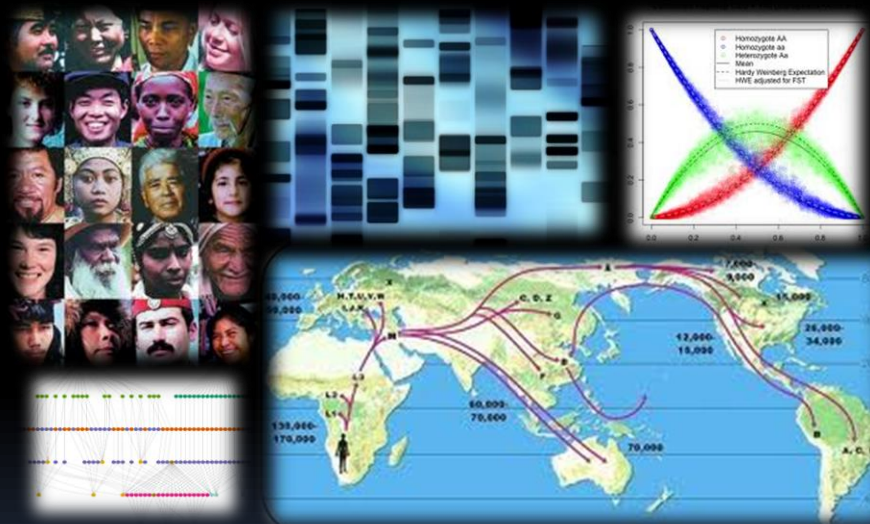




Εθνικό & Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών
Τμήμα Βιολογίας
Τομέας Γενετικής & Βιοτεχνολογίας

ΜΑΘΗΜΑ: Εξέλιξη
Κεφάλαιο: Φυλογένεση



Βασίλης Ν. Κουβέλης
Αναπληρωτής Καθηγητής



Πλάνο

- ✓ Γενικά: τι είναι φυλογένεση
 - που χρησιμοποιείται
 - πως δημιουργείται ένα δένδρο
 - τι σημαίνει και τι συμπεράσματα εξάγουμε
- ✓ Ποια στάδια χρειάζεται
 - τι ερώτημα θέτουμε
 - τι εργαλεία έχουμε
 - πως θα επιλέξουμε
- ✓ Εφαρμογή
- ✓ Έμφαση θα δοθεί σε μικροοργανισμούς (βακτήρια – μύκητες)

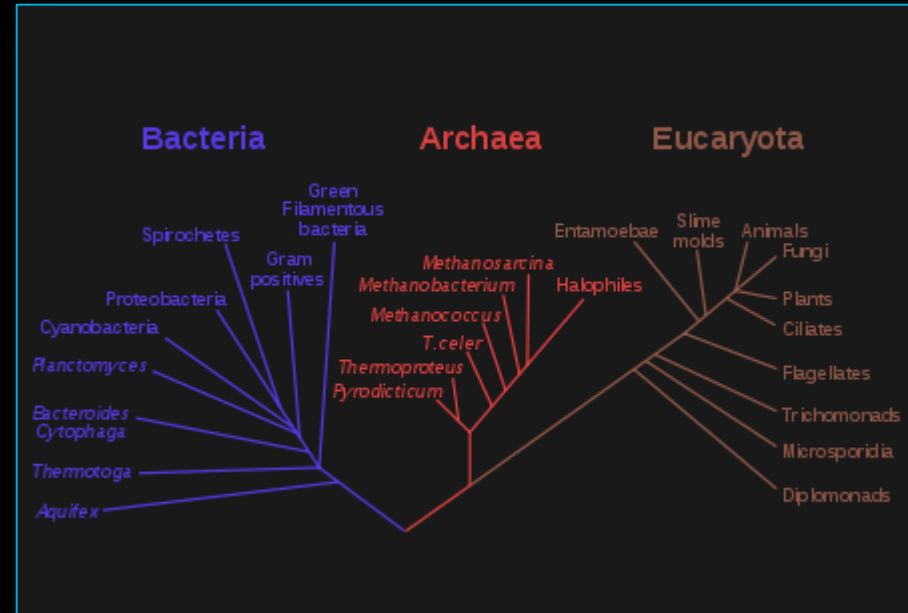


Ορισμός

✓ η μελέτη των εξελικτικών σχέσεων μεταξύ ομάδων οργανισμών (ειδών, γενών, τάξεων, φύλων κ.λπ)

Μπορεί να στηρίζεται:

1. Σε μήτρα (matrix) μορφολογικών χαρακτηριστικών
2. Σε μήτρα βιοχημικών δεδομένων
3. Σε μήτρα μοριακών δεδομένων (αλληλουχίες γονιδίων)



✓ Κοινά στοιχεία με τη Ταξινόμική, αλλά διακριτοί κλάδοι της Επιστήμης [π.χ. η μεθοδολογία της κλαδιστικής με τα συναπόμορφα χαρακτηριστικά χρησιμοποιείται για να κάνουμε κλαδογράμματα και να οριοθετήσουμε taxa (κλαδιά)].



✓ Εξέλιξη και Γονιδιωματική και Ταξινομική

NEWS & VIEWS

doi:10.1038/nature15638

EVOLUTION

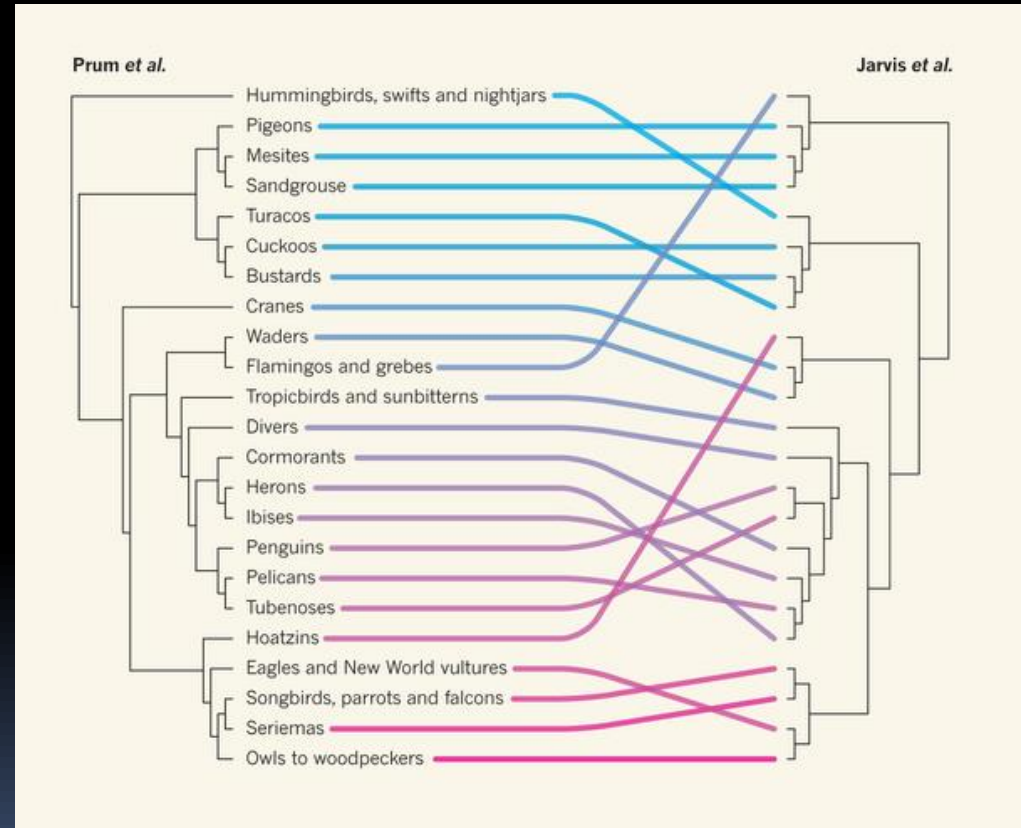
An avian explosion

The genome sequences of 198 bird species provide an unprecedented combination of breadth and depth of data, and allow the most robust resolution so far of the early evolutionary relationships of modern birds.

GAVIN H. THOMAS

(such as ostriches and kiwis), Galliformes

Nature (2015) - doi:
10.1038/nature15638





✓ Εξέλιξη και Οικολογία και Βιοποικιλότητα

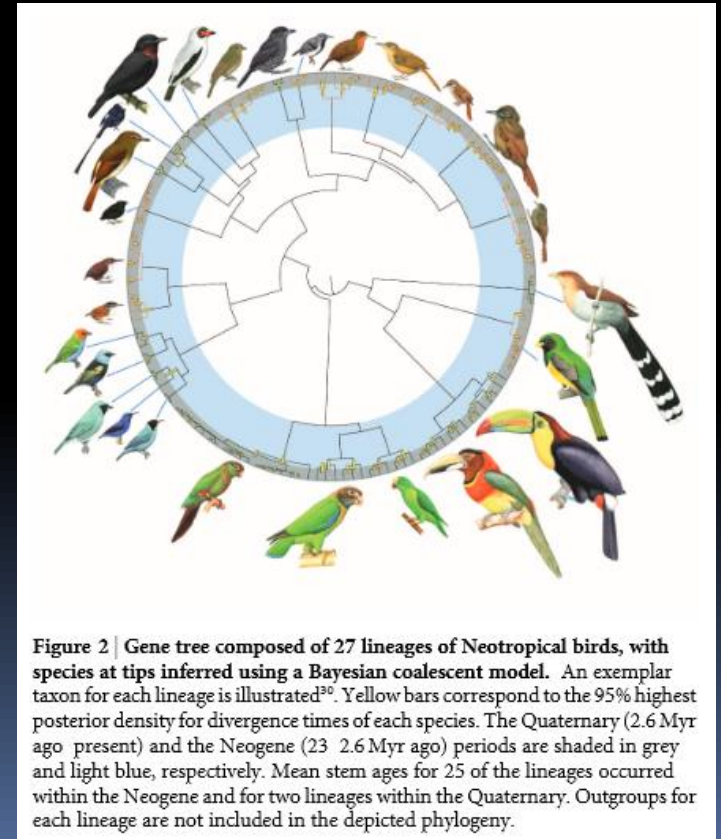
LETTER

doi:10.1038/nature13687

The drivers of tropical speciation

Brian Tilston Smith^{1,2*}, John E. McCormack^{1†}, Andrés M. Cuervo^{1,3†}, Michael J. Hickerson^{4,5}, Alexandre Aleixo⁶, Carlos Daniel Cadena⁷, Jorge Pérez Emán^{8,9}, Curtis W. Burney^{1,3†}, Xiaou Xie⁴, Michael G. Harvey^{1,3}, Brant C. Faircloth^{10†}, Travis C. Glenn¹¹, Elizabeth P. Derryberry^{1†}, Jesse Prejean^{1,3}, Samantha Fields^{1,3} & Robb T. Brumfield^{1,3*}

Nature (2014) 515: 406–409





✓ Εξέλιξη και Βιογεωγραφία

BIOGEOGRAPHY

Horned dinosaurs venture abroad

Xing Xu

The discovery in Europe of fossils of a small horned dinosaur, a member of a group previously known only from Asia and North America, will prompt a rethink of biogeography at that time in the past.

Nature (2010) 465: 431-432

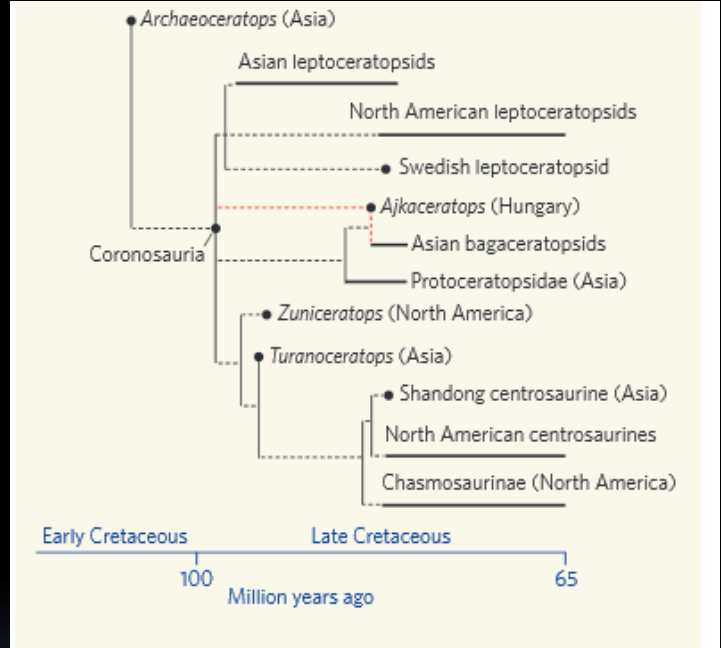


Figure 1 | Coronosaurian horned dinosaurs in time and space. This evolutionary tree has been compiled and simplified from several phylogenetic analyses, and includes *Ajkaceratops*, newly described by Ōsi and colleagues¹. Solid bars and circles refer to known temporal durations, and dashed lines to inferred ranges. The authors favour the view that the presence of fossils of *Ajkaceratops* in modern-day Hungary, and of a leptoceratopsid horned dinosaur in Sweden, resulted from two separate dispersal events from Asia to Europe during the Late Cretaceous. But because of uncertainties in the relationships of these taxa to other coronosaurian horned dinosaurs, the possibility of dispersal from North America to Europe cannot be excluded.



