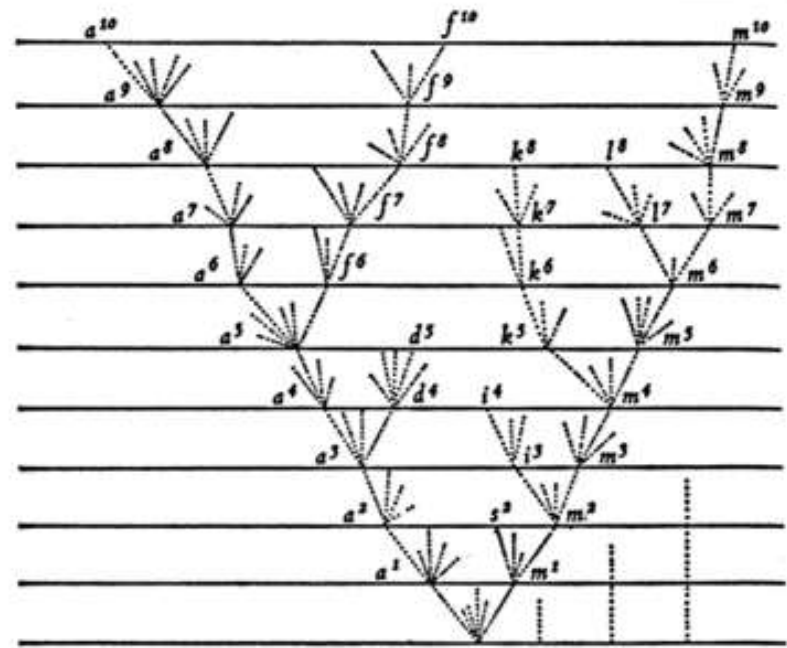
Современная филогенетика как основа ЭНТОМОЛОГИИ

- **Филогенетика как наука**
- **Почему она важна**
- **Мейнстримовые работы сейчас (молекулярка)**
- **Почему так и хорошо ли это?**
- **Как лучше? Комплексная филогенетика**
- **Филогенетический анализ – что, как, и почему**
- **Где поучиться и что почитать**

О себе



Филогенетика как наука



Филогенетика – набор теорий, принципов и инструментов для реконструкции филогении (путей эволюции)

Филогенетическое древо - инструмент биологии

Пространство/
Биогеография

Степень (темп)
эволюции

Genus 1 A

Топология

Genus 2 A

Свойства

Genus 3 A

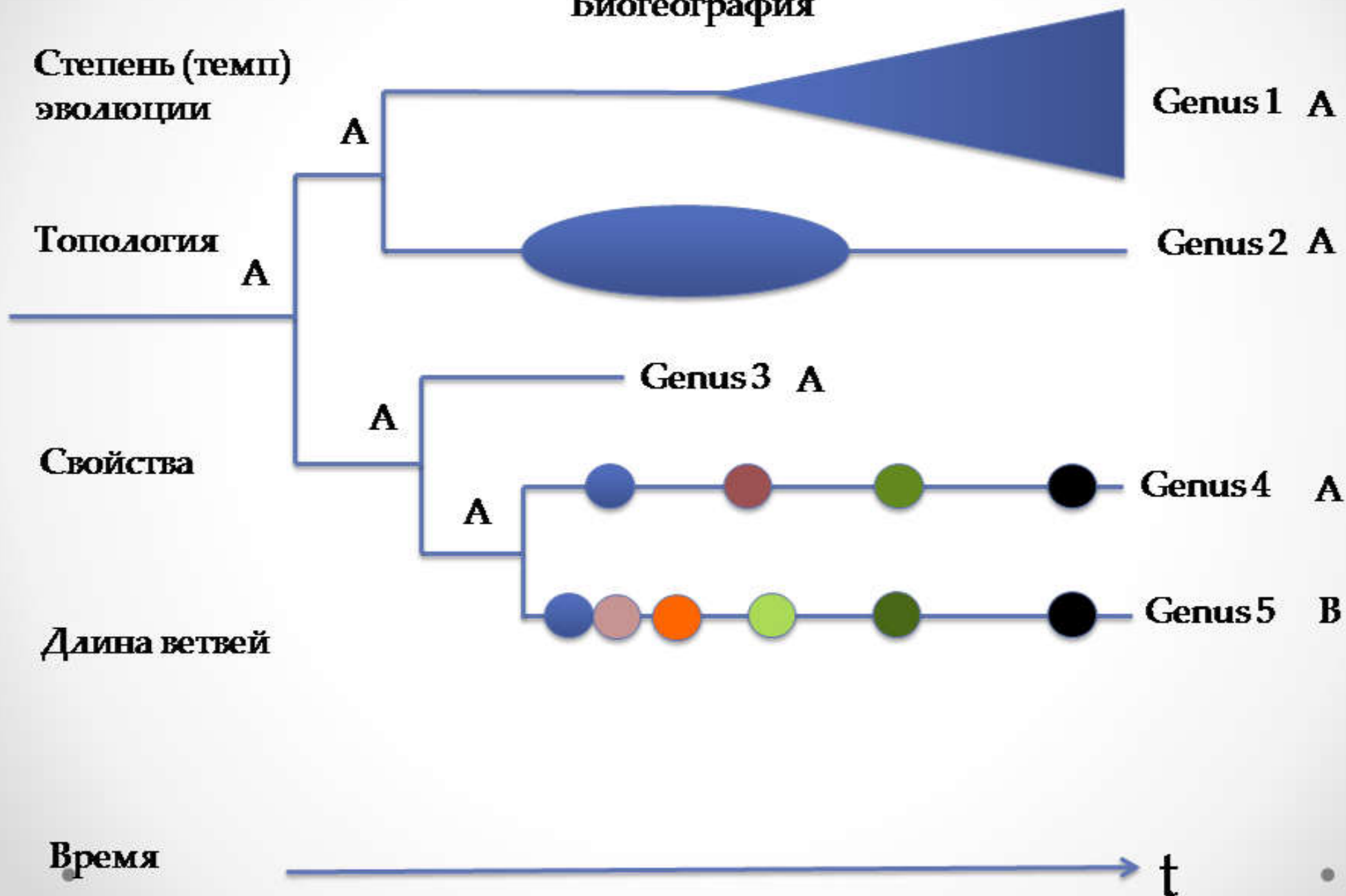
Genus 4 A

Длина ветвей

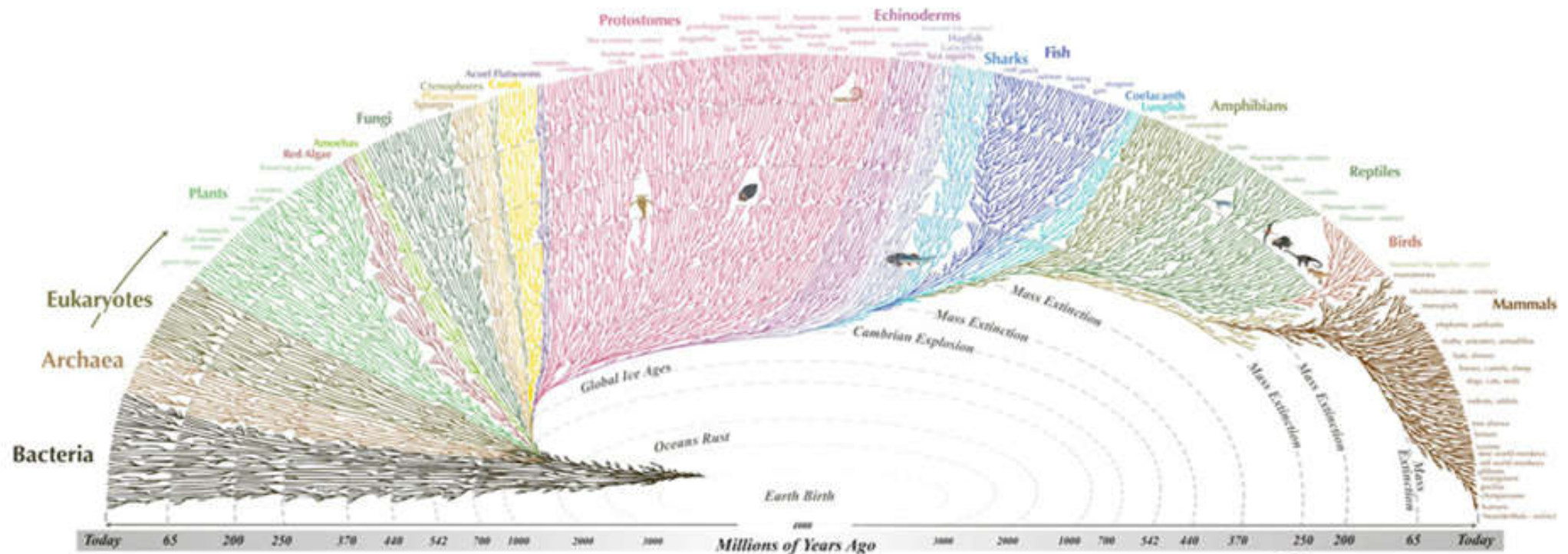
Genus 5 B

Время

t



Большая цель - Древо жизни



All the major and many of the minor living branches of life are shown on this diagram, but only a few of those that have gone extinct are shown. Example: Dinosaurs - extinct 