✓ Εξέλιξη και Γενετική και Περιβαλλοντική Μικροβιολογία

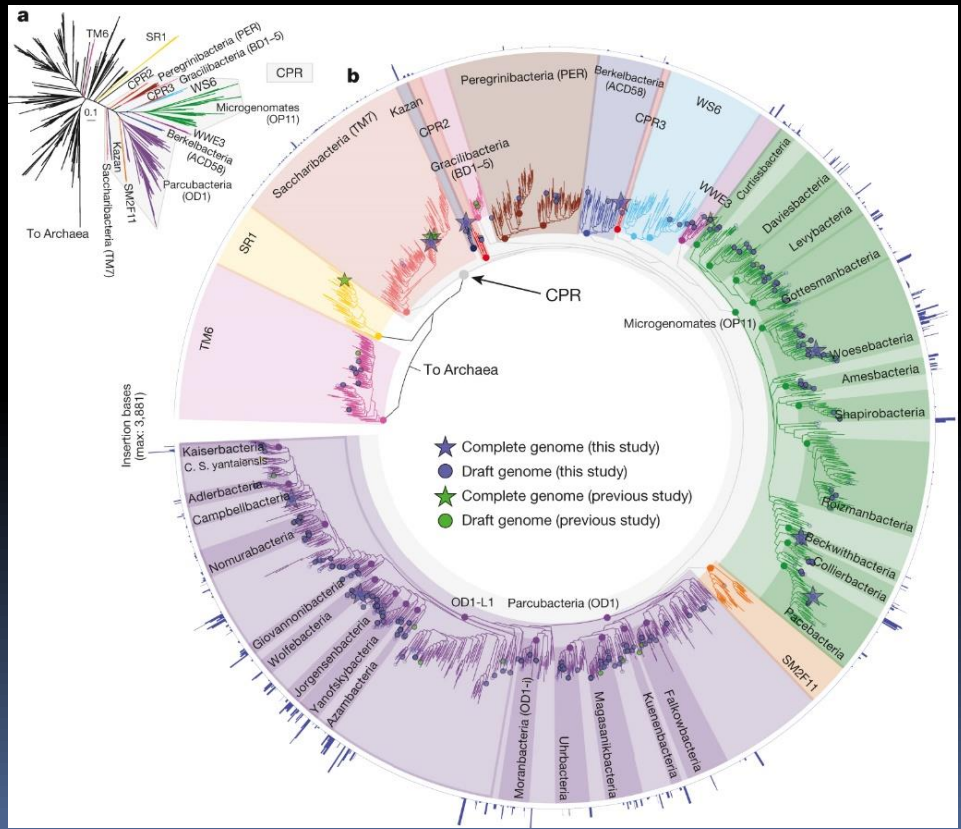
LETTER

doi:10.1038/nature14486

Unusual biology across a group comprising more than 15% of domain Bacteria

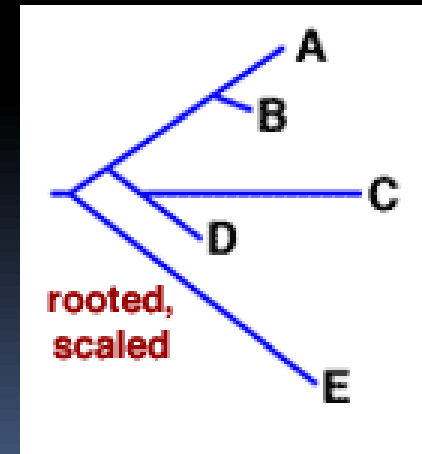
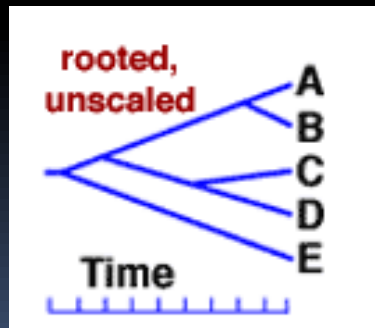
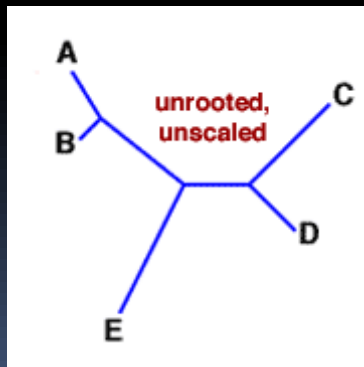
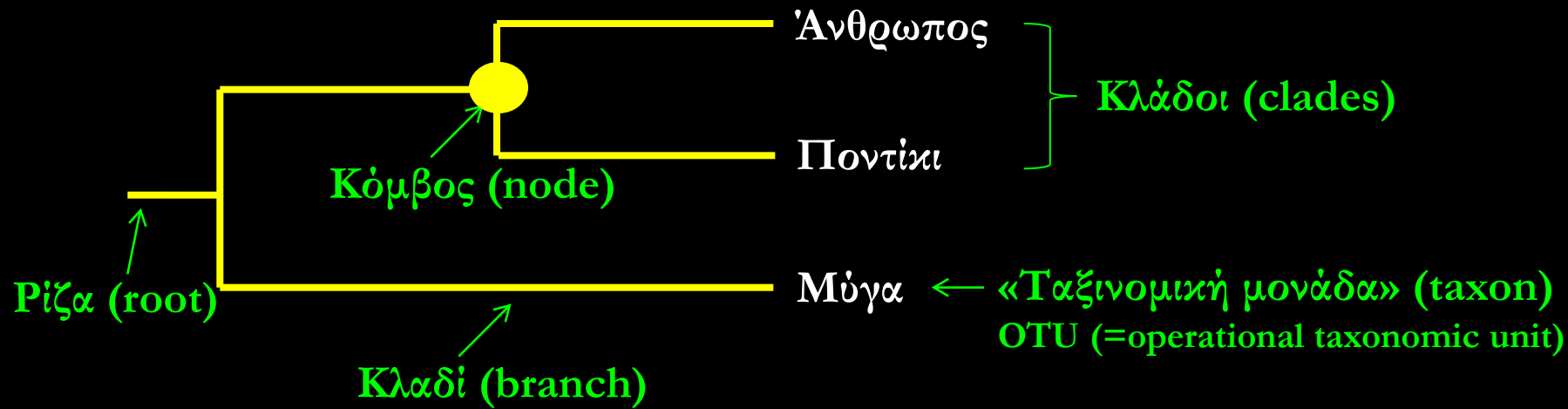
Christopher T. Brown¹, Laura A. Hug², Brian C. Thomas², Itai Sharon², Cindy J. Castelle², Andrea Singh², Michael J. Wilkins^{3,4}, Kelly C. Wrighton⁴, Kenneth H. Williams⁵ & Jillian F. Banfield^{2,5,6}

Nature (2015) 523: 208-211





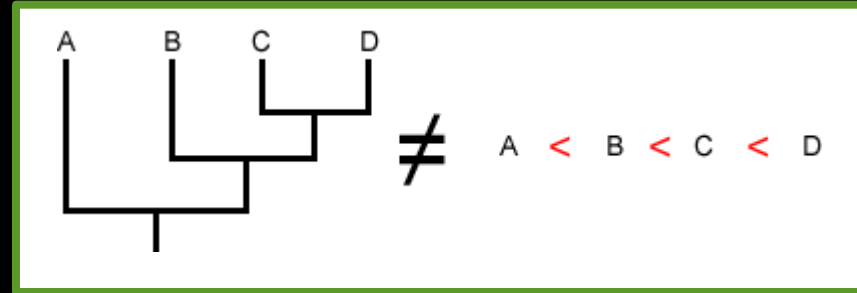
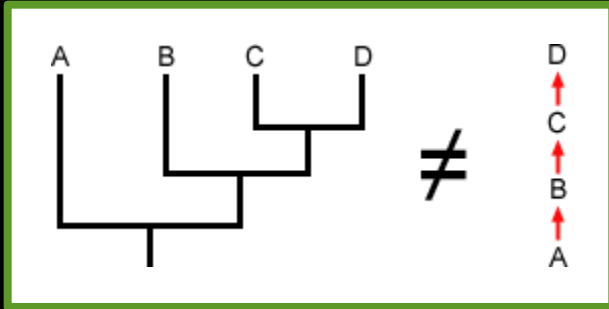
- ❖ Τι σημαίνει ένα δένδρο;
- ❖ Ένα δένδρο αποτελείται από κλαδιά (branches) και κόμβους (nodes)



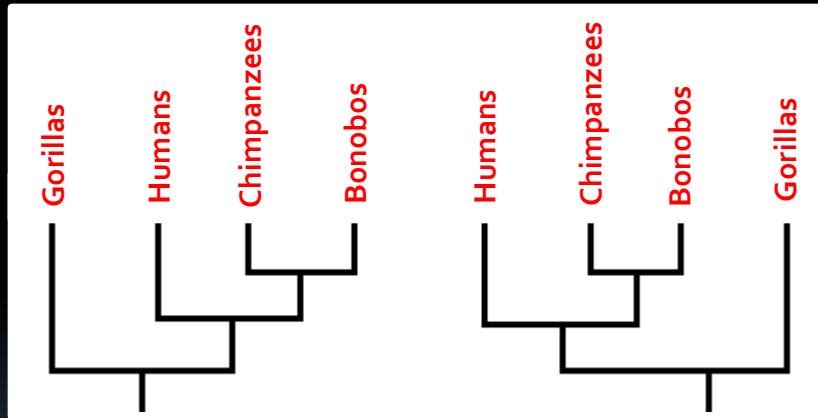


ΦΥΛΟΓΕΝΕΤΙΚΟ ΔΕΝΔΡΟ

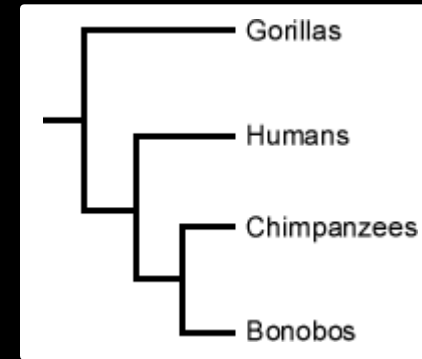
Ορισμοί - Χαρακτηριστικά



❖ Δεν δείχνουν σειρά ή «μεγαλύτερη εξέλιξη»



❖ Τα δύο δένδρα είναι ίδια;



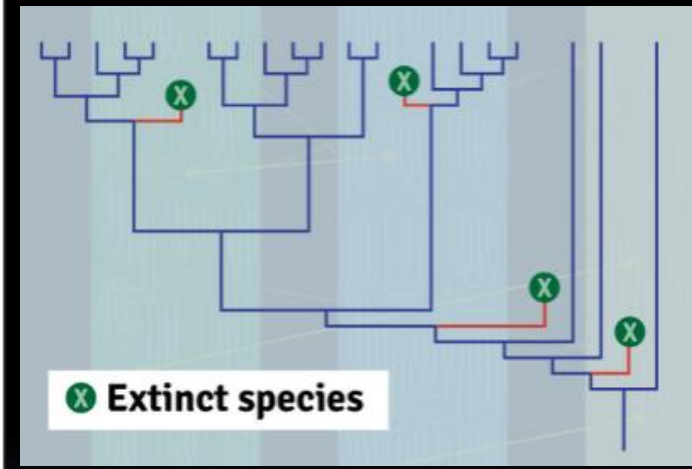
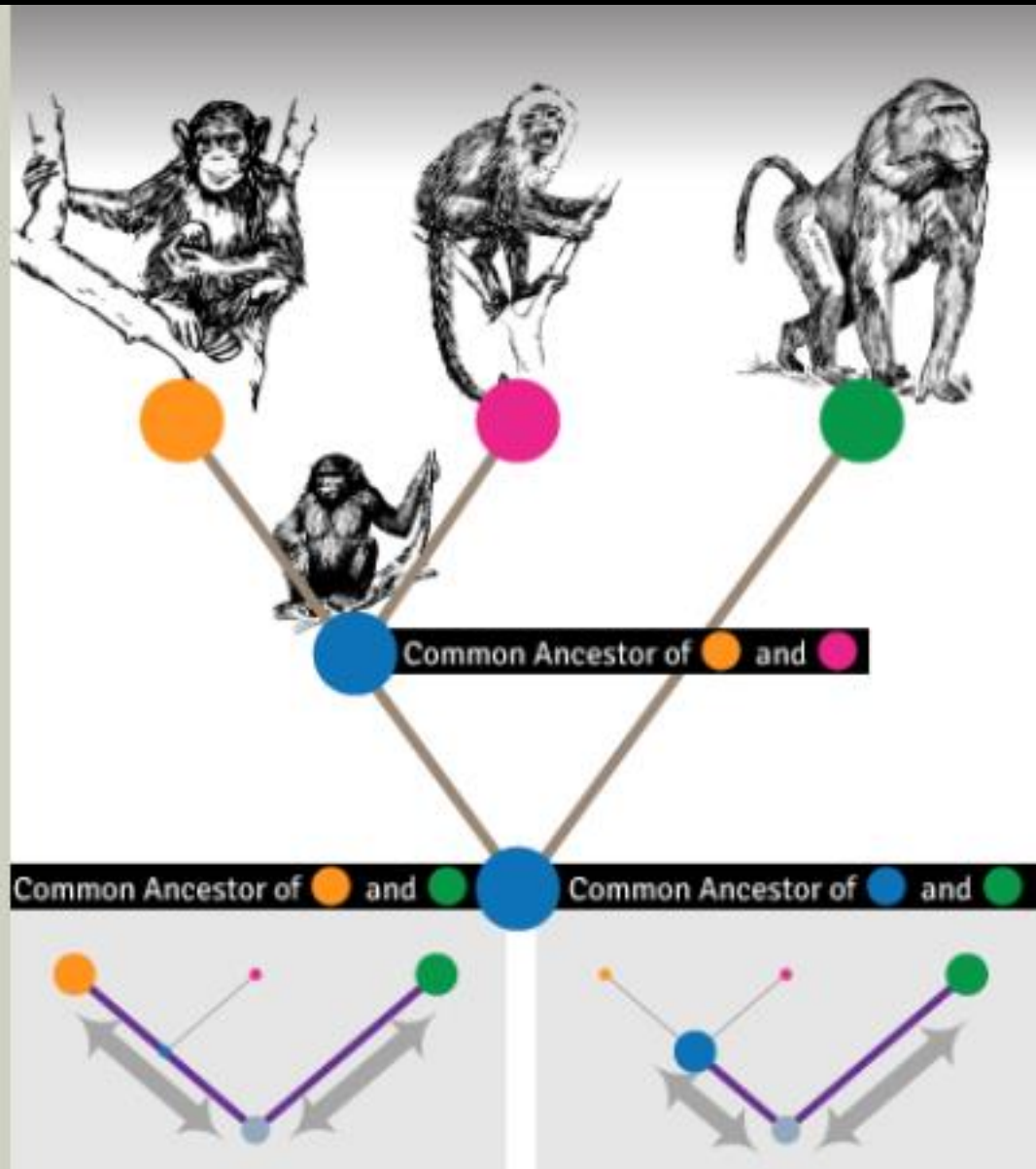
❖ Ο άνθρωπος έχει προέλθει από το χιμπαντζή ή το γορίλλα;

❖ Ο άνθρωπος είναι πιο εξελιγμένος από το γορίλλα ή το χιμπαντζή;