<https://www.evogeneao.com/learn/tree-of-life>

На практике – частные реконструкции

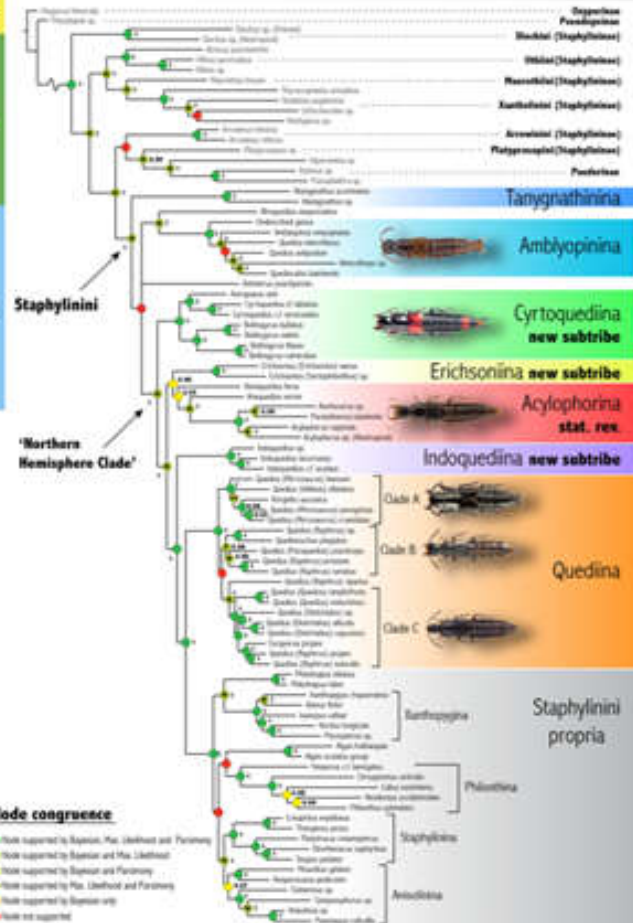
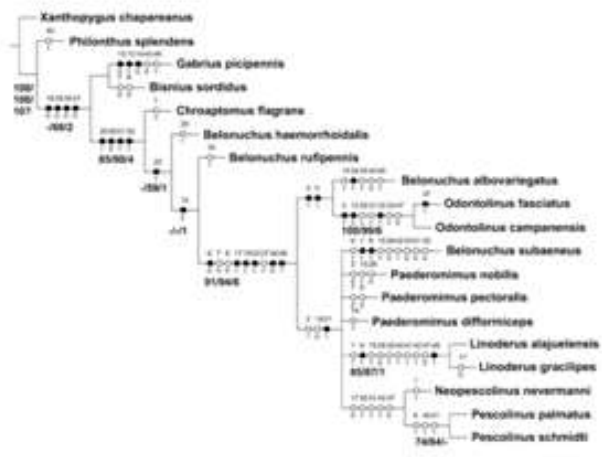
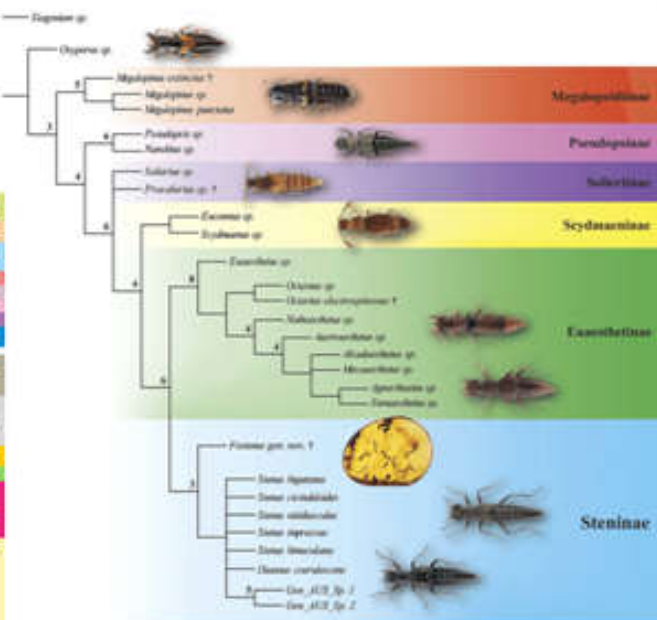
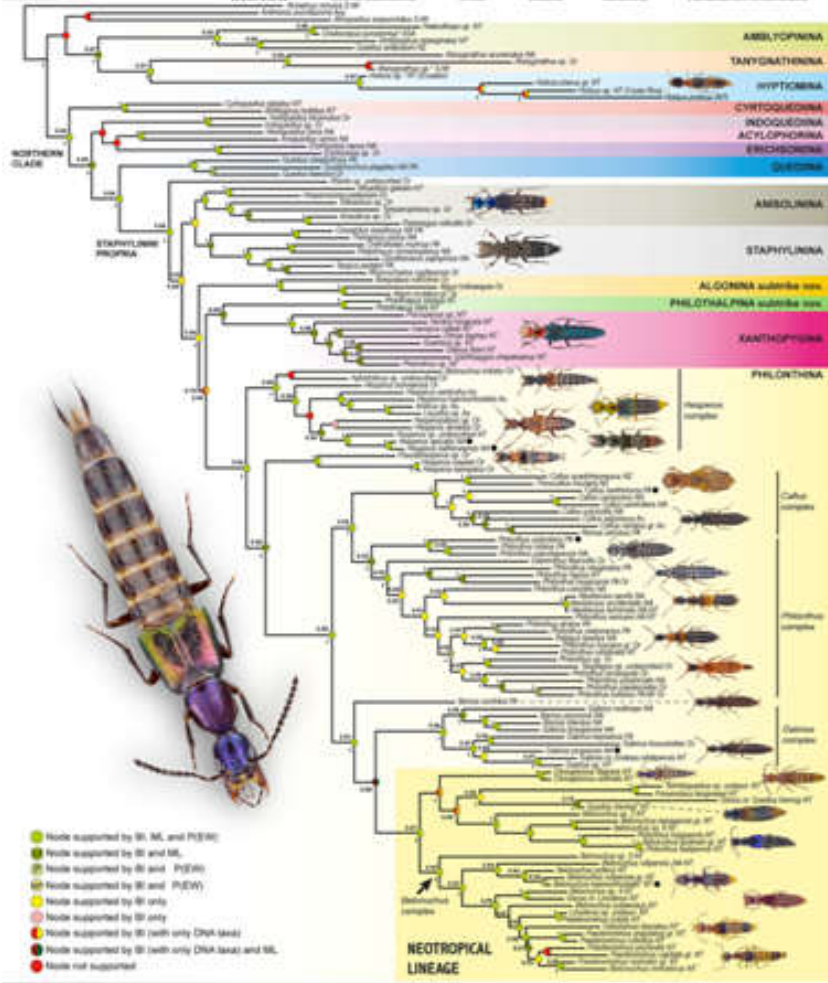
Важность филогенетики для систематики



Alexey Solodovnikov 4 28.07

PhD
Professor (Associate)
Danish Natural History Museum, Copenhagen, Denmark

Overview Contributions Info Stats Scores Research Interests

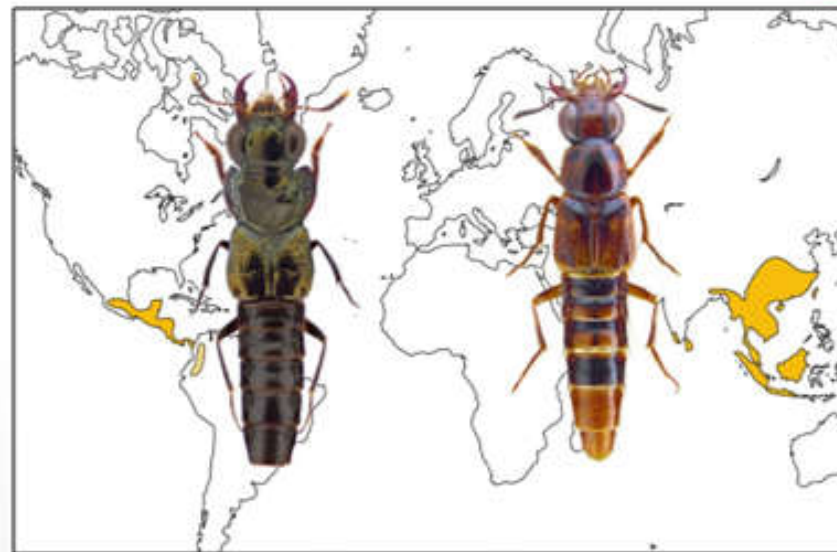
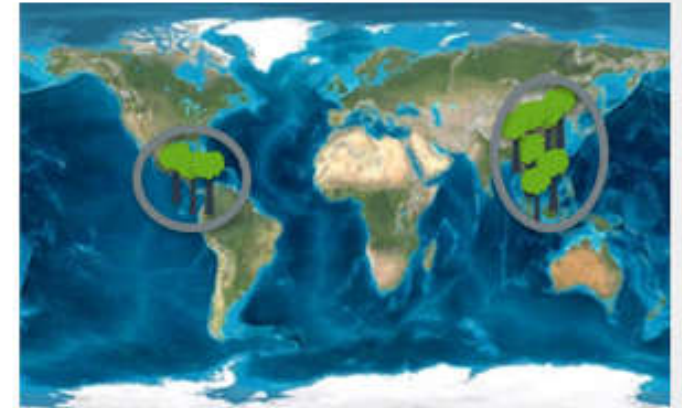


Например см. мои статьи в Research Gate

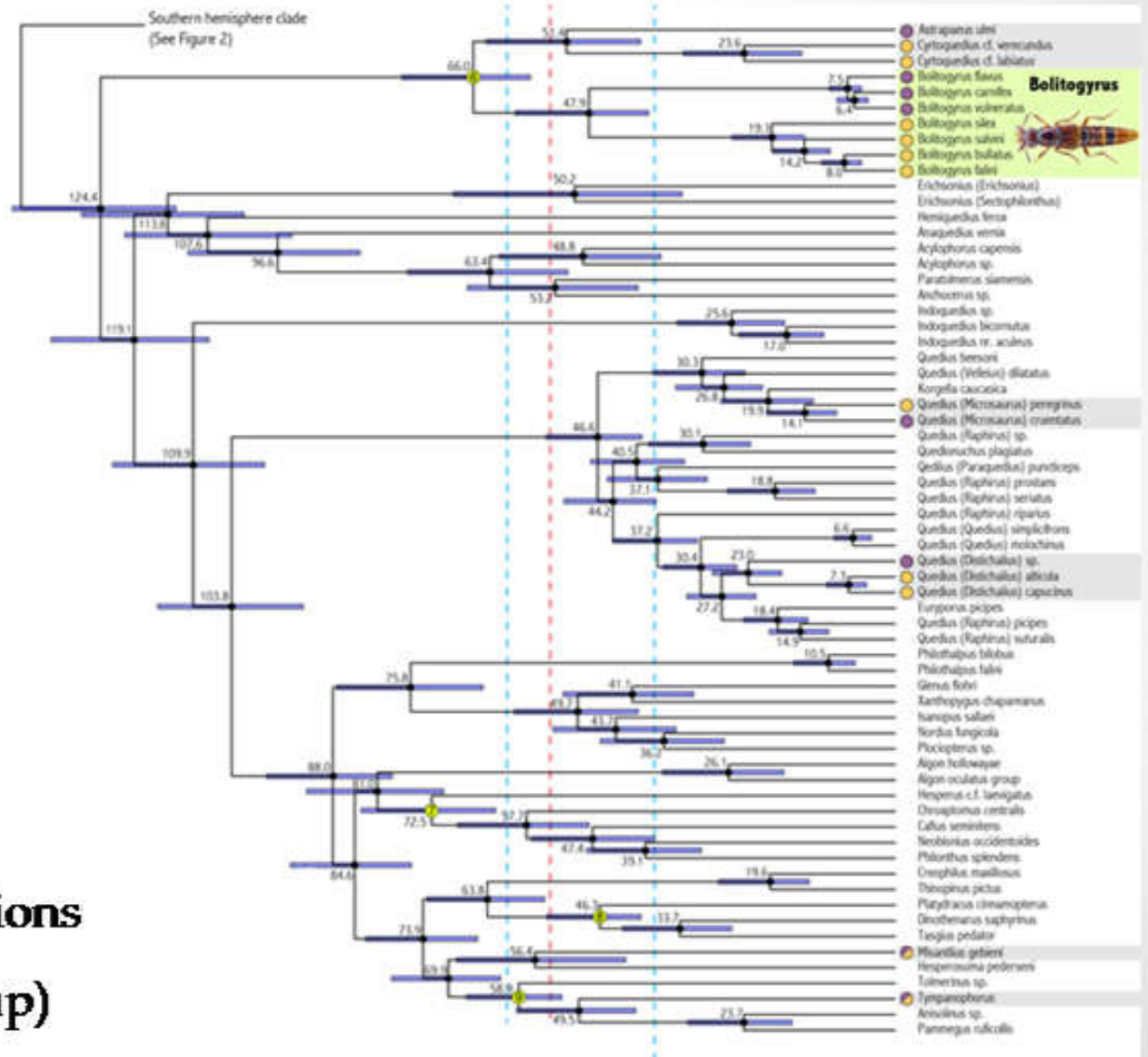
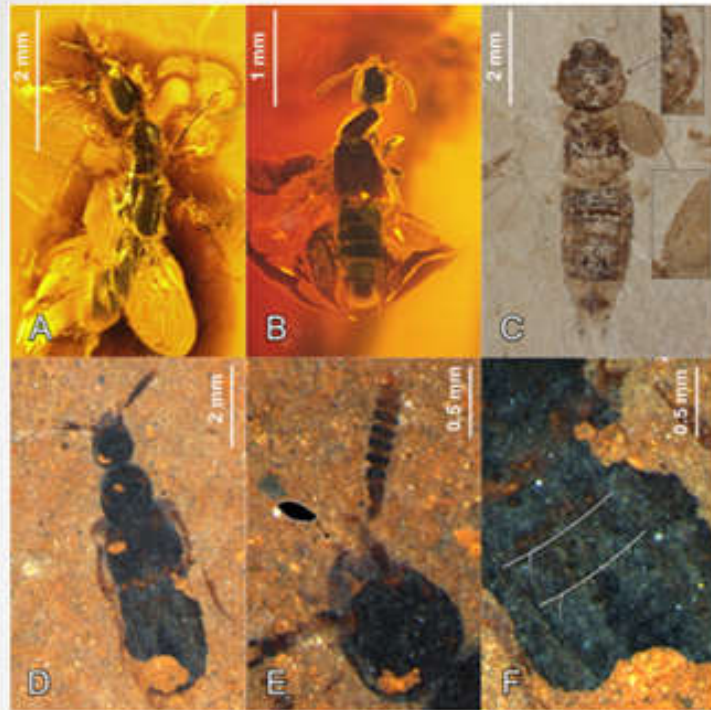
Филогения, биогеография, палеоклимат



Bolitogyrus

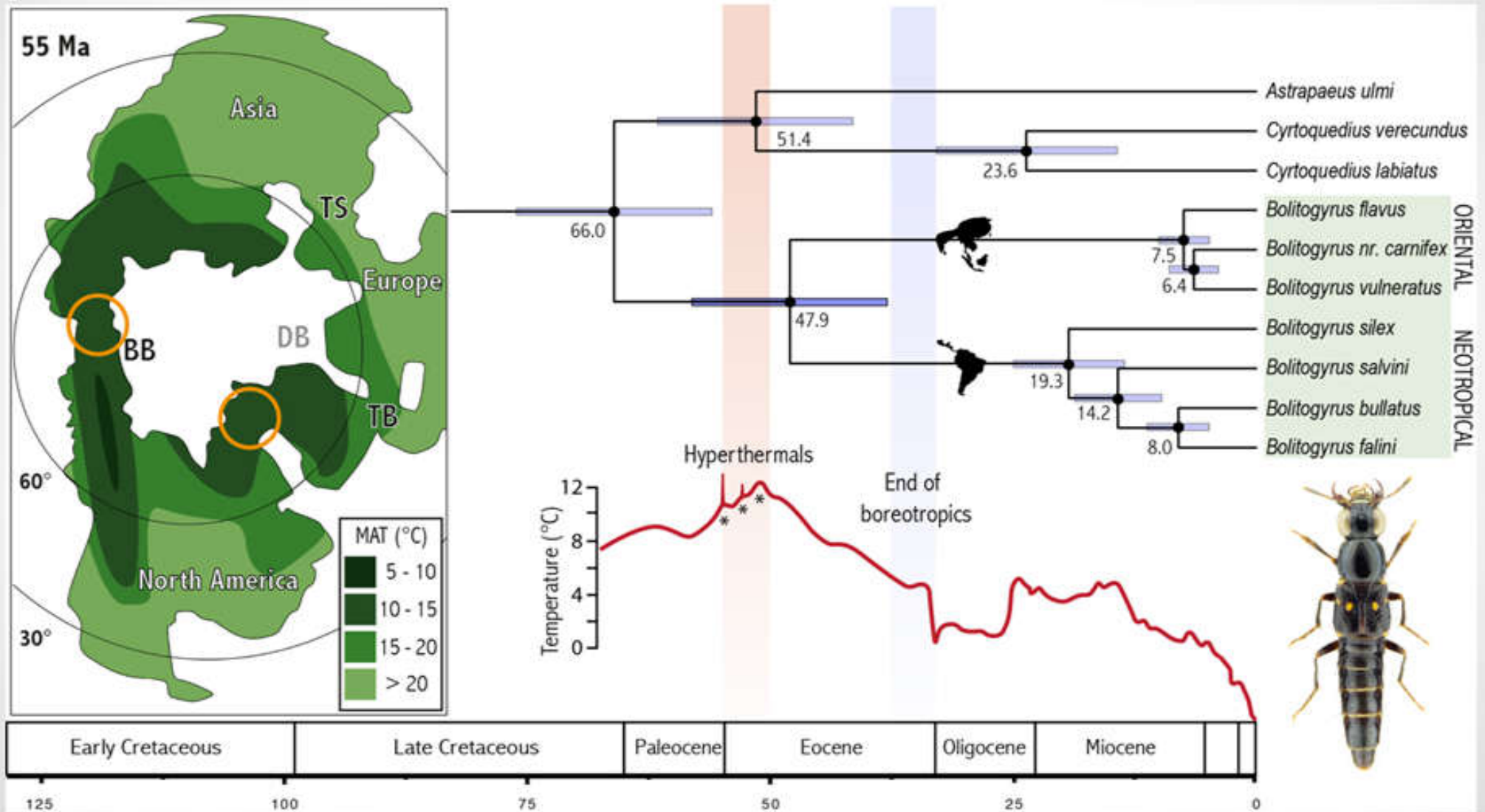


Филогения, биогеография, палеоклимат



- **BEAST v1.8.2**
- **Node dating: 9 fossil calibrations**
(5 - Staphylinini, 2 - outgroup)

Филогения, биогеография, палеоклимат



Филогеография

Acrobat File Edit View Window Help

1 66% Sun 5:29 PM

Garcia_Vazquez_etal2017_MPE.pdf



122 (1 of 29) 140%

Tools Comment Share

Molecular Phylogenetics and Evolution 114 (2017) 122–136



Contents lists available at ScienceDirect

Molecular Phylogenetics and Evolution

journal homepage: www.elsevier.com/locate/ympev



Pleistocene range shifts, refugia and the origin of widespread species in western Palaeartic water beetles



David García-Vázquez^a, David T. Bilton^b, Garth N. Foster^c, I. Ribera^{a,*}

^aInstitute of Evolutionary Biology (CSIC-Universitat Pompeu Fabra), Passeig Marítim de la Barceloneta 37, 08003 Barcelona, Spain

^bMarine Biology and Ecology Research Centre, Plymouth University, Drake Circus, Plymouth PL4 8AA, UK

^cAquatic Coleoptera Conservation Trust, 3 Eglinton Terrace, Ayr KA7 1JJ, Scotland, UK

ARTICLE INFO

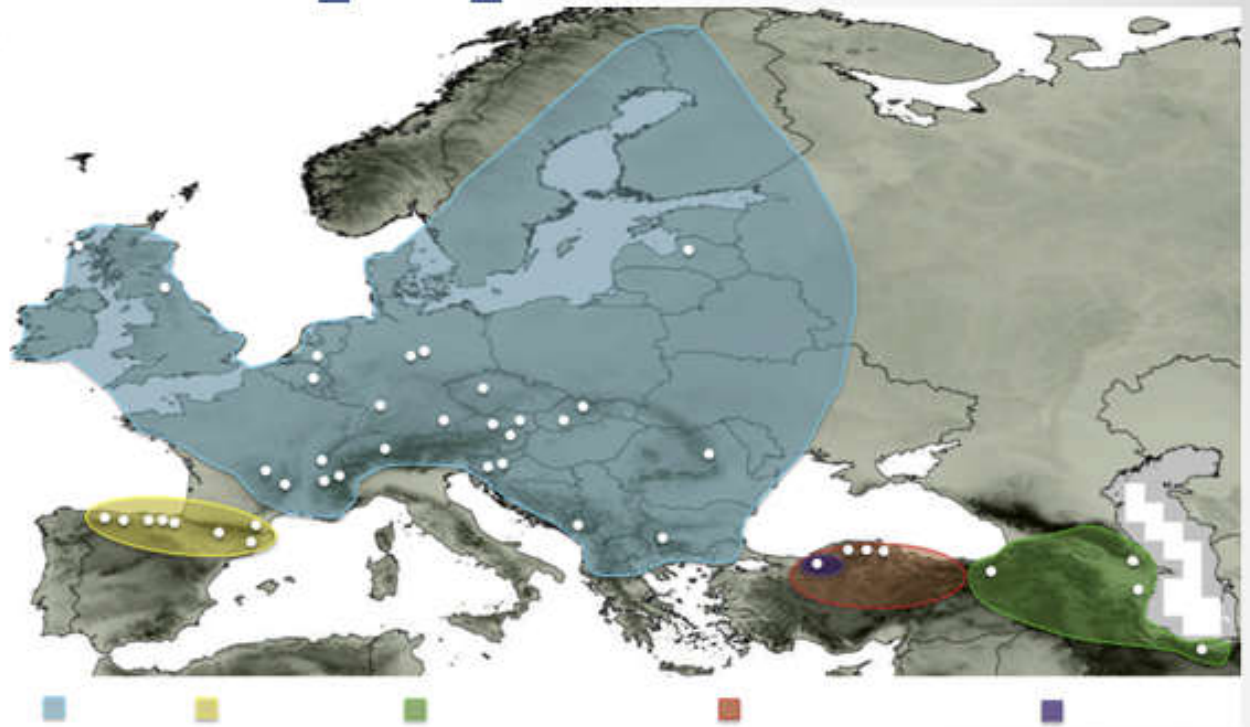
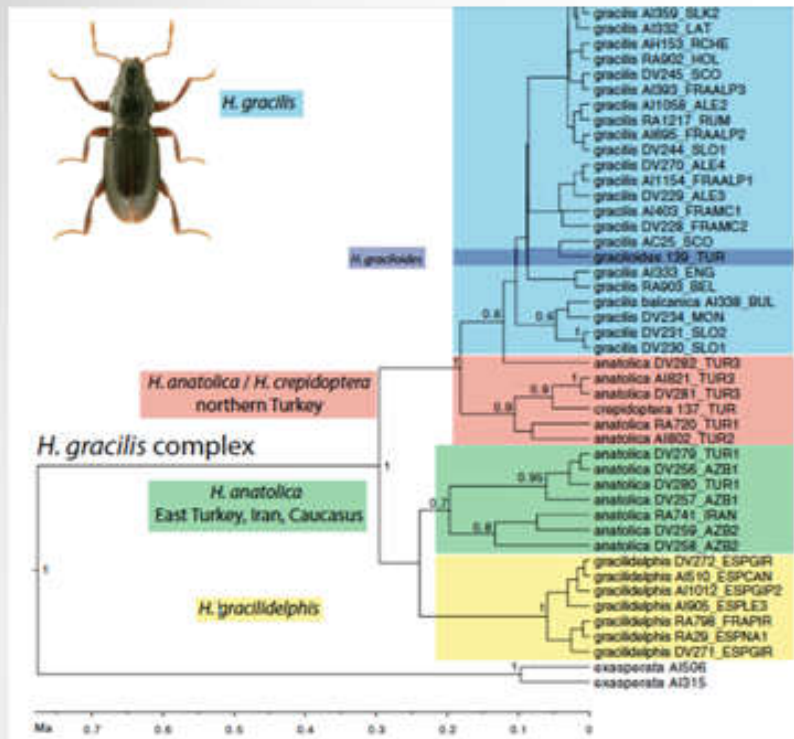
Article history:
Received 30 January 2017
Revised 2 June 2017