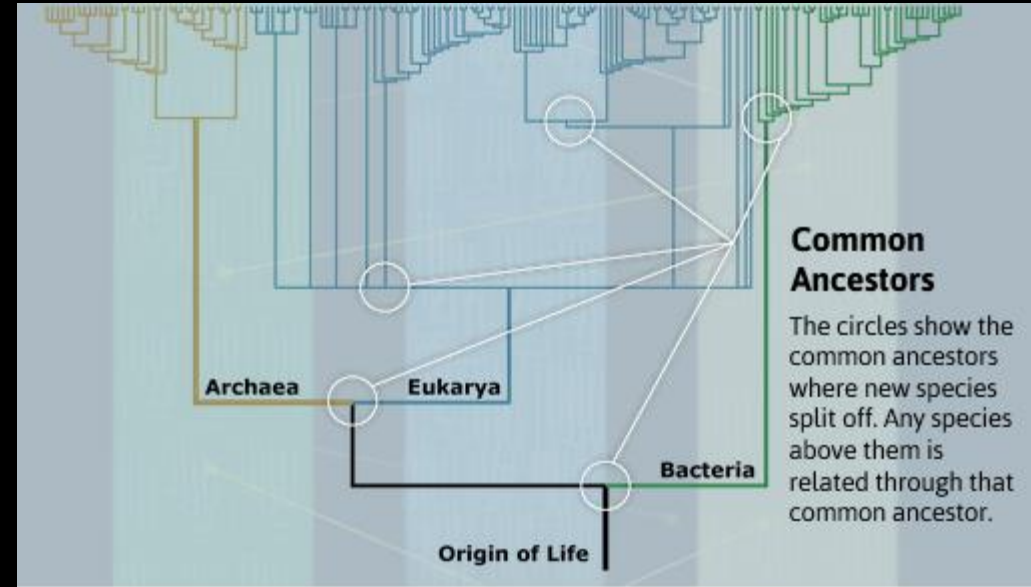
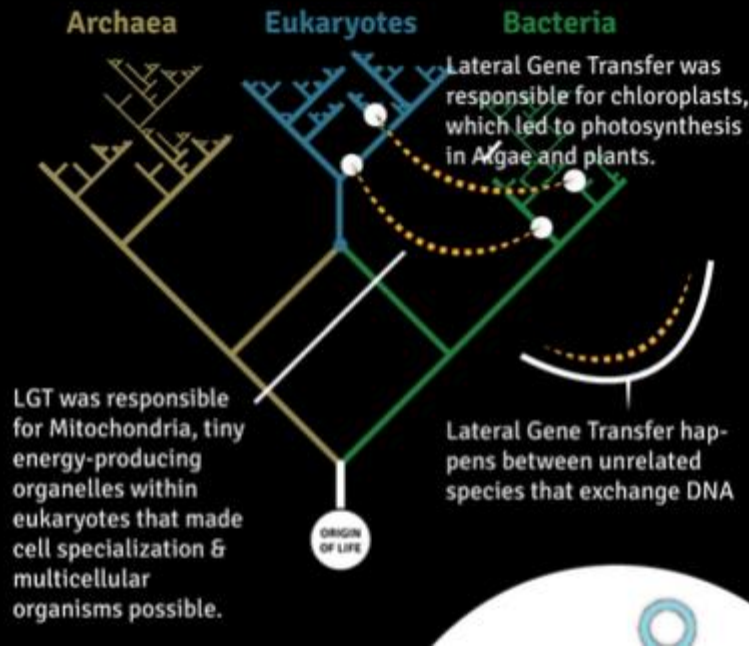
ΦΥΛΟΓΕΝΕΤΙΚΟ ΔΕΝΔΡΟ

Ορισμοί - Χαρακτηριστικά





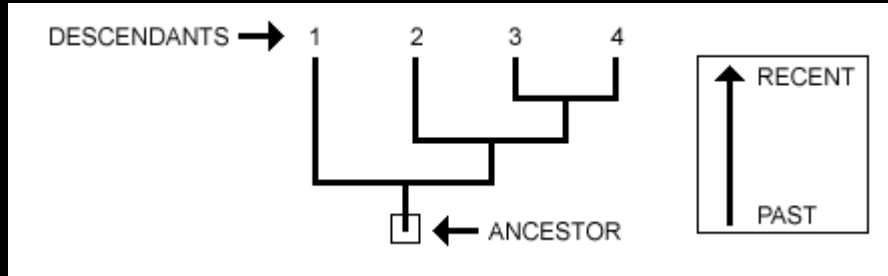
❖ Πως επηρεάζεται ένα δένδρο;



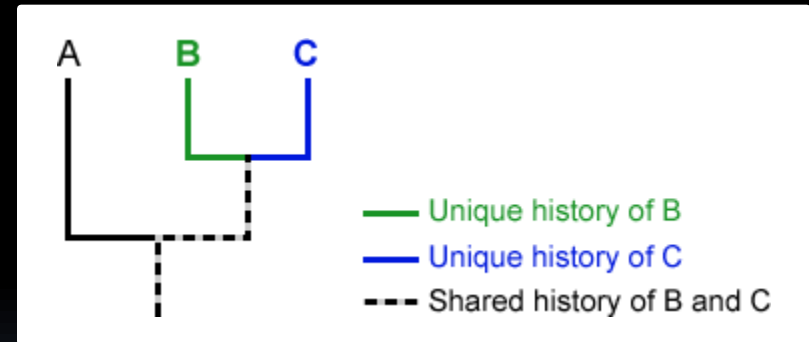
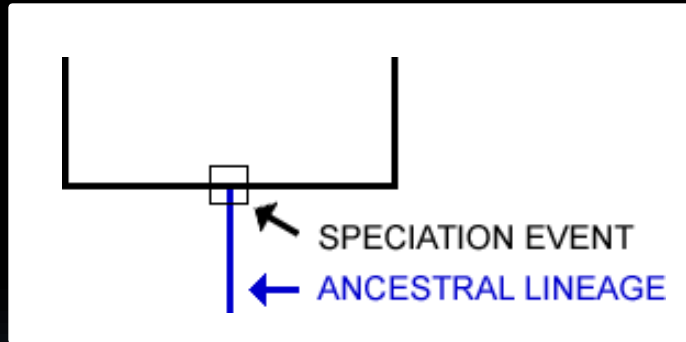
- ❖ Υπάρχει η «οριζόντια μεταφορά γονιδίων» (**Horizontal / Lateral Gene Transfer**) που περιπλέκει τη στενή εικόνα του δένδρου ΑΛΛΑ αποτελεί καίριο τμήμα της Εξέλιξης των οργανισμών.
- ❖ Υπάρχει η «γενετική παρέκκλιση» (**Genetic Drift**)



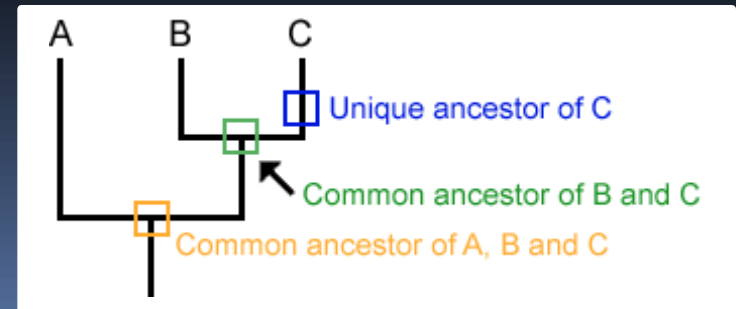
- ❖ Εμπεριέχεται η ιδέα της εξέλιξης:
 - πρόγονος / απόγονος



- η δημιουργία του είδους (ομάδας)

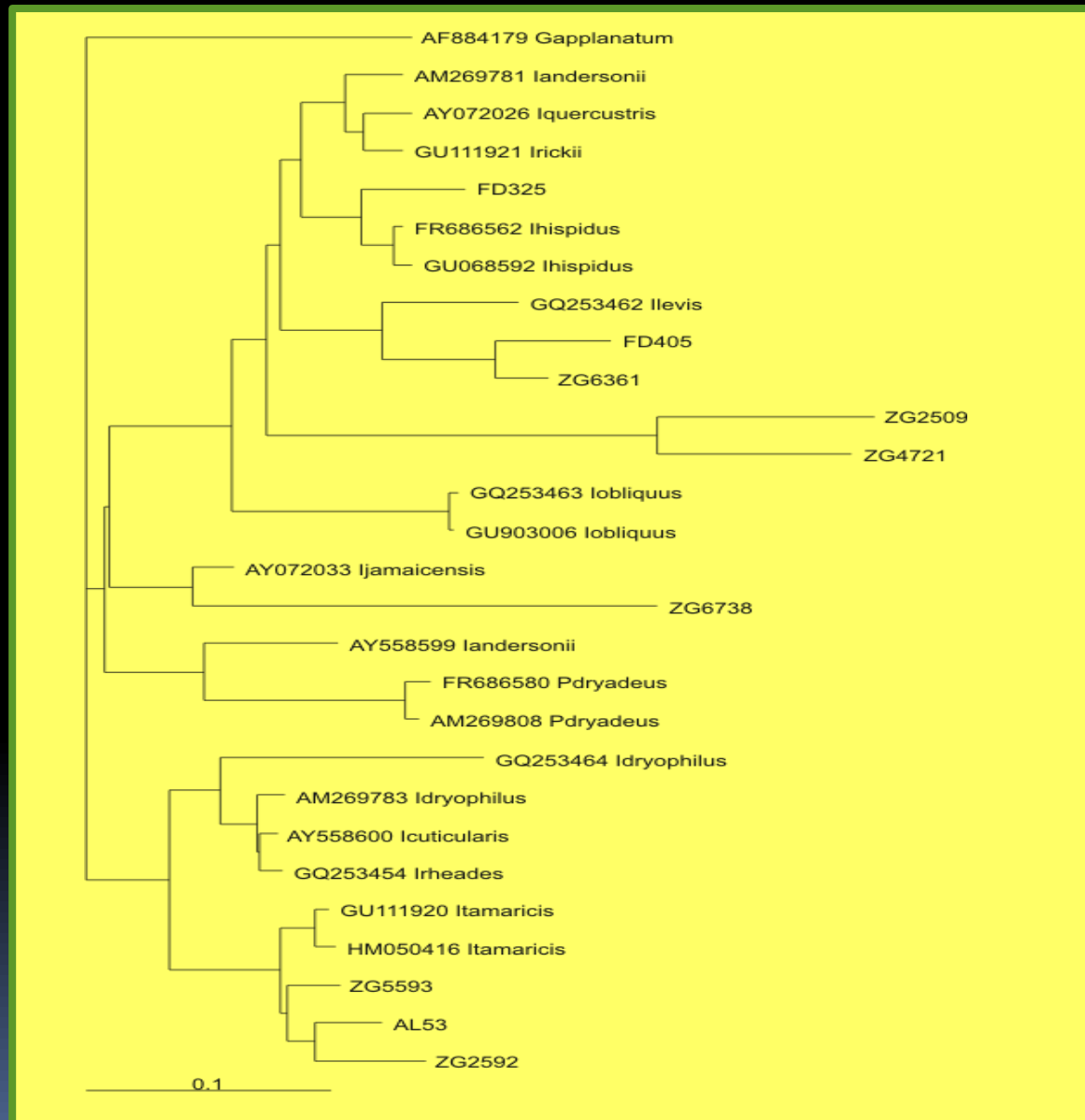


- η εύρεση της καταγωγής (ομάδοποίησης - κοινού προγόνου)





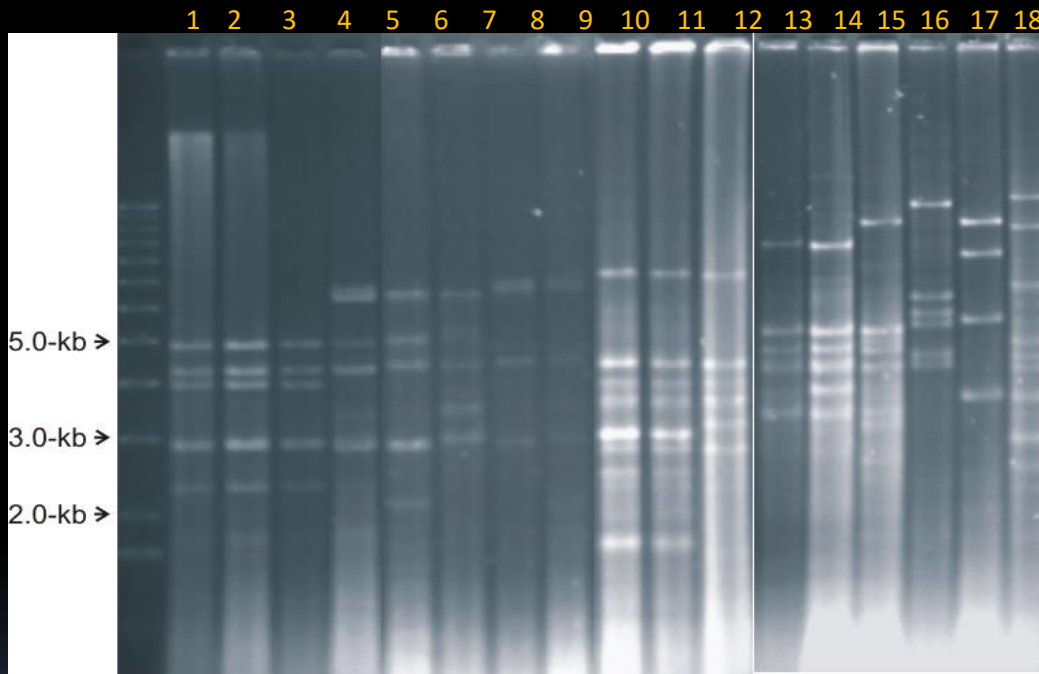
Φυλόγραμμα (Phylogram)





1. Διακριτά χαρακτηριστικά που θα μπορούσαν να δώσουν πληροφορία για τους υπο μελέτη οργανισμούς

Π.χ.: Μορφολογικά χαρακτηριστικά, περιοριστικά πρότυπα (Restriction Fragment Length Polymorphisms - RFLPs)



(a)

	g1	g2	g3	g4	g5	g6
A	1	1	1	1	0	0
B	0	0	0	0	1	1
C	1	1	1	0	0	0
D	0	0	0	1	0	0
BG = E	1	0	0	0	0	0
F	0	1	1	0	0	0
G	0	1	0	0	0	0
H	0	0	1	0	0	0
I	0	0	0	0	1	0
J	0	0	0	0	0	1