ABSTRACT

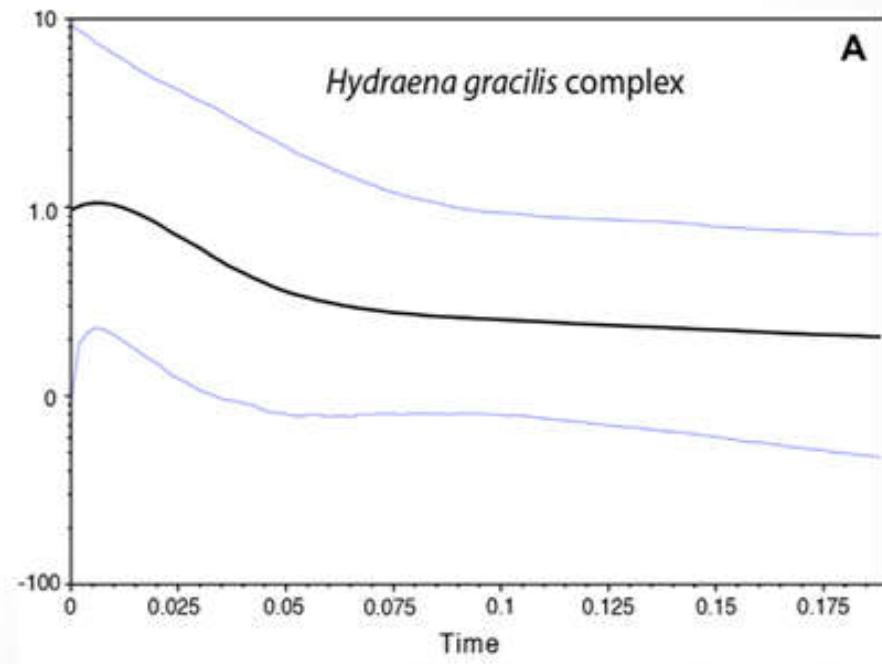
Quaternary glacial cycles drove major shifts in both the extent and location of the geographical ranges of many organisms. During glacial maxima, large areas of central and northern Europe were inhospitable to



Филогеография



Hydraena gracilis-
complex



Филогения как навигатор



Paederus,
>500 ВИДОВ



Web of Science Clarivate Analytics

Search My Tools Search History Marked List

Select a database Web of Science Core Collection [Learn More](#) [Check out the new citation report.](#)

Basic Search Cited Reference Search Advanced Search + More

[+ Add Another Field](#) | [Reset Form](#)

[Click here for tips to improve your search.](#)

TIMESPAN

All years

From to

[▶ MORE SETTINGS](#)



Динамика упоминаний в Web of Science

ГОДЫ	'geologic'	'phylogenetic'
1950-1960	1,986	52
1960-1970	277	238
1970-1980	722	833
1980-1990	1,116	1,826
1990-2000	4,859	23,256
2000-2010	8,303	69,383
2010-2017	8,696	87,665

Ранняя и современная филогенетика

Ранняя

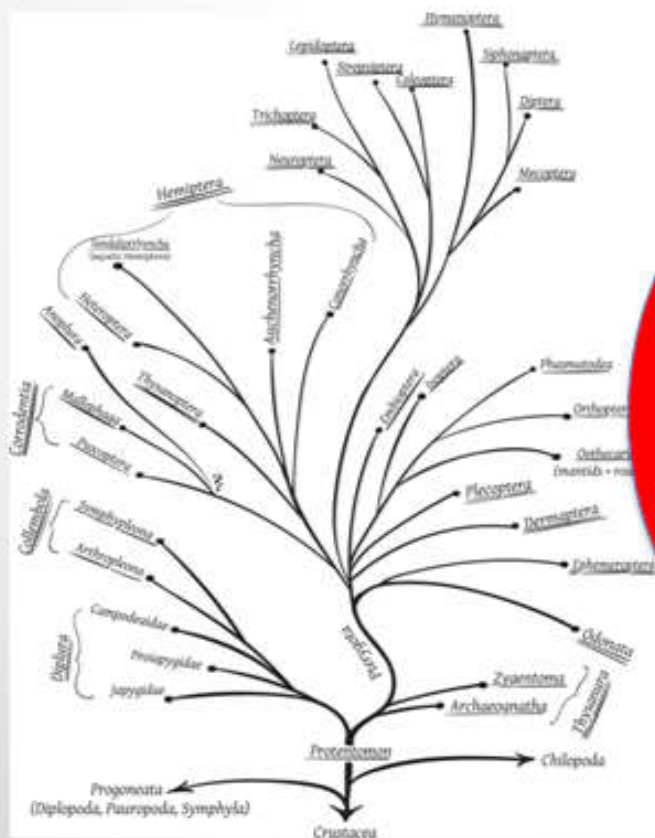
Использовала признаки фенотипа

Основана на визуальном изучении и интуиции (гомологии + сходство)

Современная

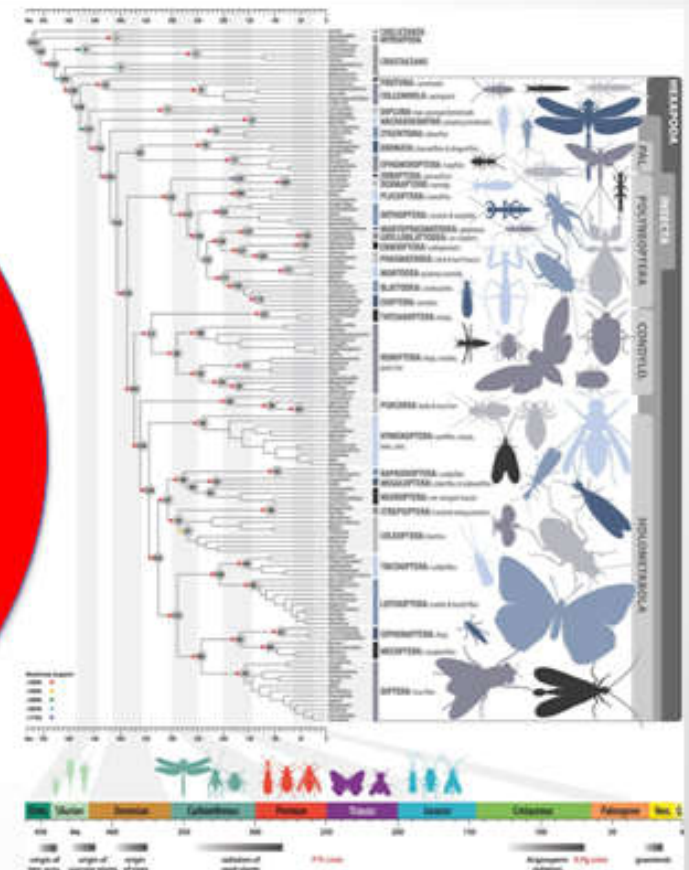
Использует признаки генотипа

Полностью компьютеризована (расчет вероятности правильного древа)



Börner 1904

Почему ДНК?
Куда делась
морфология?



Misof et al. 2014

Фенотип (морфология)

Преимущества	Недостатки
Богатая история (много данных)	Сходство обманчиво
Наиболее доступна людям (зрение – основной источник информации)	Необходимость сложных исследований для определения гомологий
Единственный способ включить (почти) все виды и учесть ископаемые	Субъективное определение признаков и потеря информации
Фенотип отражает многие явления формирующие эволюционный процесс	Фенотип отражает многие явления формирующие эволюционный процесс

Генотип (ДНК)

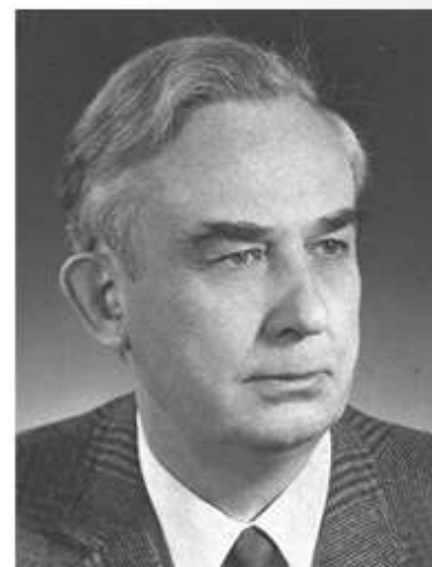
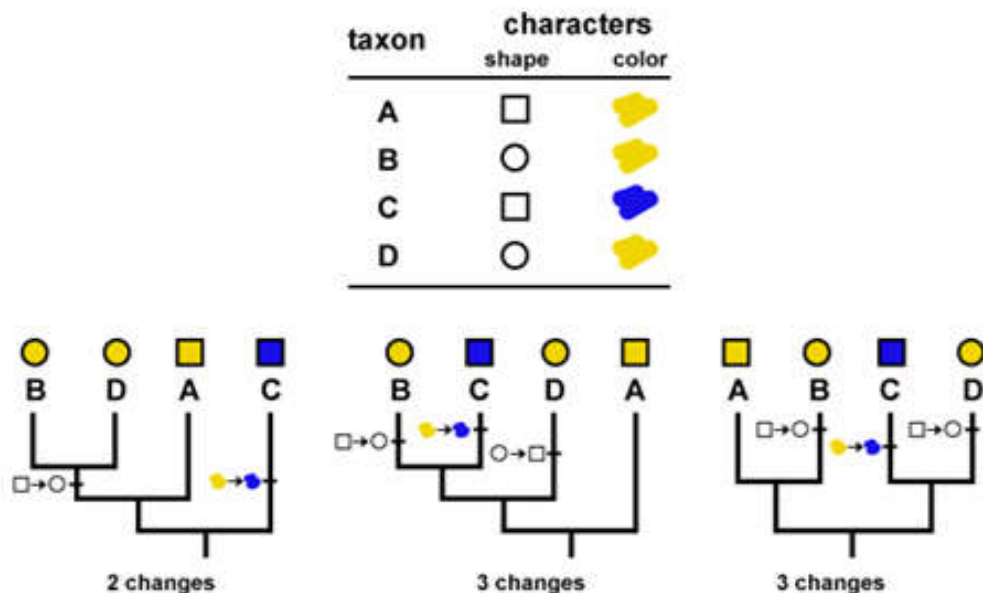
Преимущества	Недостатки
Простые логичные дискретные признаки, легко добываются AGTCCAAGT.....	ДНК не сохраняется у ископаемых
Много признаков ('Big Data')	Сложно обсчитывать, количество и качество – разные вещи
'Ядро' эволюции	Выравнивание, группировка данных, выбор эволюционной модели – сложные вещи требующие глубокого понимания природы ДНК и явлений

Методологический тупик морфологии

Конфликт разных признаков!



Richard Owen
(1804 - 1892)



Willy Hennig
(1913 – 1976)

Критерий экономности (Parsimony criterion)

ДНК – цифровой код: 'просто' и красиво

- **Наблюдения + математика = модели молекулярной эволюции:**

- JC69 (Jukes and Cantor, 1969)
- K80 (Kimura, 1980)
- F81 model (Felsenstein 1981)
- HKY85 (Hasegawa, Kishino & Yano 1985)
- T92 (Tamura 1992)

-!

-

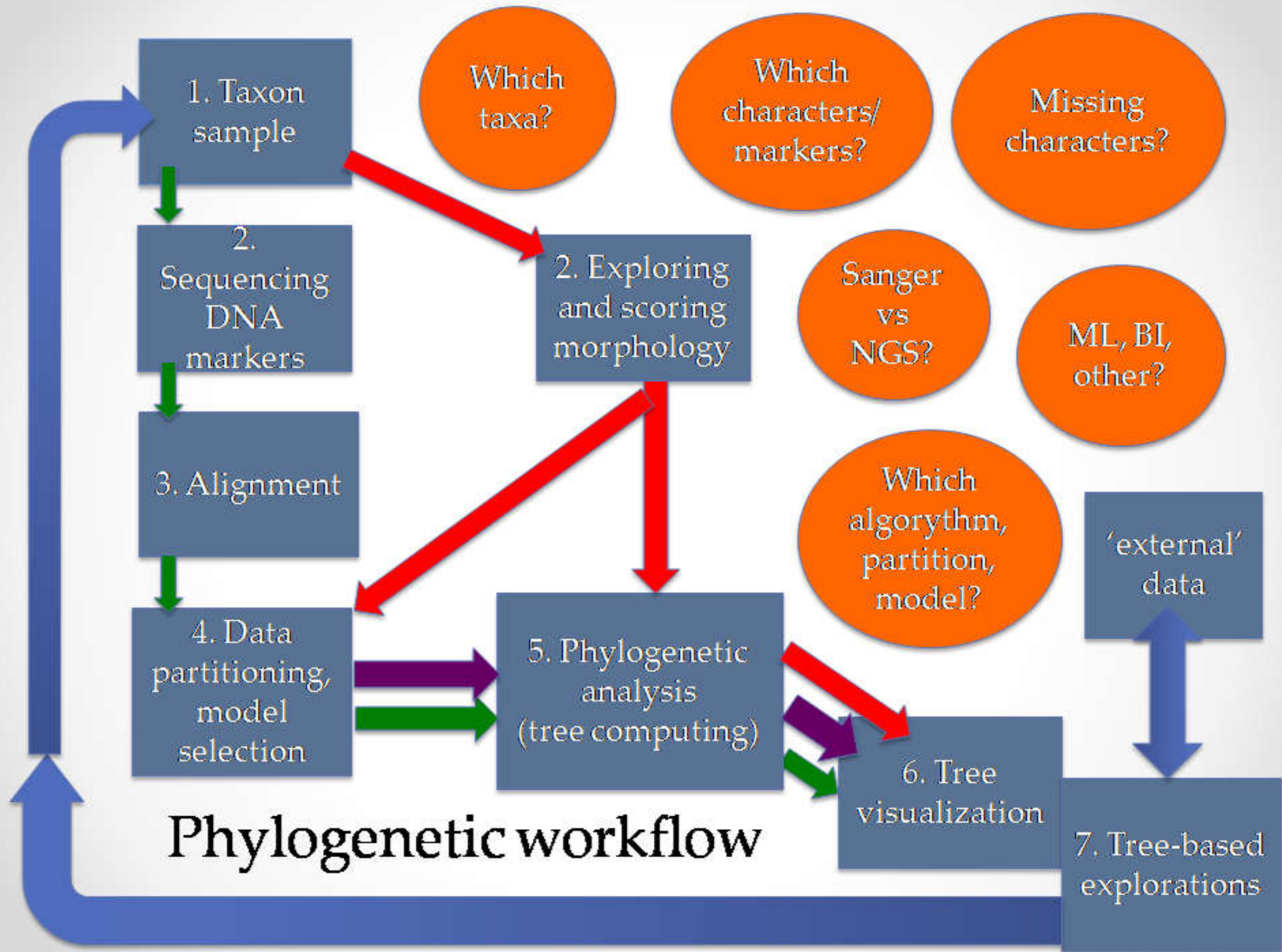
- **Вероятностный подход**

$$P(A | B) = \frac{P(B | A)P(A)}{P(B)}$$

В тренде



**Интеграционная
(комплексная)
филогенетика –
наше будущее!**



Taxon sample

Mesquite



Достаточно репрезентативная,
в том числе внешние группы (outgroups)

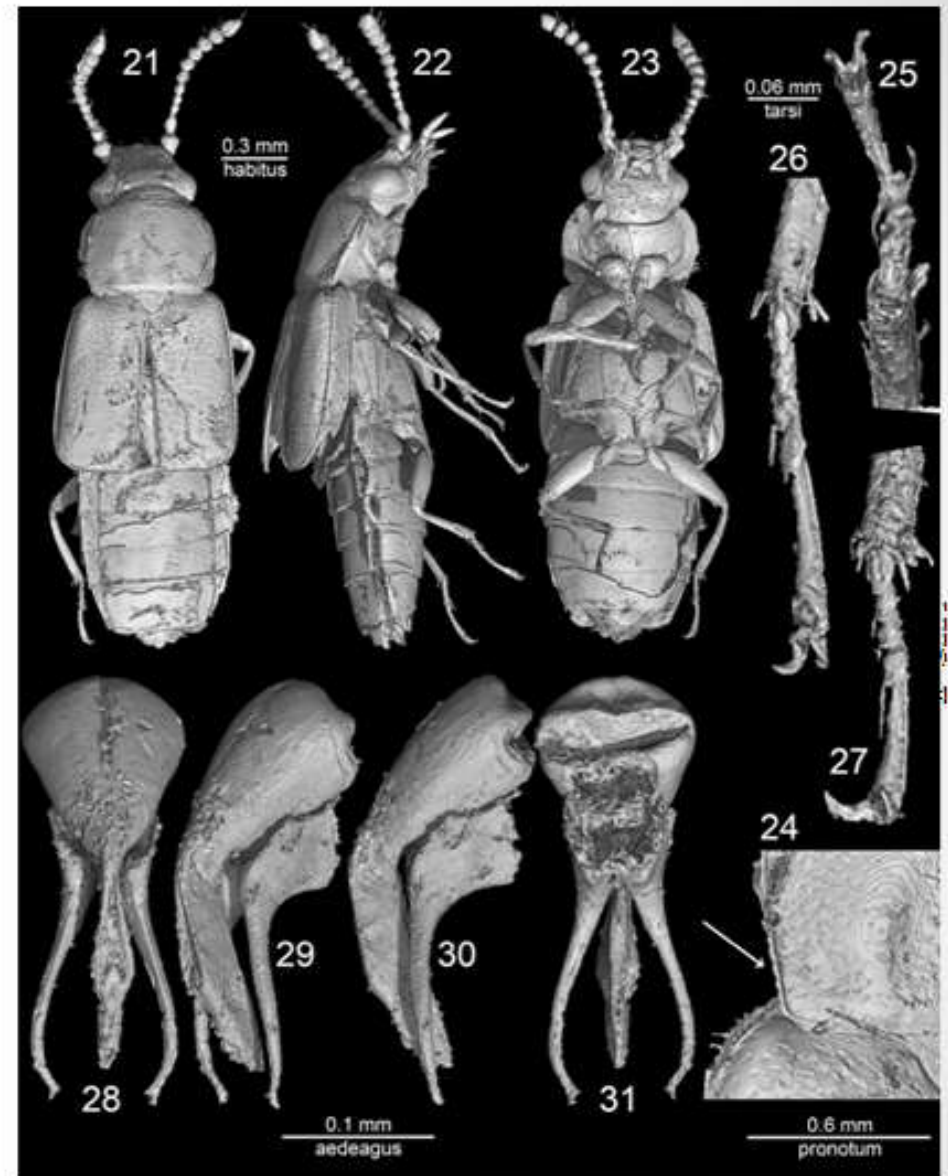
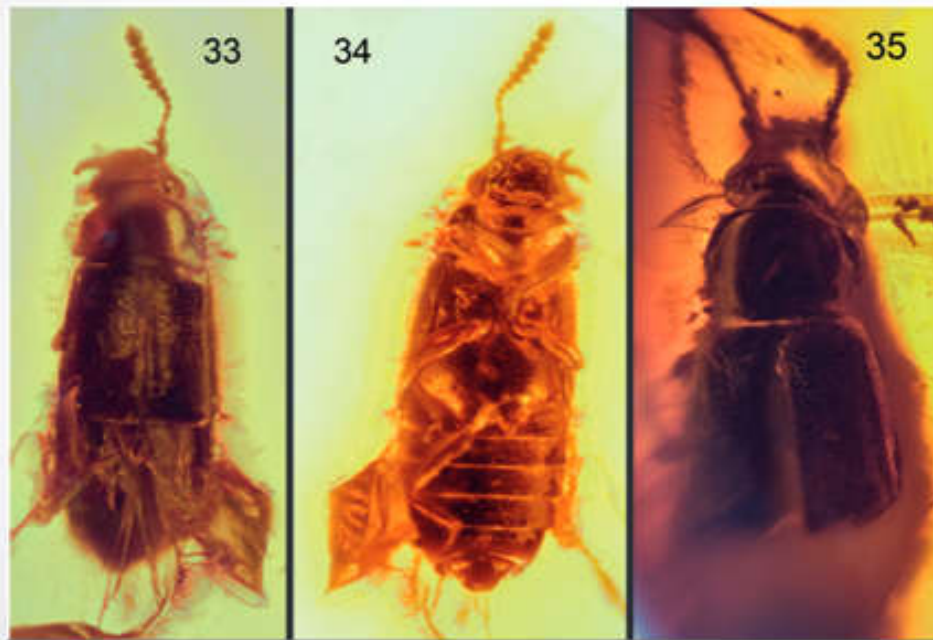
[NGS может победить 'non-DNA grade material']

Ископаемые: берем максимально

'Missing data' не проблема

'Tip dating' лучше чем 'node-dating'

Новые технологии помогают в изучении ископаемых



Zanetti, Perreau & Solodovnikov (2016)

Sequencing
DNA
markers

**Набор маркеров
адекватный задаче**

'Housekeeping genes' (CO1, CO2, 18S, WG, CAD... etc)

Mitochondrial vs nuclear

Mitogenomics

Transcriptomics

Phylogenomics

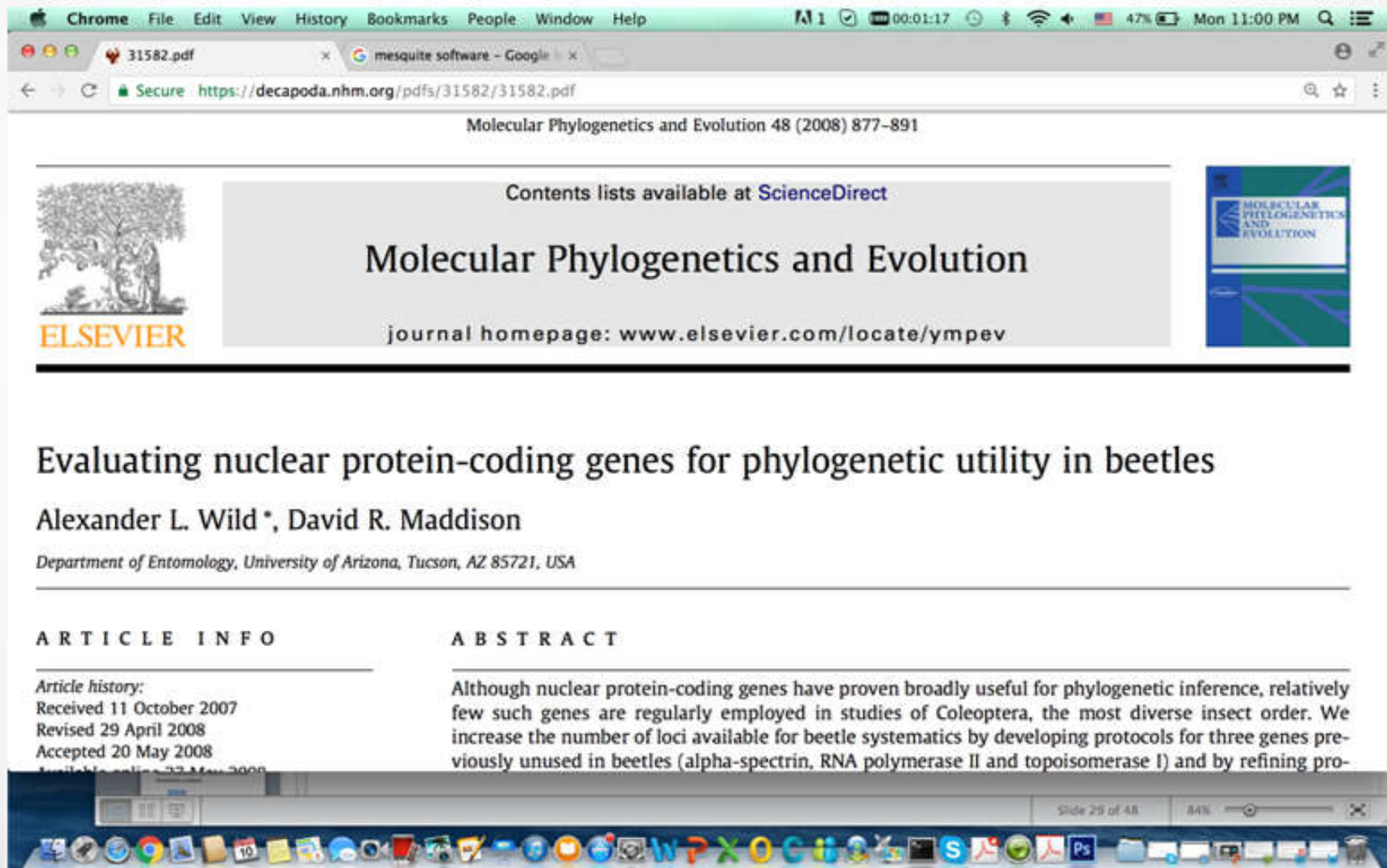
Target capture (enrichment)

Ultraconservative regions

-omics

Big data: много не всегда хорошо!