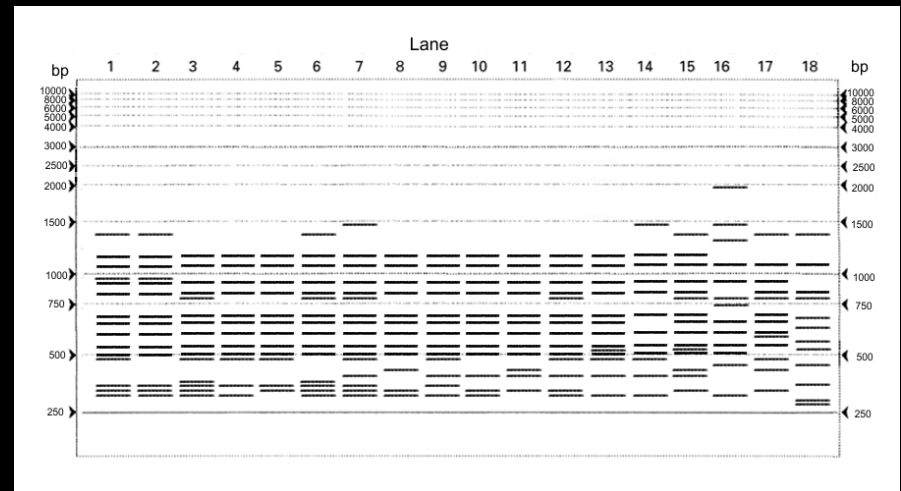
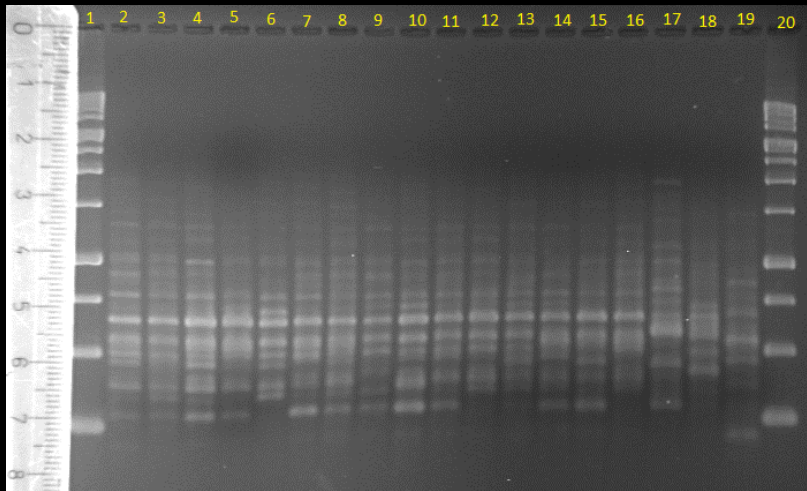
2. Μήτρα (matrix) των δεδομένων : 1 = υπάρχει, 0 = δεν υπάρχει

Οδηγεί σε κλαδογράμματα



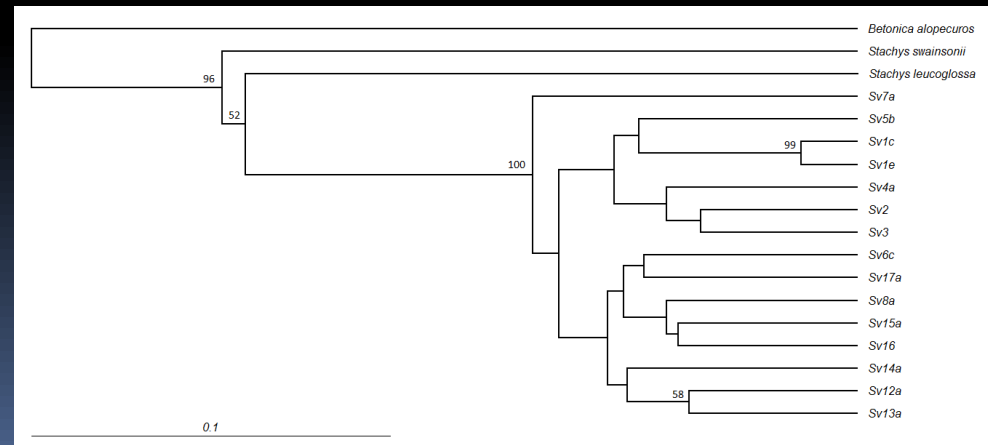
1. Διακριτά χαρακτηριστικά που θα μπορούσαν να δώσουν πληροφορία για τους υπο μελέτη οργανισμούς

Επαναλήψεις απλής αλληλουχίας (Inter Simple Sequence Repeats – ISSRs)



2. Μήτρα (matrix) των δεδομένων :
1 = υπάρχει, 0 = δεν υπάρχει

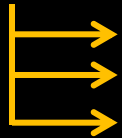
Οδηγεί σε κλαδογράμματα





3. Στοιχισμένες νουκλεοτιδικές ή αμινοξικές αλληλουχίες γονιδίων ή πρωτεϊνών αντ/χα από τους υπό μελέτη οργανισμούς

Ταχα (ΟΤΥ)



```

PAUP* 4.0b10 - [G:\Inonotus\ITS\Inonotus ITS110915.nex]
File Edit Window Help
#NEXUS
BEGIN DATA;
dimensions ntax=28 nchar=995;
format missing=?
interleave datatype=DNA gap= -;

matrix
AY072026_Iquercustris ATTATCGA----GTTTTGAA-CCGAG---TT TGT--GCTGG--TACGGAAACGT---ACATGTGCACGGC-TTTCGTGCT
GU111921_Irickii ATTATCGA----GTTTTGAARCCAAAG--GCT TGT--GCTGG--TACGGAAACGT---ACATGTGCACGGC-TTTCGTGCT
AM269781_Iandersonii ATTATCGA----GTTTTGAARCCGAG--GCT TGT--GCTGG--TACGGAAACGT---ACATGTGCACGGC-TTTCGTGCT
FR686562_Ihispidus ATTATCGA----GTTTTGAARCCGGAG--GCC TGT--GCTGG--TACGGAAACGT---ACATGTGCACGGC-TTTCGTGCT
GU068592_Ihispidus ATTATCGA----GTTTTGAARCCGGAG--GCC TGT--GCTGG--TACGGAAACGT---ACATGTGCACGGC-TTTCGTGCT
GQ253462_Ilevis ATTATCGA----GTTTTGAARCCGAG--GCT TGT--GCTGG--TACGGAAACGT---ACATGTGCACGGC-TTTCGTGCT
GQ253463_Iobliquus -TTATCGAGTTTATTTGAARCCGAG--GCC CTGT--GCTGG--CACGGAAACGTTT-GCATGTGCACGGCCTTTCGTGCT
GU903006_Iobliquus -TTATCGAGTTTATTTGAARCCGAG--GCC CTGT--GCTGG--CACGGAAACGTTT-GCATGTGCACGGCCTTTCGTGCT
FR686580_Pdryadeus ATTAACGA---G-TTTGAARAGTGAG--GCT TGA--TGCTGG--CGCGGAGACGT---GCATGTGCTCGGTCCTT-TGCATT
AM269808_Pdryadeus -----GA----G-TTTGAARAGTGAG--GCT TGA--TGCTGG--CGCGGAGACGT---GCATGTGCTCGGTCCTT-TGCATT
AY558599_Iandersonii ----ATGA---A-TTTGAARATAGGAG--GCT TGT--TGCTGG--CGTGGAAACAC---GTATGTGCACGGCCTT-CGTGCT
AY558600_Icuticularis ----ACGA---GCTTTGAARCCGAGA--GTC TGT--AGCTGG--TGCGGAAACGT---GCATGTGCTCGGTCCTTTCGTGCT
AM269783_Idryophilus ----ACGA---GCTTTGAARCCGAGA--GTC TGT--AGCTGG--TGCGGAAACGT---GCATGTGCTCGGTCCTTTCGTGCT
GQ253454_Irhedes -ATRAACGA---GTCTTGAARCCGAAA--GTC TGT--AGCTGG--TGCGGAAACGT---GCATGTGCTCGGTCCTTTCGTGCT
GQ253464_Idryophilus -TTAACGA---GTTTTGAARCCGAGA--GTC TGT--AGCTGG--TGCGGAAACGT---GCATGTGCTCGGTCCTTTCGTGCT
GU111920_Itamarcis ATTAACGA---GTCTTGAARCCGAAACGGTC TGC--AGCTGG--TGCGGAAACGT---GCATGTGCTCGGTCCTTTCGTGCT
HM050416_Itamarcis ATTAACGA---GTCTTGAARCCGAAACGGTC TGC--AGCTGG--TGCGGAAACGT---GCATGTGCTCGGTCCTTTCGTGCT
AY072033_Ijamaicensis -----
FD405 AATTTCAA---TTTTTAAARCCAC---TT CCT---TCTCC---TTTCAAAAACCAAAAATTTCCACAC-CTTTTAAAT
Z66361 --TTTTAA---TTTT
Z62509 AAAACAAA---ATTTTAAARCCAAA---CC CAT---TCCCT---TTTCAAAAAC---ACATTTTTTATTT-TTTTTGCT
Z64721 AAAACCAA---ATTTTAAARCCCAA---CC CGG---GCCCG---TCCCGAAAC-C---CCCTTTTTTTCC-TTTCCTTCT
FD325 CTATCCAG---ATTTCAARCCGAGA---C CTG---TGCGG---TGCGGAAACGT---GCATGTGACACGGC-TTTCGTGCG
AL53 ATTAACGA---GTCTTAAARCCAAARCCGGTC TGC--AGCTGG--TGCGGAAACGT---TCATGTGCTCGGTCCTTTCGTGTA
Z62592 ATTAACGA---GTCTTAAA-CCGAGGGGGTC TGC--ATGTGG--TC--GGAAACG---CATGTGCGCGGGCCTTTCGTGTT
Z65593 ATTAACGA---GTCTTAAARCCGAAARAGGTC TGT--AGGTGG--TGCGGAAACGT---TCATGTGCTCGGTCCTTTCATGTA
Z66738 ATATTTA---AATTAARAACTTATTTTTTTT TTC---GTAA---AACAAAACCT---TACCGTGACACCTCTCCTTTAATC
AF884179_Gapplanatum ATTATCGA----GTTTTGA--CTGGG-----T TGT--AGCTGGCCTTCCGAGGC-----ATGTGCACGGCCT-----GCT

;
end;

Begin PAUP;
set autoclose=yes warnreset=no increase=auto;
set criterion=distance;
outgroup AF884179_Gapplanatum/only;
NJ breakties=random;
savetrees brlens=yes maxdecimals=4 file=i:\Inonits-NJ.tre;
log start=yes file=i:\Inonits-NJ.log replace=yes;
bootstrap search=NJ nreps=1000 conlevel=50;
savetrees from=1 to=1 file=i:\Inonitsboot1000.tre savebootP=nodelabels maxdecimals=1 replace=yes;
log stop;
end;

```



Φυλογενετικοί «δείκτες» – Γονίδια/Πρωτεΐνες/Διαγονιδιακές Περιοχές ενδιαφέροντος για Δημιουργία Φυλογενετικού Δένδρου

Για μικροοργανισμούς (Βακτήρια και Μύκητες)

1. Ριβοσωμική Επανάληψη (Πυρηνική)



3 περιοχές:

- ITS (ITS1-5.8S-ITS2) = ταυτοποίηση είδους
- 18S ή 28S rRNA γονίδια και τα εσώνια τους = κατάταξη σε ομάδες
- IGS = κατάταξη σε ομάδες ή/και σε επίπεδο στελέχους



2. “House keeping” Γονίδια (Χρωμοσωμικά)

Γονίδια ή Πρωτεΐνες:

Στα ευκαρυωτικά

β- τουμπουλίνης (*benA*)

Ακτίνης

Καλμοδουλίνης

RNA πολυμεράσης (μικρή ή μεγάλη υπομονάδα - *rpb1* ή *rpb2*)

Παράγοντα επιμήκυνσης μεταγραφής (Elongation factor EF-1)

Στα προκαρυωτικά

Recombinase A (*recA*)

Παράγοντας επιμήκυνσης μεταγραφής (Elongation factor subunit G)

DNA gyrase (*gyrA* και *gyrB*)

DNA εξαρτώμενης RNA πολυμεράσης (*rpoB*)



Φυλογενετικοί «δείκτες»: 3. mt Γονιδίωμα

➤ 3^α. Πρωτεϊνικά γονίδια που εμπλέκονται στην αναπνοή

cox1-3, cob, nad1-4,4L,5,6, atp6,8,9

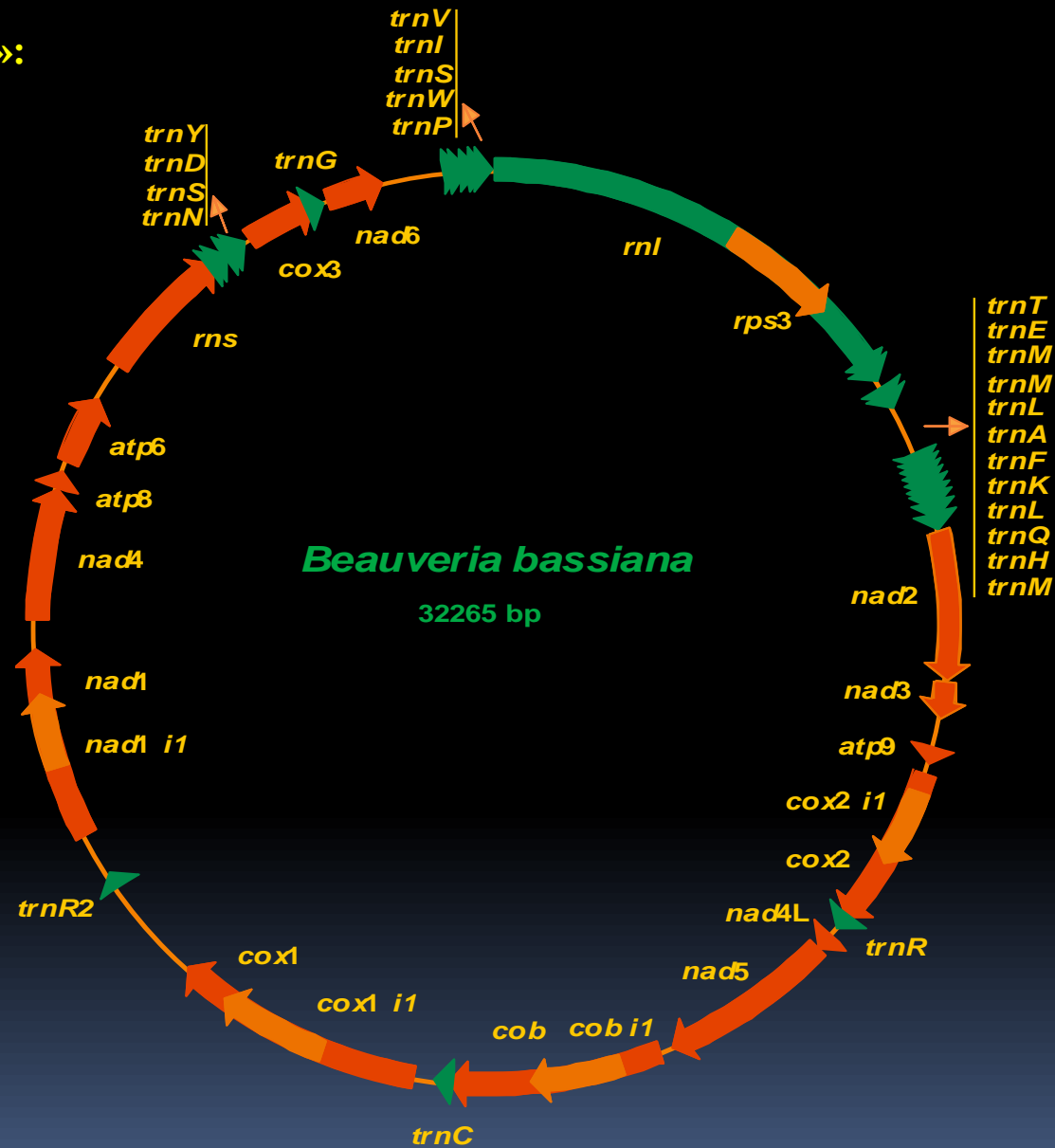
➤ 3^β. RNA γονίδια

rns, rnl
25 tRNAs

➤ 3^γ. Εσώνια:

rnl (1)
cox2 (1)
cob (1)
cox1 (1)
nad1 (1)

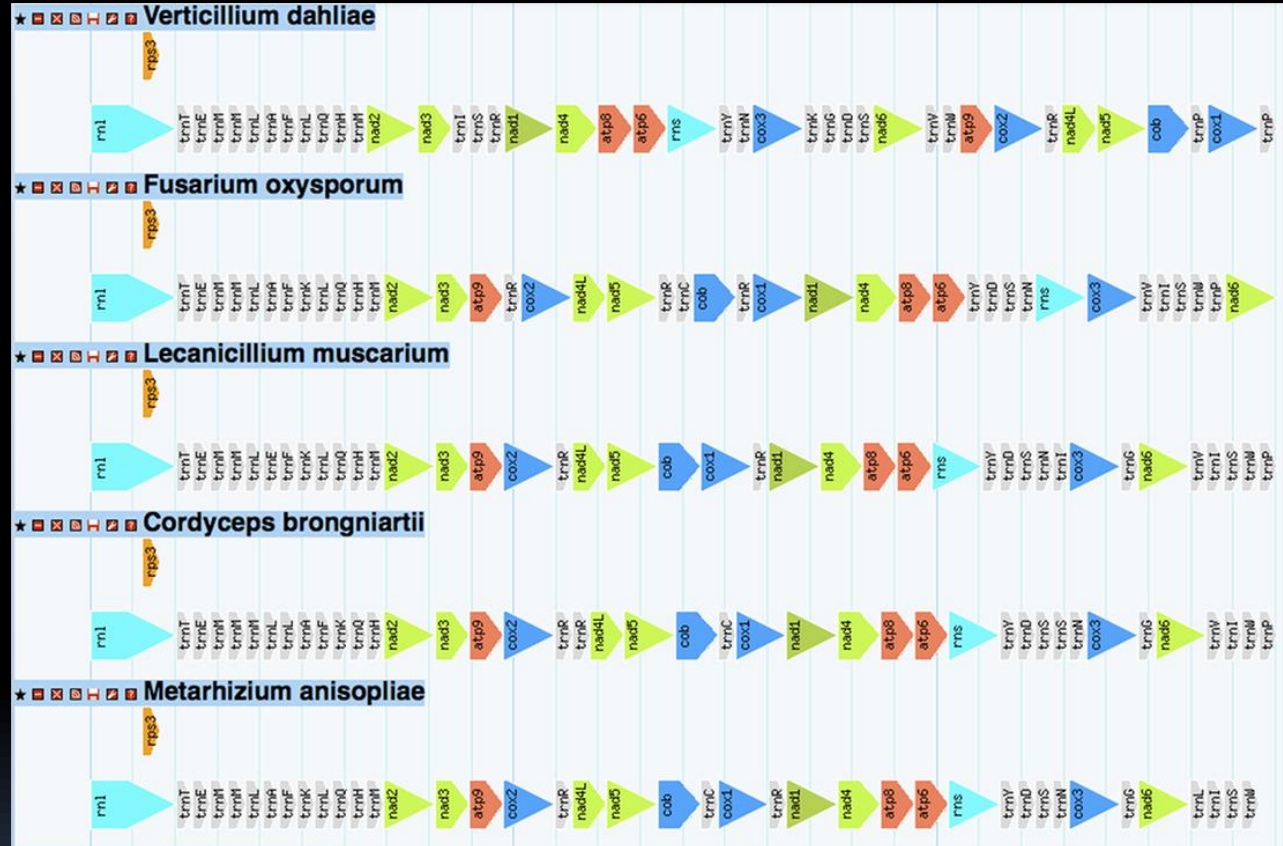
Ομάδας I





Φυλογενετικοί «δείκτες»: 3. mt Γονιδίωμα

➤ 3^ο. Διαγονιδιακές περιοχές



MitoFun
A Curated Resource of Complete Fungal Mitochondrial Genomes

Home Overview Browse Synteny BLAST MitoFun Team

<http://mitofun.biol.uoa.gr>



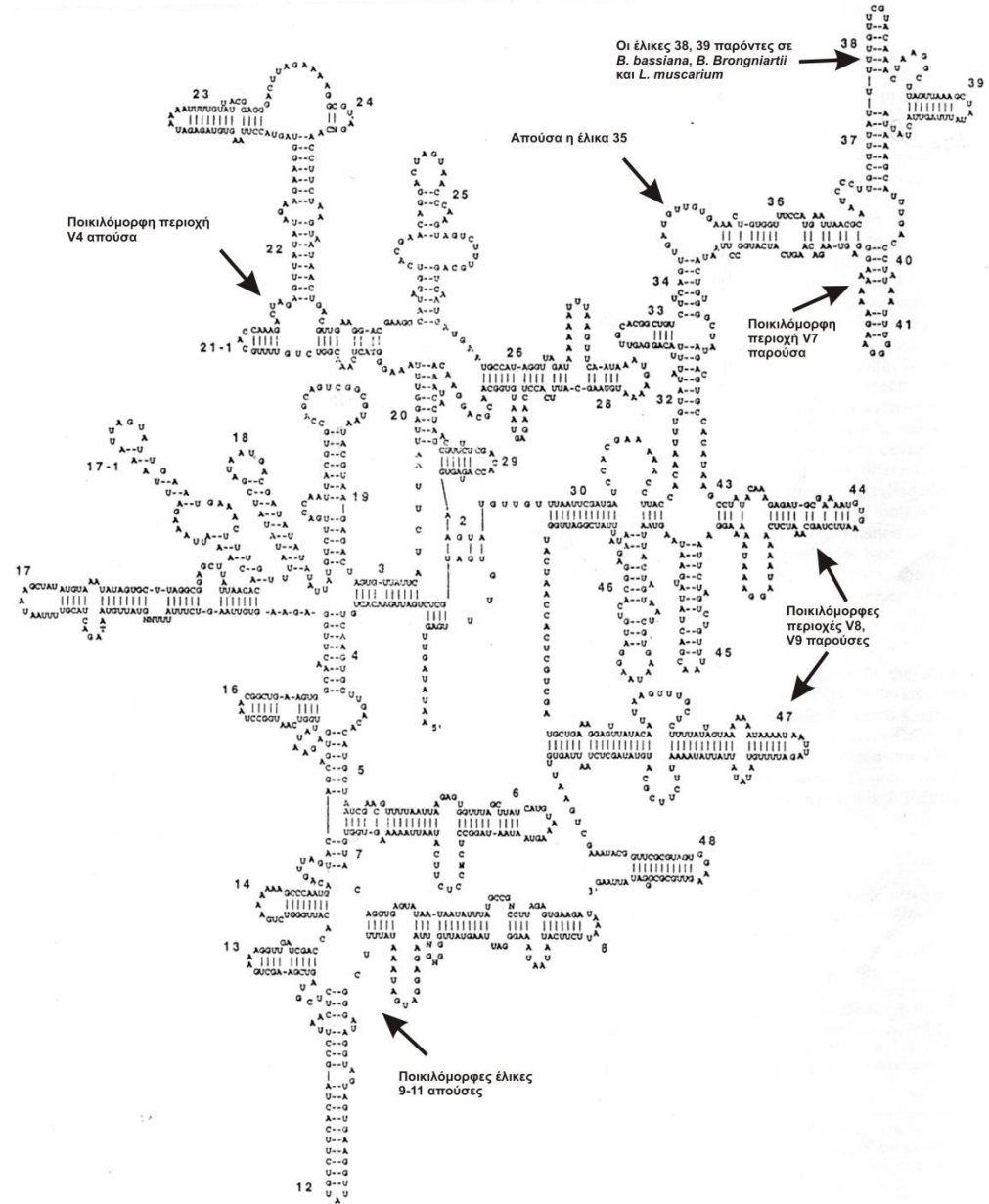
3^β. *rns* γονίδιο (16S rRNA).

2ταγής δομή:

Κοινά στοιχεία με βακτηριακά αντ/χα γονίδια.

Υψηλή ομολογία μεταξύ μιτοχονδριακών rRNA μυκήτων, αλλά ΚΑΙ περιοχές με ποικιλότητες ακόμα και για το είδος.

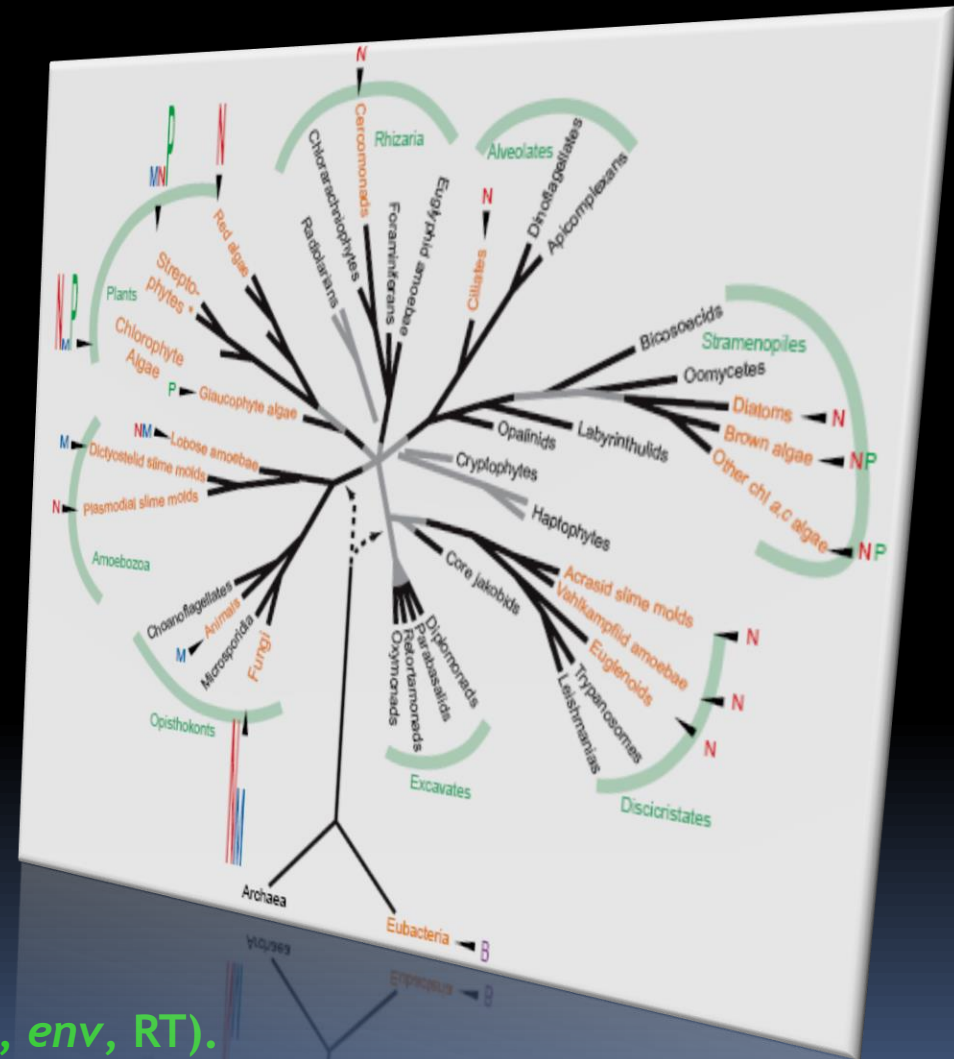
Διαφορές πιο εμφανείς σε συγκρίσεις δομών.





Φυλογενετικοί «δείκτες»: 3^η. Εσώνια

- Ομάδας I & II.
- Αυτοκατάλυση.
- Μετάθεση.
- ORFs εντός εσωνίων ομάδας I (και II) - Ενδονουκλεάσες 4 κύριων οικογενειών (GIY-YIG, LAGLI-DADG, His-Cys, HNH).
- Γονίδια με εσώνια: *cox1*, *cob*, *rnl*.