Необходимость изучения молекулярных признаков



The screenshot shows a Chrome browser window with the URL <https://decapoda.nhm.org/pdfs/31582/31582.pdf>. The page content includes the journal title "Molecular Phylogenetics and Evolution" and the Elsevier logo. The article title is "Evaluating nuclear protein-coding genes for phylogenetic utility in beetles" by Alexander L. Wild and David R. Maddison. The abstract discusses the utility of nuclear protein-coding genes for phylogenetic inference in Coleoptera.


Chrome File Edit View History Bookmarks People Window Help M 1 00:01:17 47% Mon 11:00 PM

31582.pdf mesquite software - Google

Secure <https://decapoda.nhm.org/pdfs/31582/31582.pdf>

Molecular Phylogenetics and Evolution 48 (2008) 877–891


Contents lists available at ScienceDirect



ELSEVIER

Molecular Phylogenetics and Evolution

journal homepage: www.elsevier.com/locate/ympev



MOLLECULAR PHYLOGENETICS AND EVOLUTION

Evaluating nuclear protein-coding genes for phylogenetic utility in beetles

Alexander L. Wild*, David R. Maddison

Department of Entomology, University of Arizona, Tucson, AZ 85721, USA

ARTICLE INFO

Article history:
Received 11 October 2007
Revised 29 April 2008
Accepted 20 May 2008
Available online 27 May 2008

ABSTRACT

Although nuclear protein-coding genes have proven broadly useful for phylogenetic inference, relatively few such genes are regularly employed in studies of Coleoptera, the most diverse insect order. We increase the number of loci available for beetle systematics by developing protocols for three genes previously unused in beetles (alpha-spectrin, RNA polymerase II and topoisomerase I) and by refining pro-

Slide 29 of 48 84%

Taskbar icons: File Explorer, Chrome, Firefox, Word, PowerPoint, Excel, Outlook, Skype, etc.

Используем разные методы (sensitivity analysis)

TreeAlign
ClustalW
MALIGN
GeneDoc
DAMBE
POY
ALIGN
DNASIS
FootPrinter
ALIFRITZ
T-Coffee
ArboDraw
BAli-Phy
Geneious
BIRCH
MAFFT
LOBSTER
DART
MUSCLE
Bosque
EMBOSS
SeaView



alignment

Data
partitioning,
model
selection



Modeltest
MrMTgui
MrModeltest
Porn*
ModelGenerat
or
ProtTest
MrAIC
Modelfit
DT-ModSel
BayesTraits
Kakusan4
MAPPS
DART
Concaterpillar
Statio
jMODELTEST

Полная повторяемость

Phylogenetic analysis (tree computing)



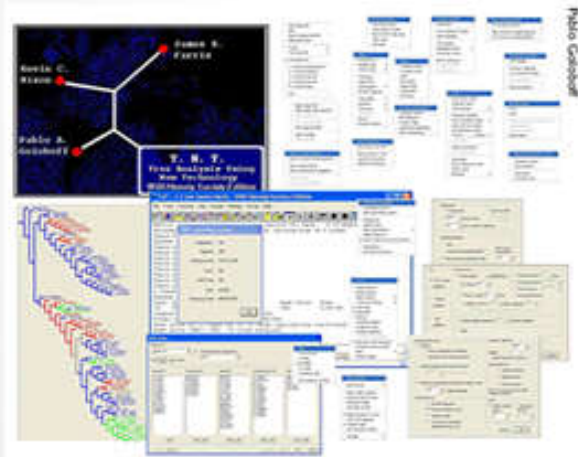
Mr Bayes
Bayesian Inference
of Phylogeny

www.revbayes.com

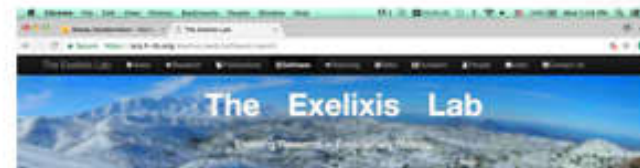


BEAST

Bayesian evolutionary analysis by sampling trees



**TNT: Tree analysis
using New Technology**



RAxML

RAxML - Randomized Axelerated Maximum Likelihood



**Randomized Axelerated Maximum
Likelihood**

Киберинфраструктура

Chrome File Edit View History Bookmarks People Window Help
Alexey Solodovnikov - Outlook x beast software - Google leiti x Portal | CIPRES x Home Feed - ResearchGate x
www.phylo.org/index.php/



Cyberinfrastructure for
Phylogenetic Research



Home

About

Help

Links

News

Home -

Submissions are working normally

- > Codes
- > Requirements
- > Limitations
- > Architecture
- > Known Issues
- > Usage Statistics
- > User Locations
- > Survey Results
- > Publications

The CIPRES Science Gateway V. 3.3

The CIPRES Science Gateway [V. 3.3](#) is a public resource for inference of large phylogenetic trees. It is designed to provide all researchers with access to NSF [XSEDE](#)'s large computational resources through a simple browser interface. **You can now also access these same capabilities programatically with the [CIPRES REST API](#).**

High Performance Parallel Codes for Large Tree Inference and Sequence Alignment on XSEDE:
[RAxML](#); [MrBayes](#); [BEAST](#); [BEAST2](#); [GARLI](#); [MAFFT](#); [DPPDIV](#); [FastTree](#); [ModelTest2](#); [PAUP](#); [ParallelStructure](#); [PartitionFinder2](#); and [Migrate-N](#). *If you need access to [PhyloBayes](#), please inquire.*

Serial Codes for Tree Inference:
[PAUP*](#) (Inference by Parsimony); [Poy](#) (Alignment and Inference);

Serial Codes for Sequence Alignment:
[ClustalW](#); [Contraalign](#); [MUSCLE](#); [PROBCONS](#); [PROBALIGN](#)

[▶ Use the CIPRES Science Gateway](#)

News

[Partitionfinder2 now available!](#)

June 08, 2017 - 6:19 am

[CIPRES input file editing now available!](#)

June 01, 2017 - 10:52 am

Locations of last 1000 users

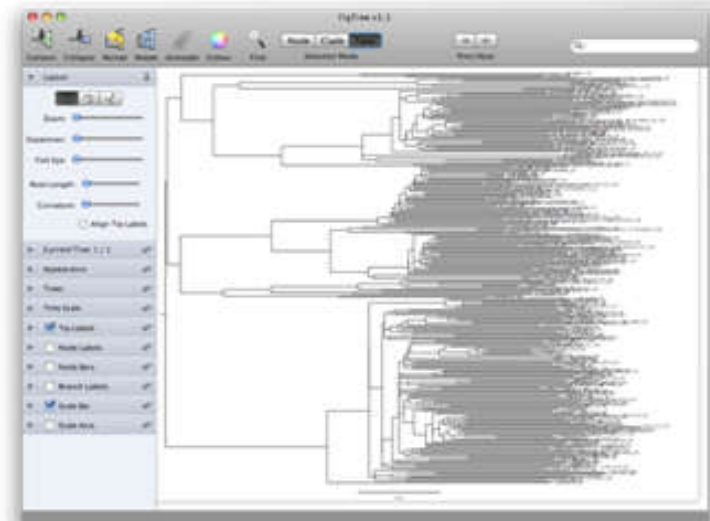


Click to enable Adobe Flash Player

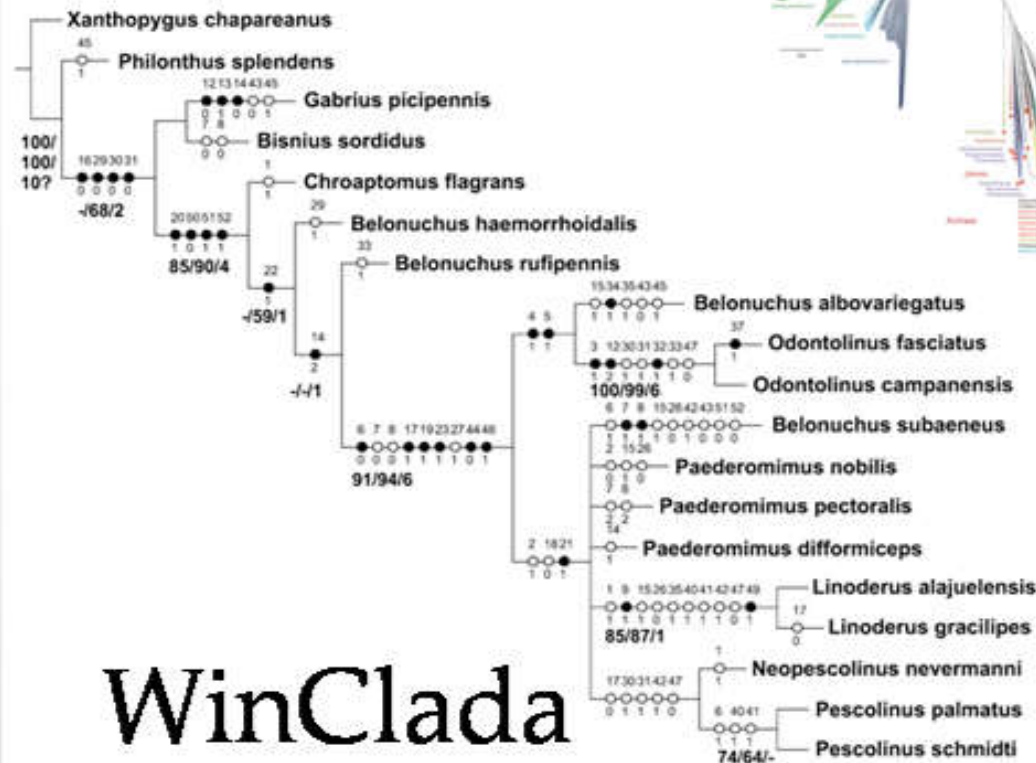
Slide 32 of 51 84%

Tree visualization

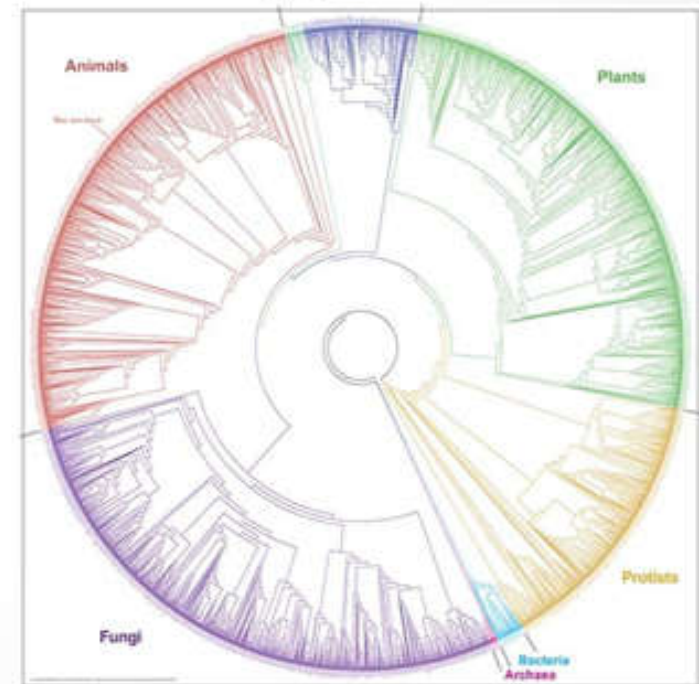
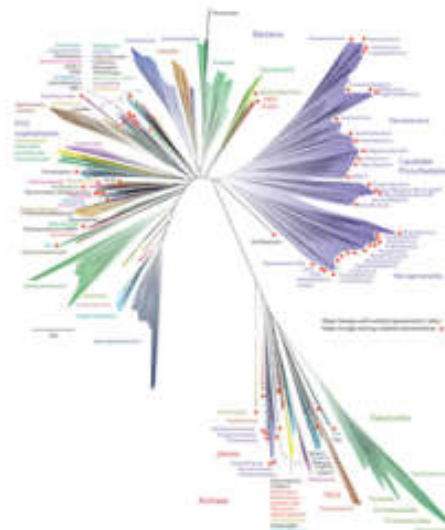
>60 компьютерных программ