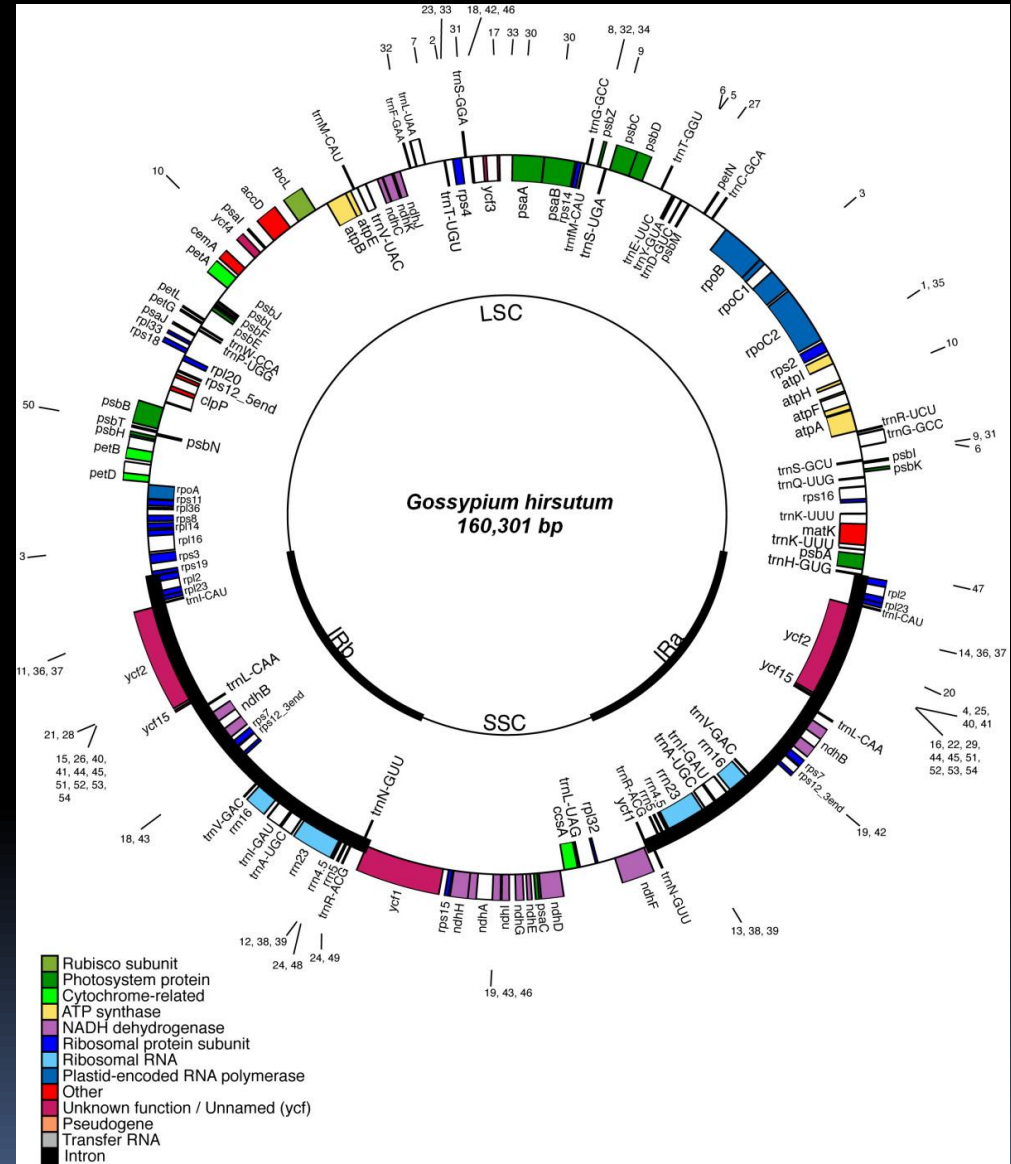


- ORFs εντός εσωνίων ομάδας II (*gag*, *pol*, *env*, RT).



Φυλογενετικοί «δείκτες»: 4. cp Γονιδίωμα

- Πρωτεϊνικά γονίδια
- RNA γονίδια
- Διαγονιδιακές περιοχές





4. Μεθοδολογία που θα χρησιμοποιήσω Βασισμένη στους «χαρακτήρες»

A. Maximum Parsimony (Μέθοδος Μέγιστης Φειδωλότητας)

Η μέθοδος φειδωλότητας στηρίζεται στο γεγονός ότι το καλύτερο δέντρο που περιγράφει τα δεδομένα είναι το δέντρο που **ελαχιστοποιεί την ποσότητα των συγκρούσεων** χαρακτήρων (**λιγότερα βήματα**).

Παράγει πολλά διαφορετικά δένδρα ισοδύναμης αξίας συνήθως.

Χρησιμοποιείται σε όλες τις περιπτώσεις φυλογένεσης.

B. Maximum Likelihood (Μέθοδος Μέγιστης Πιθανοφάνειας)

Η μέθοδος Μέγιστης Πιθανοφάνειας υπολογίζει τις παραμέτρους του δέντρου και την εξελικτική δυναμική που μεγιστοποιούν την πιθανότητα των παρατηρούμενων δεδομένων .

Προϋποθέτει **Εξελικτικό Μοντέλο**.

Παράγει ένα δένδρο συνήθως.

Χρησιμοποιείται κυρίως σε «βαθιά» φυλογένεση.



Γ. Bayesian Analysis («Μπαεσιανή» Μέθοδος)

Η μέθοδος στηρίζεται στην «εκ των υστέρων» πιθανότητα (Posterior Probability). Γίνονται δοκιμαστικές στοιχίσεις των χαρακτήρων της μήτρας λαμβάνοντας και το εξελικτικό μοντέλο.

Αφετηρία τυχαίο δένδρο που το τροποποιεί ώσπου να βρεθεί η πιο πιθανή.

Εξ' ορισμού η αναζήτηση αυτή γίνεται για 4 δένδρα (τροποποιείται) και αναζητείται η σύγκλιση. Αν προκύψει τότε αυτό είναι πιθανότερα το σωστό δένδρο βάσει του **Εξελικτικού Μοντέλου**.

Παράγει ένα δένδρο συνήθως.

Χρησιμοποιείται σε όλες τις περιπτώσεις φυλογένεσης.



Δ. Distance methods (Μέθοδος Απόστασης)

Όλες οι Μέθοδοι Απόστασης μετατρέπουν τα δεδομένα σε μια **μήτρα αποστάσεων ανά ζεύγη**, μια απόσταση για κάθε δυνατή αντιστοίχιση του υπό μελέτη taxa. Προσεγγίζει τη φυλογένεση ως ένα στατιστικό πρόβλημα, και χρησιμοποιείται σχεδόν αποκλειστικά με τα δεδομένα της μοριακής.

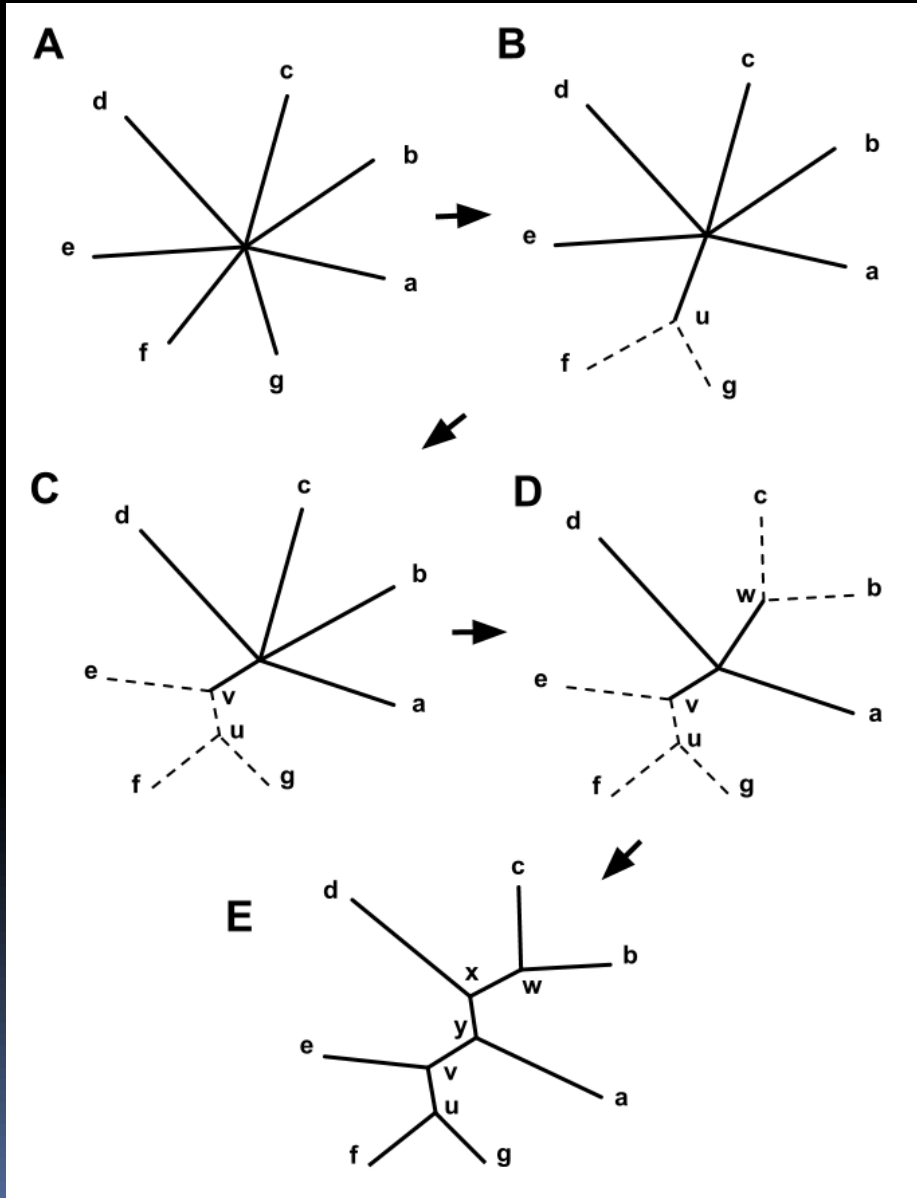
Απλά: η απόσταση δίνεται ως **κλάσμα των θέσεων** που διαφέρουν μεταξύ δύο αλληλουχιών σε μια στοίχιση πολλών αλληλουχιών.
Π.χ. Αν 2 αλληλουχίες διαφέρουν 10% των θέσεων τους, τότε αυτές είναι πιο συγγενικές από το ζευγάρι που διαφέρει 30%.

Επομένως όσο περισσότερο χρόνος έχει περάσει που το ζευγάρι αποκλίνει από τον κοινό πρόγονο, τόσο περισσότερο θα αποκλίνουν.

Πιο γνωστή η **Neighbour – Joining** Μέθοδος & παράγει ένα δένδρο συνήθως.
Χρησιμοποιείται σε φυλογένεση εντός του είδους/γένους.



Δ. Distance methods (Μέθοδος Απόστασης): Neighbour-Joining



A: Όλα τα taxa έχουν την ίδια απόσταση.

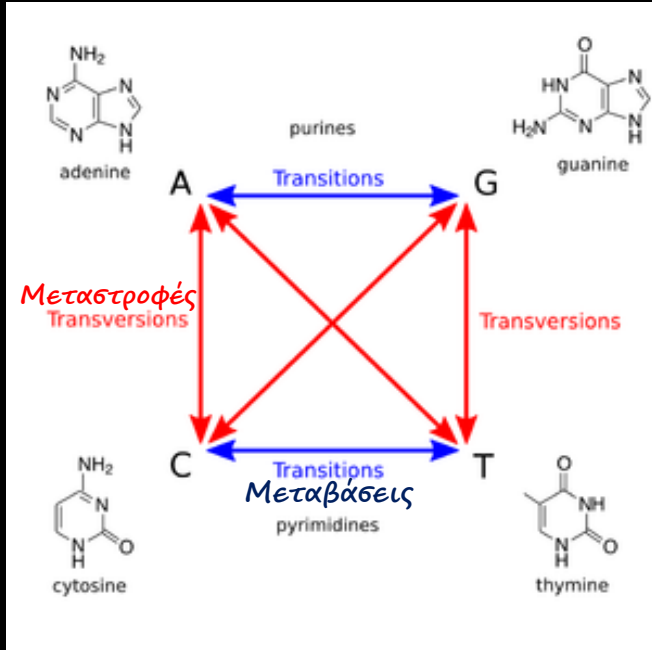
B: Βρίσκεται το κοντινότερο ζεύγος, ενώνεται και σχηματίζεται ο πρώτος κόμβος του δένδρου.

C-D: Με τη σειρά ενώνονται τα υπόλοιπα τάξα σε κόμβους μέχρι να μείνει μόνο ένα τελικό ζευγάρι.

E: Οι κόμβοι αναπτύσσονται για να σχηματιστεί το φυλογενετικό δένδρο.



Έχει σημασία/βαρύτητα και το είδος των αλλαγών
Π.χ. στο DNA:



```

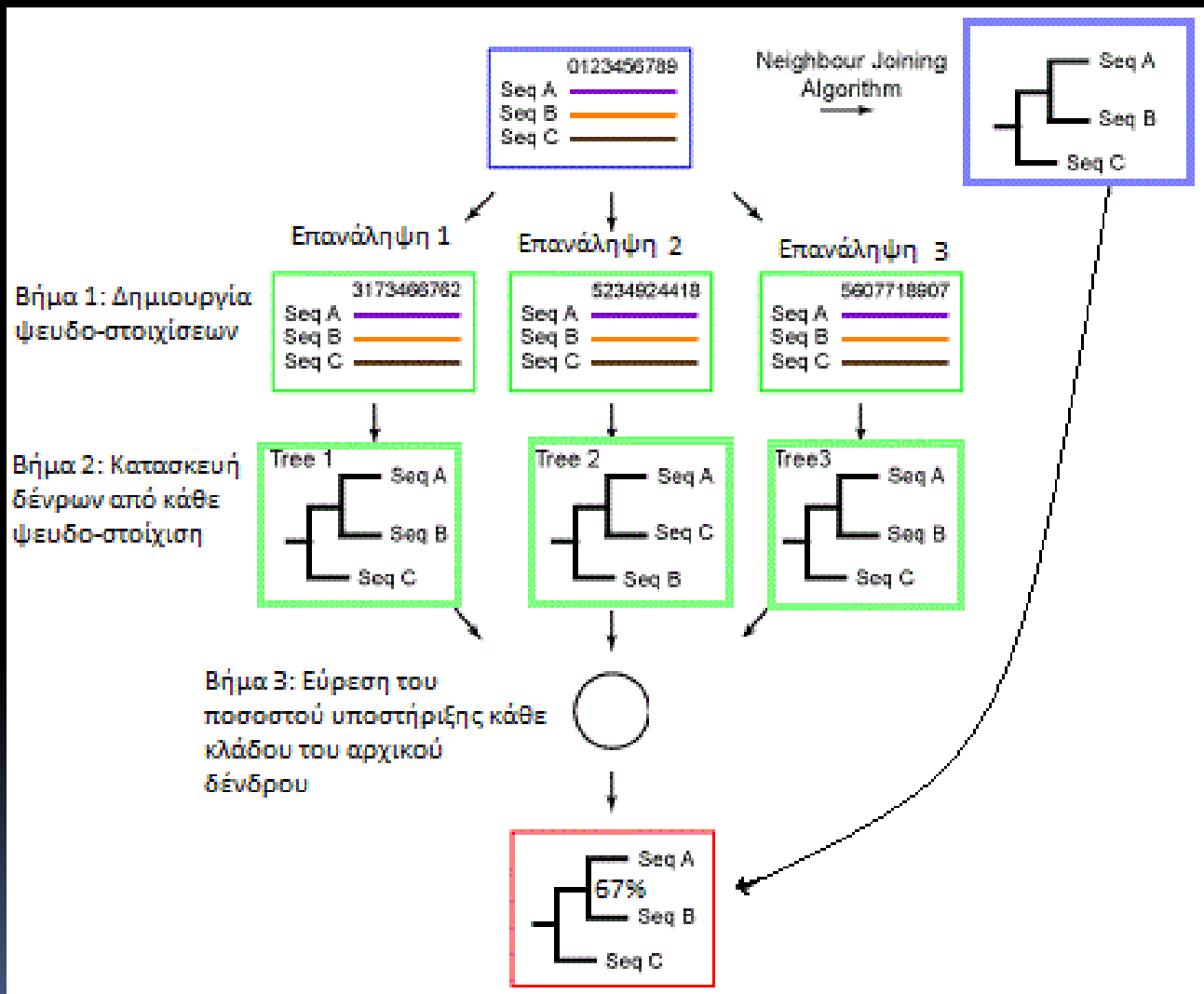
T --TAGTAGT -T TAGTAA
T --TAGTAGTCTTAGTAA
C --TAGTAGT --TAGTAA
T --TAGTAGT --GAGTAA
T --TAGTAGT --GAGTAA
T --TAGTAGT --TAGTAA
TCTTAGTAGT TCTGTAA
TCTTAGTAGT TCTGTAA
---GGATTCTTGTGAA
---GGATTCTTGTGAA
---C-ATTCTATCGGA-
  
```

The diagram highlights a vertical column of bases: T, T, C, T, T, T, T, T, T, T, C. A red box encloses the top 7 bases (T, T, C, T, T, T, T) and a blue box encloses the bottom 4 bases (T, T, T, C).

Αλληλουχία προχόνου



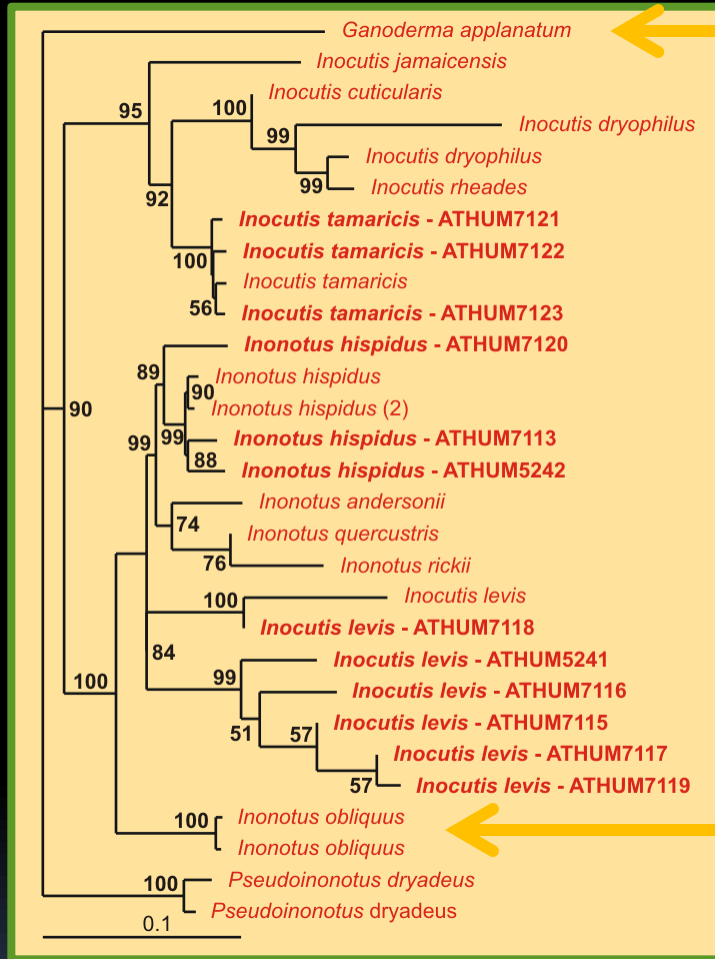
Η πιο συνηθισμένη μέθοδος για να αξιολογήσουμε μια **τοπολογία** είναι η ανάλυση κατά **bootstrap**





ΦΥΛΟΓΕΝΕΤΙΚΟ ΔΕΝΔΡΟ

Άλλες έννοιες



outgroup

Πολυφυλετικό

Μονοφυλετικό



ΒΗΜΑΤΑ για τη δημιουργία ενός φυλογενετικού δένδρου

1. **Ταυτοποίηση** της νουκλεοτιδικής ή αμινοξικής **αλληλουχίας** ενδιαφέροντος (π.χ. γονίδιο ή πρωτεΐνη)
2. **Εύρεση** άλλων **αλληλουχιών** που σχετίζονται με την αλληλουχία ενδιαφέροντος
3. **Απόκτηση** των αλληλουχιών αυτών σε συγκεκριμένη μορφή (format)
4. **Στοιχισμός** όλων των **αλληλουχιών**
5. Με βάση τη στοιχιστική, **παραγωγή** του φυλογενετικού **δένδρου**
6. Εκτύπωση των αποτελεσμάτων – **παρουσίαση** του δένδρου.

Παραδείγματα ΠΡΟΓΡΑΜΜΑΤΩΝ για την εκτέλεση των βημάτων

1. **Βήματα 1-2:** BLASTn, BLASTp, Nucleotide Database, Protein Database, κ.λπ
2. [**Βήματα 3:** ΣΥΝΗΘΩΣ σε μορφή FASTA (.fas).]
3. **Βήμα 4:** ClustalW, gblocks, MAFFT, Clustal Omega, κ.λπ
4. **Βήμα 5:** MrBayes, PAUP, MEGA, BEAST, PHYLIP, κ.λπ
5. **Βήμα 6:** TreeView, Archaeopteryx, Figtree κ.λπ



Display Settings: ▾ GenBank

Send to: ▾

Beauveria bassiana strain Naturalis ITS1-5.8S-ITS2 gene, complete sequence; 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

GenBank: FJ972972.1

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

Go to:

LOCUS FJ972972 510 bp DNA linear PLN 17-JUN-2010

DEFINITION *Beauveria bassiana* strain Naturalis ITS1-5.8S-ITS2 gene, complete sequence; 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence.

ACCESSION FJ972972

VERSION FJ972972.1 GI:285020197

KEYWORDS .

SOURCE *Beauveria bassiana*

ORGANISM [Beauveria bassiana](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Cordycipitaceae; Beauveria.

REFERENCE 1 (bases 1 to 510)

AUTHORS Ghikas,D.V., Kouvelis,V.N. and Typas,M.A.

TITLE Phylogenetic and biogeographic implications inferred by mitochondrial intergenic region analyses and ITS1-5.8S-ITS2 of the

entomopathogenic fungi *Beauveria bassiana* and *B. brongniartii*

JOURNAL BMC Microbiol. 10, 174 (2010)

PUBMED [20553589](#)

REMARK Publication Status: Online-Only

REFERENCE 2 (bases 1 to 510)

AUTHORS Ghikas,D.V., Kouvelis,V.N. and Typas,M.A.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (25-APR-2009) Department of Genetics & Biotechnology, University of Athens, Faculty of Biology, Panepistimiopolis, Kouponia, Athens 157 01, Greece

FEATURES

source Location/Qualifiers

1..510

/organism="Beauveria bassiana"

/mol_type="genomic DNA"

/strain="Naturalis"

/db_xref="taxon:[176275](#)"

[rRNA](#)

<1..9

/product="18S ribosomal RNA"

[misc RNA](#)

10..169

/product="internal transcribed spacer 1"

[rRNA](#)

170..321

/product="5.8S ribosomal RNA"

[misc RNA](#)

322..489

/product="internal transcribed spacer 2"

[rRNA](#)

490..>510

/product="28S ribosomal RNA"

ORIGIN

1 gggatcatta cggagtttc aactccctaa cccttctgtg aacctaccta tcgttgcttc

61 ggcggactcg cccagcccg cagcgggact ggaccagcgg cccgcccggg ccctcaact

121 cttgtattcc agcatcttct gaatagcgg caaggcaaaa caaatgaatc aaaactttca

181 acaacggatc tcttggtctt ggcacgatg aagaacgcag cgaaatgcga taagtaagt

241 gaattgcaga atccagttaa tcactgaatc tttgaacgca cattgcctcg ccagcattct



Επίσκεψη στη σελίδα BLAST του NCBI

The screenshot shows the NCBI BLAST homepage. At the top, there is a navigation bar with 'Home', 'Recent Results', 'Saved Strategies', and 'Help'. Below this, a banner reads 'BLAST finds regions of similarity between biological sequences. more...'. A 'New' badge highlights 'SmartBLAST' for improved protein-protein search. The 'BLAST Assembled Genomes' section features a search box and a list of organisms: Rabbit, Chimp, Guinea pig, Fruit fly, Honey bee, Chicken, Zebrafish, Clawed frog, Arabidopsis, Rice, Yeast, and Microbes. The 'Basic BLAST' section lists various programs: nucleotide blast, protein blast, blastx, tblastn, and tblastx. Annotations include a red cloud over the 'Find Genomic BLAST' section with the text 'Φυλογενετικός δείκτης είναι DNA – διαγονιδιακή περιοχή', a yellow cloud over the 'protein blast' option with 'Φυλογενετικός δείκτης είναι πρωτεΐνη', and red circles highlighting the search input field and the 'nucleotide blast' and 'protein blast' links.

Φυλογενετικός δείκτης είναι DNA – διαγονιδιακή περιοχή

Φυλογενετικός δείκτης είναι πρωτεΐνη

nucleotide blast

protein blast



Επίσκεψη στη σελίδα BLAST του NCBI

BLAST® *Basic Local Alignment Search Tool*

Home Recent Results Saved Strategies Help

NCBI/BLAST/blastn suite **Standard Nucleo**

blastn blastp blastx tblastn tblastx

BLASTN programs search nucleotide databases

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) [?](#) [Clear](#) [Query subrange](#) [?](#)

```
301 ggaggcctgg ccagcavccc
    301 ggggggcatg cctgttegag cgtcatttca accctcgacc
tcccctgggg gaggtcggcg
    361 ttggggaccg gcagcacacc gccggccctg aatgggagtg
gcggcccgtc cggggcgacc
    421 tctgcgtagt aatacagctc gcaccggaac cccgacgcgg
ccacccqta aaacacccaa
```

Or, upload file No file selected. [?](#)

Job Title
Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#)

[Align two or more sequences](#) [?](#)

Choose Search Set

Database Human genomic + transcript Mouse genomic + transcript Others (nr etc.):
Nucleotide collection (nr/nt) [?](#)

Organism [Optional](#) Exclude
Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown [?](#)

Exclude [Optional](#) Models (XM/XP) Uncultured/environmental sample sequences

Limit to [Optional](#) Sequences from type material



Επίσκεψη στη σελίδα BLAST του NCBI

Optional
Entrez Query
Optional

[YouTube](#) [Create custom database](#)

Enter an Entrez query to limit search ⓘ

Program Selection

Optimize for

- Highly similar sequences (megablast)
- More dissimilar sequences (discontiguous megablast)
- Somewhat similar sequences (blastn)

Choose a BLAST algorithm ⓘ

BLAST

Search database Nucleotide collection (nr/nt) using Megablast (Optimize for highly similar sequences)

Show results in a new window

[+ Algorithm parameters](#)



Επίσκεψη στη σελίδα BLAST του NCBI

BLAST® Basic Local Alignment Search Tool

Home Recent Results Saved Strategies Help

BLAST/ blastn suite/ Formatting Results - 1NAVWTF0014

[Edit and Resubmit](#) [Save Search Strategies](#) [▶ Formatting options](#) [▶ Download](#)

Nucleotide Sequence (510 letters)

RID [1NAVWTF0014](#) (Expires on 10-13 02:33 am)

Query ID	Id Query_164915	Database Name	nr
Description	None	Description	Nucleotide collection (nt)
Molecule type	nucleic acid	Program	BLASTN 2.2.32+ ▶ Citation
Query Length	510		

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

Graphic Summary

Distribution of 100 Blast Hits on the Query Sequence

Mouse over to see the define, click to show alignments

Color key for alignment scores

<40	40-50	50-80	80-200	>=200
-----	-------	-------	--------	-------

Query



Επίσκεψη στη σελίδα BLAST του NCBI



Descriptions

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

[Alignments](#) [Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Beauveria bassiana strain Naturalis ITS1-5.8S-ITS2 gene, complete sequence; 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8	942	942	100%	0.0	100%	FJ972972.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria bassiana strain CCTu0017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal trans	920	920	100%	0.0	99%	KM249041.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria bassiana strain HEP3 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequ	920	920	100%	0.0	99%	KJ767255.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria bassiana genomic DNA containing ITS1, 5.8S rRNA and ITS2, strain Mas14, isolate A	920	920	100%	0.0	99%	LN823583.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria bassiana strain ARSEF 3086 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and ir	920	920	100%	0.0	99%	KJ500414.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria bassiana voucher TSJBB 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcr	920	920	100%	0.0	99%	KF937310.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria bassiana strain LPSC 1082 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal tran	920	920	100%	0.0	99%	KJ772495.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria bassiana genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA, partial and complete sequence, strain: F-796	920	920	100%	0.0	99%	AB831663.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria bassiana isolate Ost3 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribe	920	920	100%	0.0	99%	HQ454299.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria bassiana culture-collection LPSC:1067 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and i	920	920	100%	0.0	99%	KF500409.1