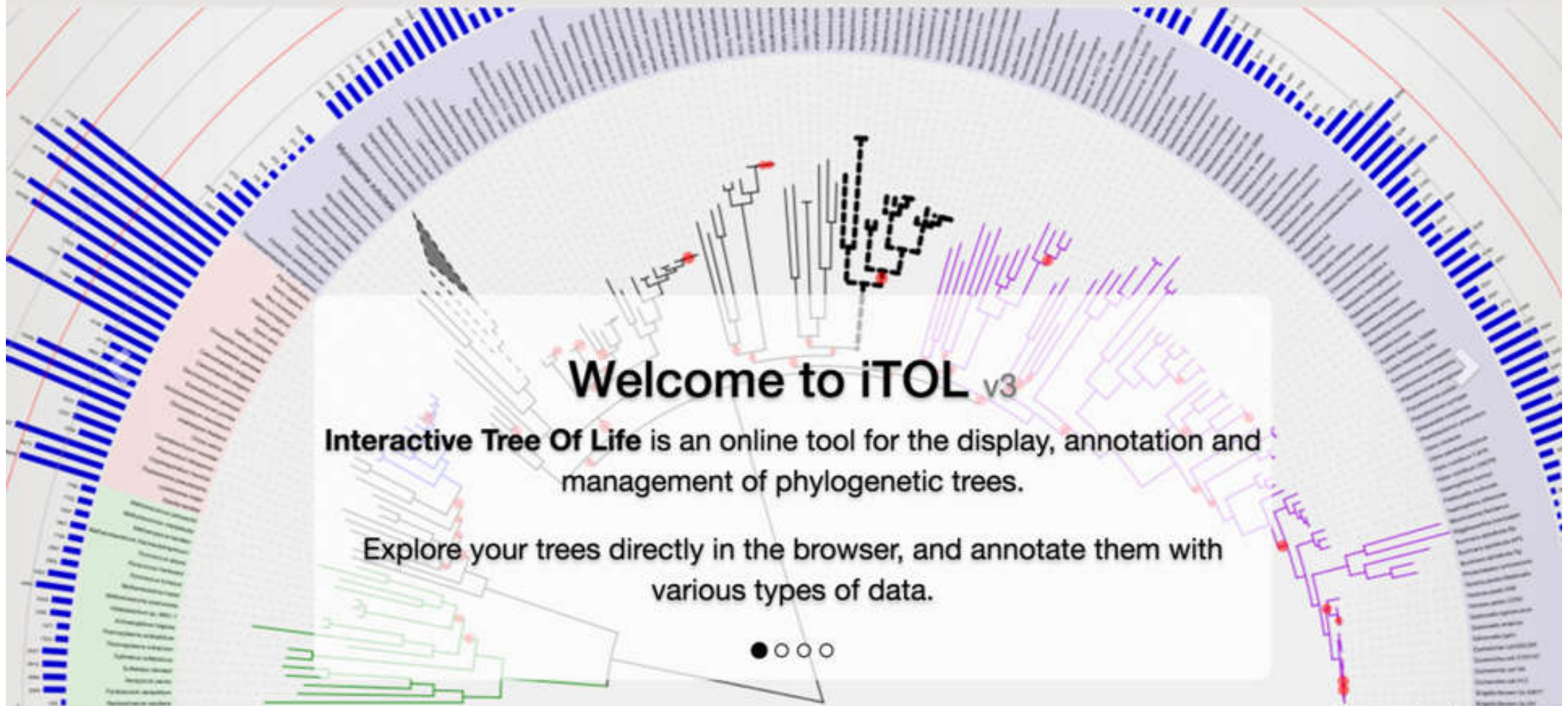


FigTree



WinClada





Current changelog: version 3

Tree-based
explorations

Здесь начинается
филогенетический
анализ!

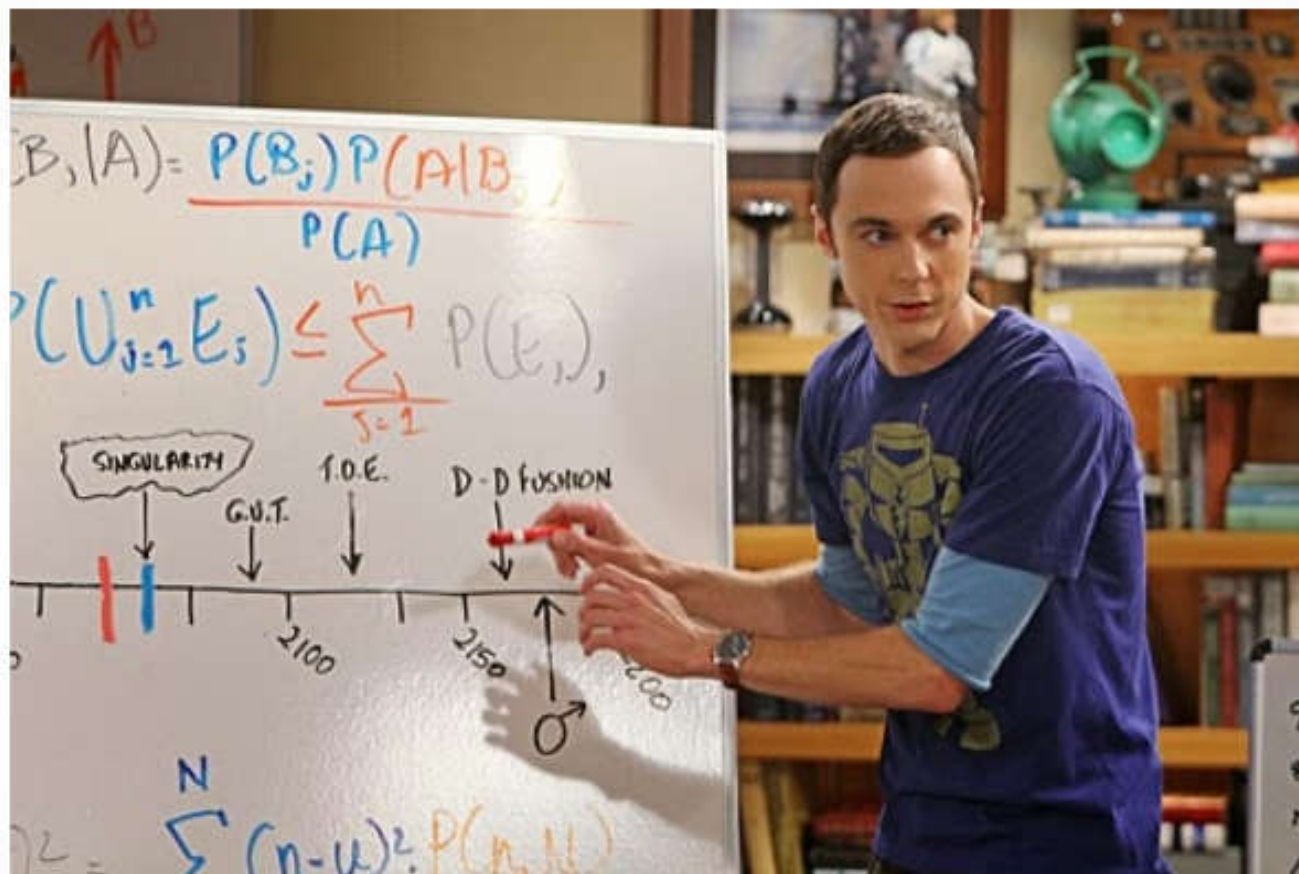
Датировка филогений

Биогеографический анализ

'Diversification/extinction rates' анализ

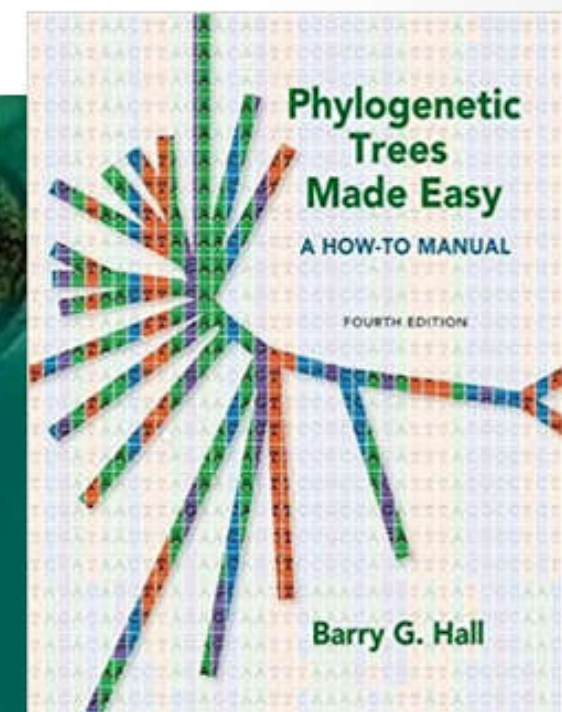
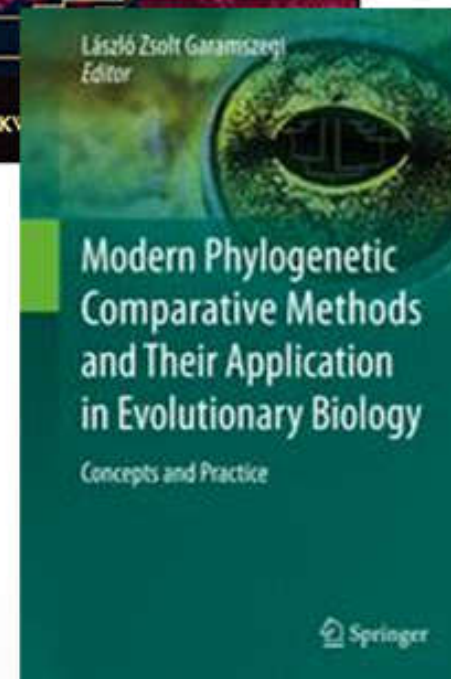
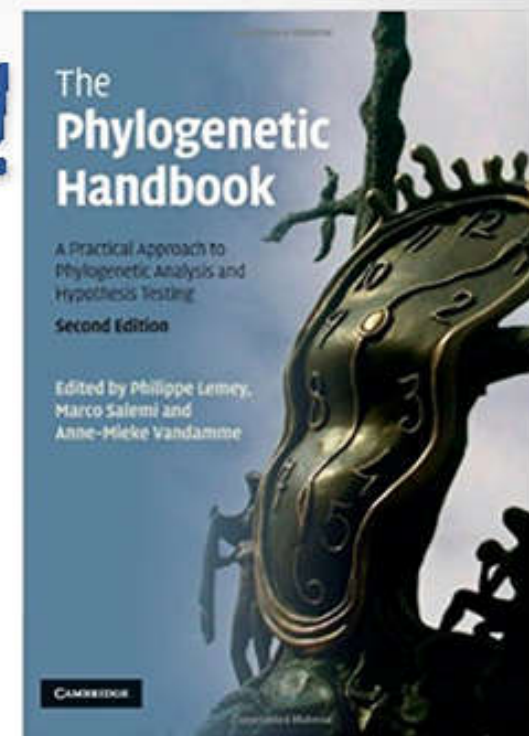
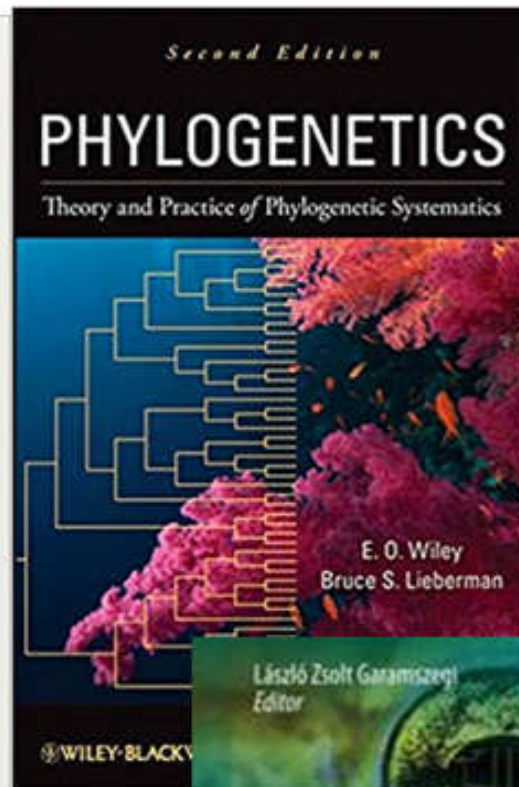
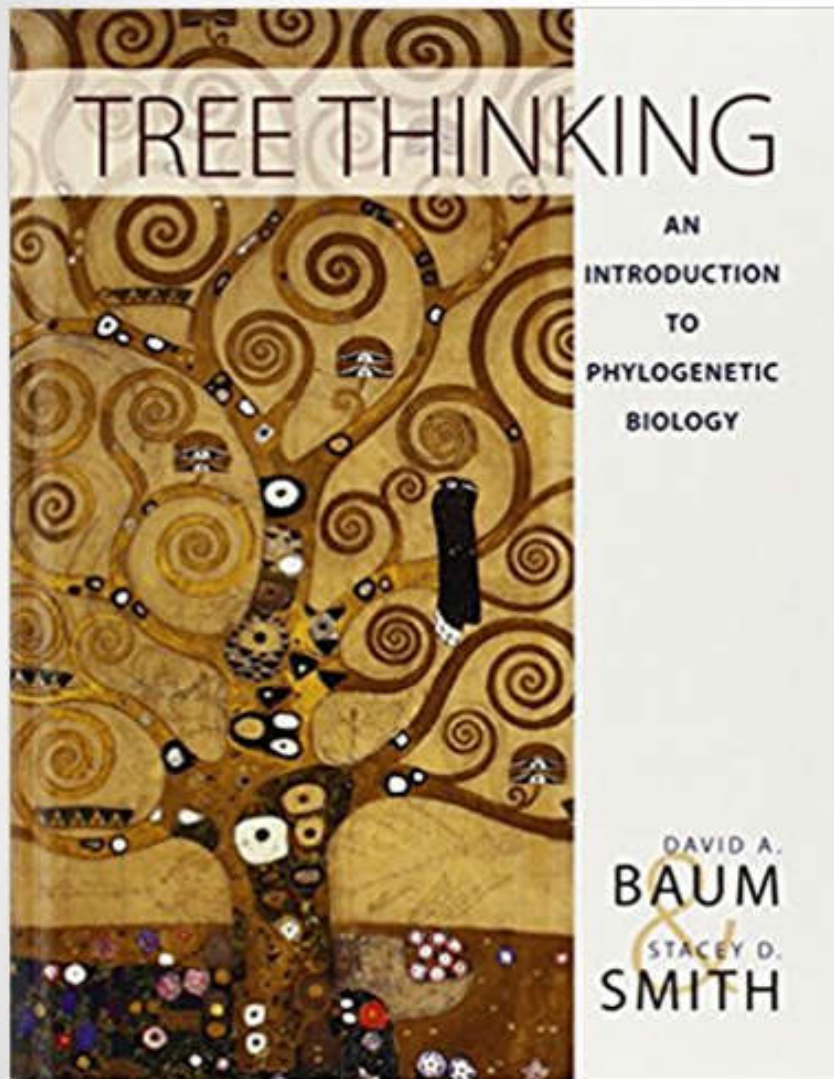
'Trait evolution' анализ

КОЭВОЛЮЦИЯ



Совместные проекты!

Учебники – их нет!



И.Я. Павлинов

**ВВЕДЕНИЕ В
СОВРЕМЕННУЮ
ФИЛОГЕНЕТИКУ**

ozon.ru

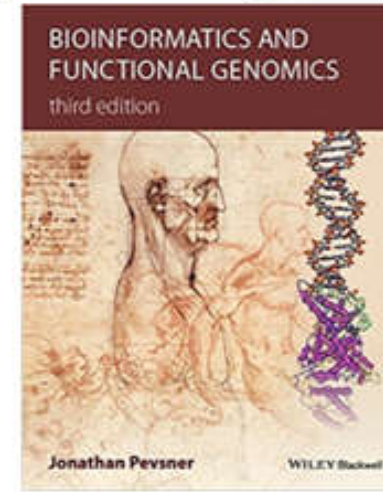
Курсы и прочее

- <https://www.ebi.ac.uk/training/online/course/introduction-phylogenetics>
- <http://www.phylometh.org/syllabus/>
- <http://treethinkers.org/tutorials/divergence-time-estimation-using-beast/>
- <http://phyloseminar.org/recorded.html>
- **очень много!**
 - <http://phylogenetics.ru>

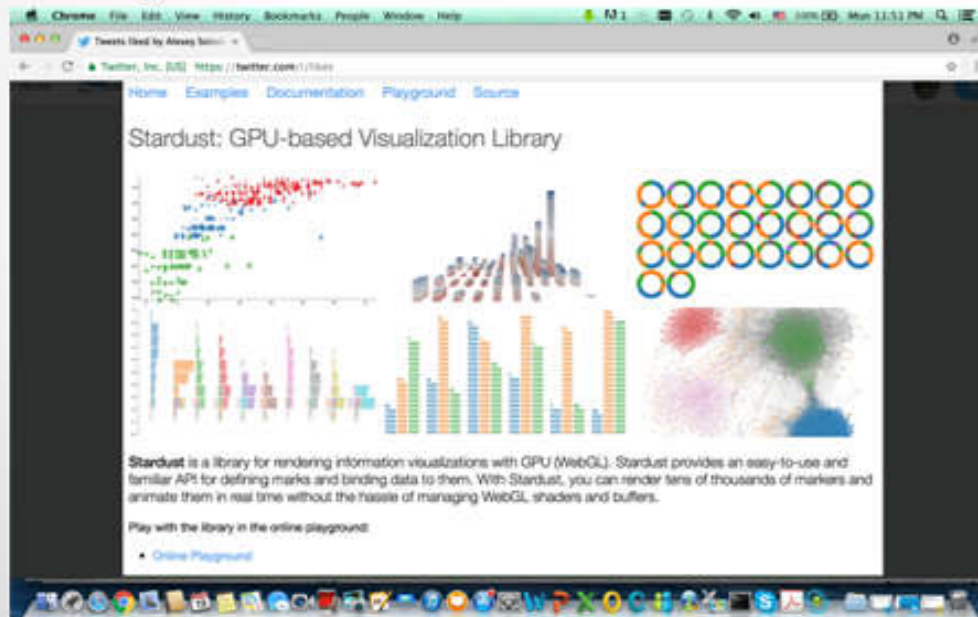
**Все компьютерные программы
для филогенетики здесь**

<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html>

Биоинформатика



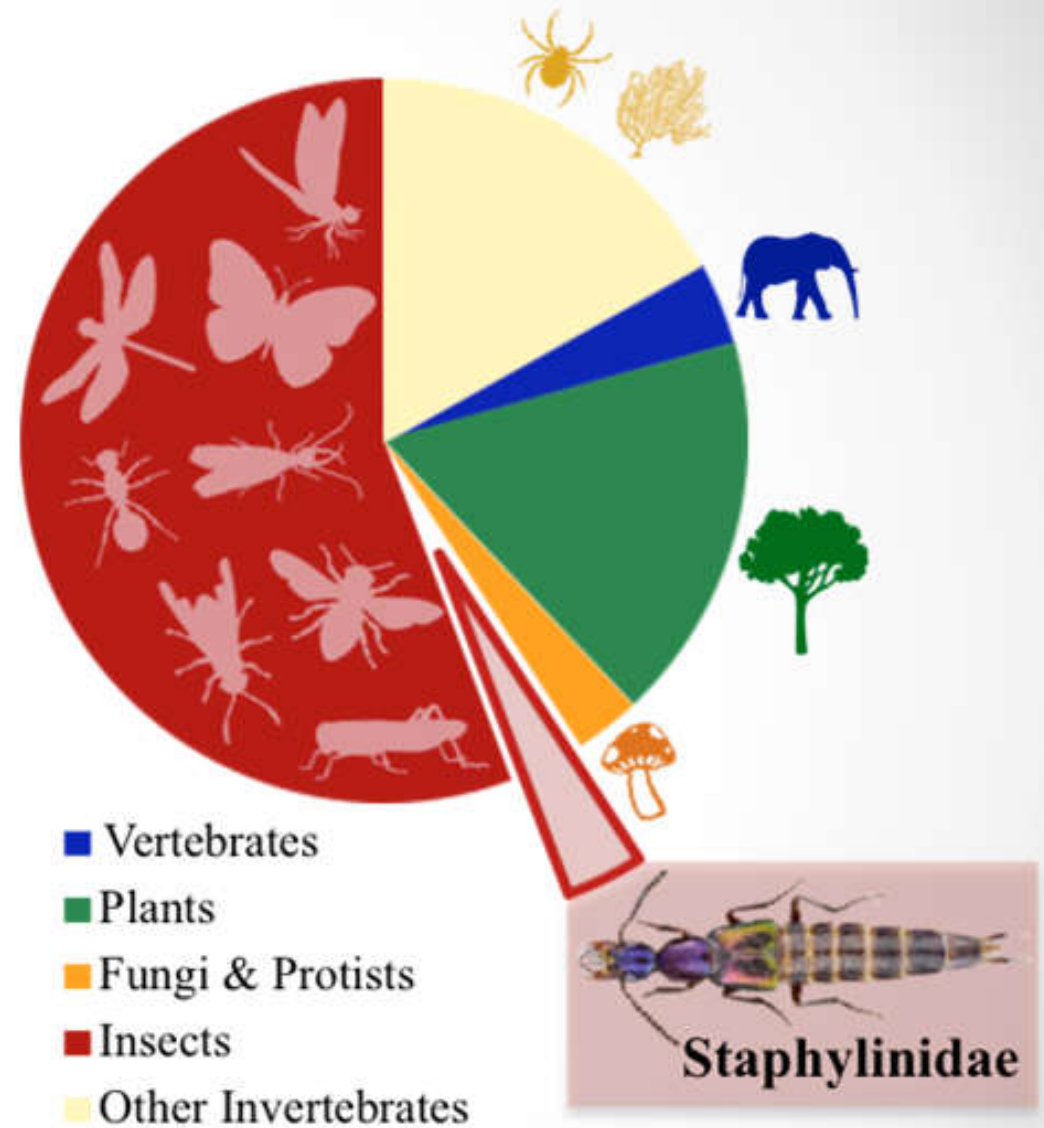
Визуализация данных



Программирование



Изучайте насекомых!



Спасибо за внимание!

www.solodovnikovlab.com