Όλα τα αποτελέσματα ήταν *B. bassiana*



Επίσκεψη στη σελίδα BLAST του NCBI

Alignments

Download [GenBank](#) [Graphics](#)

Beauveria bassiana strain Naturalis ITS1-5.8S-ITS2 gene, complete sequence; 18S ribosomal RNA, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence. [gb|FJ972972.1](#) Length: 510 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 510 [GenBank](#) [Graphics](#)

Next Match Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
942 bits(510)	0.0	510/510(100%)	0/510(0%)	Plus/Plus
Query 1	GGGATCATTACCGAGTTTCAACTCCCTAACCCTTCTGTGAACCTACCTATCGTTGCTTC	60		
Sbjct 1	GGGATCATTACCGAGTTTCAACTCCCTAACCCTTCTGTGAACCTACCTATCGTTGCTTC	60		
Query 61	GGCGGACTCGCCCCAGCCCGCACGGGACTGGACCAGCGGCCCGCGGGGCCCTCAAAC	120		
Sbjct 61	GGCGGACTCGCCCCAGCCCGCACGGGACTGGACCAGCGGCCCGCGGGGCCCTCAAAC	120		
Query 121	CTTGATTCCAGCATCTTCTGAATACGCCGAAGGCAAAACAAATGAATCAAACCTTCA	180		
Sbjct 121	CTTGATTCCAGCATCTTCTGAATACGCCGAAGGCAAAACAAATGAATCAAACCTTCA	180		
Query 181	ACAACGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGT	240		
Sbjct 181	ACAACGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGT	240		
Query 241	GAATTGCAGAAATCCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCCTCGCCAGCATTCT	300		
Sbjct 241	GAATTGCAGAAATCCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCCTCGCCAGCATTCT	300		
Query 301	GGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCGACCTCCCTGGGGGAGGTCGGCG	360		
Sbjct 301	GGCGGGCATGCCTGTTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCGACCTCCCTGGGGGAGGTCGGCG	360		
Query 361	TTGGGGACCGGCAGCACACCGCCGGCCCTGAAATGGAGTGGCGGCCCGTCCGCGGGCACC	420		
Sbjct 361	TTGGGGACCGGCAGCACACCGCCGGCCCTGAAATGGAGTGGCGGCCCGTCCGCGGGCACC	420		
Query 421	TCTGCGTAGTAATACAGCTCGCACCGGAACCCCGACGCGGCCACGCCGTAACACCCAA	480		
Sbjct 421	TCTGCGTAGTAATACAGCTCGCACCGGAACCCCGACGCGGCCACGCCGTAACACCCAA	480		
Query 481	CTTCTGAACTTACCTCGAATCAGCTAGC	510		



Επίσκεψη στη σελίδα BLAST του NCBI

Beauveria bassiana strain HEP3 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, partial sequence
 Sequence ID: [gb|KJ767255.1|](#) Length: 541 Number of Matches: 1

Range 1: 7 to 517 [GenBank](#) [Graphics](#) ▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
920 bits(498)	0.0	507/511(99%)	1/511(0%)	Plus/Plus
Query 1	GGGATCATTACCGAGTTTTCAACTCCCTAACCCCTTCTGTGAACCTACCTATCGTTGCTTC	60		
Sbjct 7	GGGATCATTACCGAGTTTTCAACTCCCTAACCCCTTCTGTGAACCTACCTATCGTTGCTTC	66		
Query 61	GGCGGACTCGCCCCAGCCCGCACGGGACTGGACCAGCGGCCCGCCGGGGCCCTCAAAC	120		
Sbjct 67	GGCGGACTCGCCCCAGCCCGGACGGGACTGGACCAGCGGCCCGCCGGGGACCTCAAAC	126		

Εφόσον ζητάω εντός του γένους μπορώ να κάνω «αποκλεισμό» του *B.bassiana*

Choose Search Set

Database: Human genomic + transcript Mouse genomic + transcript Others (nr etc.):
 Nucleotide collection (nr/nt)

Organism Optional: Exclude
 Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown

Exclude Optional: Models (XM/XP) Uncultured/environmental sample sequences

Limit to Optional: Sequences from type material

Entrez Query Optional: [YouTube](#) [Create custom database](#)
 Enter an Entrez query to limit search

Program Selection

Optimize for: Highly similar sequences (megablast)



Επίσκεψη στη σελίδα BLAST του NCBI

<input type="checkbox"/>	Beauveria sp. MTCC_4587 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	900	900	99%	0.0	99%	JQ266170.1
<input type="checkbox"/>	Uncultured ascomycete partial 18S rRNA gene, ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and partial 28S rRNA gene, clone 1.8	900	900	100%	0.0	98%	AJ876497.1
<input type="checkbox"/>	Isaria farinosa 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	898	898	100%	0.0	98%	KM035983.1
<input type="checkbox"/>	Uncultured Beauveria clone Bb-m1 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence	898	898	100%	0.0	98%	KP739827.1
<input type="checkbox"/>	Isaria farinosa strain STH3 28S-18S rRNA intergenic spacer, partial sequence; 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	898	898	100%	0.0	98%	KC510278.1
<input type="checkbox"/>	Isaria farinosa strain STH2 28S-18S rRNA intergenic spacer, partial sequence; 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	898	898	100%	0.0	98%	KC510277.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria felina strain MTCC_6294 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	898	898	100%	0.0	98%	JQ266212.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria sp. MTCC_4606 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	898	898	100%	0.0	98%	JQ266136.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria sp. MTCC_4526 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	898	898	100%	0.0	98%	JQ266129.1
<input type="checkbox"/>	Gordyceps bronngniana strain TF6-1A 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	898	898	100%	0.0	98%	JX122735.1
<input type="checkbox"/>	Gordyceps bronngniana strain TF6-1A 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	898	898	100%	0.0	98%	JX122734.1
<input type="checkbox"/>	Isaria farinosa strain STH1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	898	898	100%	0.0	98%	JF429897.1
<input type="checkbox"/>	Isaria farinosa strain STH1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	898	898	100%	0.0	98%	JF429895.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria sp. Jiangsu 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1 and 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, complete sequence	898	898	100%	0.0	98%	HQ110102.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria sp. NHJ-11927 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	898	898	100%	0.0	98%	EF411231.1
<input type="checkbox"/>	Aspergillus flavus isolate ICIPE_716 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	893	893	100%	0.0	98%	KJ619997.1
<input type="checkbox"/>	Uncultured fungus clone S358 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	893	893	100%	0.0	98%	FJ820846.1
<input type="checkbox"/>	Beauveria sp. MTCC_4589 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence	893	893	100%	0.0	98%	JQ266213.1

ΠΡΟΣΟΧΗ!!!!



Επιλογή και απόκτηση αλληλουχιών

Download ▾ GenBank Graphics

Beauveria pseudobassiana genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA, partial and complete sequence, strain: F-884
 Sequence ID: dbj|AB831659.1| Length: 547 Number of Matches: 1
 ▶ See 1 more title(s)

Range 1: 27 to 537 GenBank Graphics ▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
866 bits(960)	0.0	500/511(98%)	3/511(0%)	Plus/Plus

Query 1 GGGATCATTACCGAGTTTTCAACTCCCTAACCCCTTATGTGAACCTACCTATGTGTGCTTC 60
 |||
 Sbjct 27 GGGATCATTACCGAGTTTTCAACTCCCAAACCCCTTATGTGAACCTACCTATCGTTGCTTC 86

Query 61 GGC GGACTCGCCCCAGCCGGACGCGGACTGGACCAGCGGCCGCCGGGGACCCCTCAAACCTC 120
 |||
 Sbjct 87 GGC GGACTCGCCCCAGCCGGACGCGGACTGGACCAGCGGCCGCCGGGGACCATCAAACCTC 146

Download ▾ GenBank Graphics

FASTA (complete sequence)
 FASTA (aligned sequences)
 GenBank (complete sequence)

Continue Cancel

C:\Users\Vassili\Downloads\seqdump.txt - Notepad++

```

1 >gi|659927958|dbj|AB831659.1| Beauveria pseudobassiana genes for 18S rRNA, ITS1, S
2 >gi|659928009|dbj|AB831710.1| Beauveria pseudobassiana genes for 18S rRNA, ITS1, S
3 AAGGTCCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAGGGATCATTACCGAGTTTTCAACTCCCAAACCCCTTATGTGAACCTACCTATCGT
4 TGCTTCGGCGGACTCGCCCCAGCCGGACGCGGACTGGACCAGCGGCCGCCGGGGACCATCAAACCTTTGTATTATCAGCA
5 TCTTCTGAATACGCCGAAGGCAAAACAAATAAATTAACCTTTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGAAGA
6 ACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATCCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCCA
7 GCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTGAGCGTCATTTCAACCCCTCGACCTCCCTTTGGGGAAGTCGGCGTTGGGGACCGGCA
8 GCACACCGCCGGCCCTGAAATGGAGTGGCGGCCCTCCGCGGCGACCTCTGCGTAGTAAACCAACTCGCACCGGAAACCC
9 GACGTGGCCAGCCGTAACCAACCAACTTCTGAACGTTGACCTCGAATCAGGTAGGACTACCCGCT

```

Επιλογή και απόκτηση αλληλουχιών όλων των αλληλουχιών ενδιαφέροντος



Μήτρα για στοιχισή

```
1 >B. brongniartii
2 gggatcattaccgagttttcaactccctaacccttatgtgaacctacctattggttgcttcggcgggactcgccccagccggacgCGGactggaccagcggcggccgg
ataaatcaaaactttcaacaacggatctcttggctctggcatcgatgaagaacgcagcGAAATgCGataagtaatgtgaattgcagaatccagtgaaatcatcgaat
tcaaccctcgacctccctttggggaagtggcggtggggaccggcagcacaccgCGGCCctgaaatagagtggcggcccgctcggcggcgacctctgcgtagtaat
tgacctcgaatcaggtagg
3 >B. pseudobassiana - AB831659
4 aaggtctccggttgggtgaaccagcggaggggatcattaccgagttttcaactcccaaacccttatgtgaacctacctatcgttgcttcggcgggactcgccccagccgg
tctgaatacgccgcaaggcaaaacaaataaattaaaactttcaacaacggatctcttggctctggcatcgatgaagaacgcagcGAAATgCGataagtaatgtgaa
tgccggggcatgcctgttcgagcgtcatttcaaccctcgacctccctttggggaagtggcggtggggaccggcagcacaccgCGGCCctgaaatggagtggcggc
acgCGGtaaaacacccaacttctgaacggttgacctcgaatcaggtaggactaccCGct
5 >B. bassiana 4362 - AY532025
6 gtcgtaacaaggctccggttgggtgaaccagcggaggggatcattaccgagttttcaactccctaacccttatgtgaacctacctattggttgcttcggcgggactcgcc
cagcatcttctgaatacgccgcaaggcaaaacaaataaatacaaaactttcaacaacggatctcttggctctggcatcgatgaagaacgcagcGAAATgCGataagt
cagcattctggcggggcatgcctgttcgagcgtcatttcaaccctcgacctccctttggggaagtggcggtggggaccggcagcacaccgCGGCCctgaaatgga
acgCGGccacgCGGtaaaacacccaacttctgaacggttgacctcgaatcaggtaggactaccCGctgaacttaagcatatca
7 >B. amorpha BCC 1665 - EF411228
8 gtaacaagggtctccggttgggtgaaccagcggaggggatcattaccgagttttcaactccctaacccttatgtgaacctacctattggttgcttcggcgggactcgcccc
catcttctgaatccgCGcaaggcaaaacaaataaatacaaaactttcaacaacggatctcttggctctggcatcgatgaagaacgcagcGAAATgCGataagtaat
cattctggcggggcatgcctgttcgagcgtcatttcaaccctcgacctccctttggggaagtggcggtggggaccggcagcacaccgCGGCCctgaaatggagt
tgccacgCGGtaaaacacccaacttctgaacggttgacctcgaatcaggtaggactaccCGctgaacttaagcatatcaata
9 >Lecanicillium muscarium Mycotol - EF512971
10 TAGAGTGTACAATTCCTAACCTTCTGTGAACTTACCTTTTGTGCTTCGGCGGACTCGCCCCAGCGGACGCGGACTGGACCAGGCCCGCCGGGGACCCTCAAAC
TTCAACAACGGATCTCTTGGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATCCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACA
CCTCCCTTTGGGGAAGTCGGCGTTGGGGACCGGCAGCACACCGCCGCCCTGAAATAGAGTGGCGGCCGTTTCGGCGGACTTCTGCGTAGTAATCCAACCTGGCAC
```



Στοιχισή με Clustal Omega

<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>

www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/ PAUP

Most Visited Goalbetint.com - Στοι... Home - PubMed - NCBI BLAST: Basic Local Ali... Saccharomyces cerevi... https://docs.google.c... http://www.elke.uoa.g... e-class Efori

Cookies on EMBL-EBI website
This website uses cookies to store a small amount of information on your computer, as part of the functioning of the site. Cookies used for the operation of the site have already been set.
To find out more about the cookies we use and how to delete them, see our [Cookie](#) and [Privacy](#) statements.
Dismiss this notice

EMBL-EBI Services Research Training About us

Clustal Omega

Input form Web services Help & Documentation

Tools > Multiple Sequence Alignment > Clustal Omega

Multiple Sequence Alignment

Clustal Omega is a new multiple sequence alignment program that uses seeded guide trees and HMM profile-profile techniques to generate alignments between **three** or more sequences. For the alignment of two sequences please instead use our [pairwise sequence alignment tools](#).

STEP 1 - Enter your input sequences

Enter or paste a **set of DNA** sequences in any supported format:

```
>B. bassiana 4362 - AF529287
gtcgtaacaaaggtctccggttggaaccagcggaggatcattaccgagtttcaactccctaacccttatgtgaacctacctattgttctggcgggactcgccccagcgggacgcgggactggaccggcgccgccggggaccctcaaactctgtattatcagcatctt
aacaaataaatcaaaactttcaacaacggatctctggctctggcatcgcgatgaagaacgcagcgaaatgcgataagtaatggaaltgcagaatccagtgaatcatcgaatcttgaacgcacattgcgccgccagcattctggcgggcatgcctgttcgagcgtcatttc
aagtcggcgttggggaccggcagcacaccgcggccctgaaatggagtggcggccgctcgcggcgacctctcgtagtaatccaactgcaccggaacccgcagcggccacgccgtaaacacccaactctgaacgttgacctgaaatcaggtaggactacc
>B. amorpha BCC 1665 - FF411228
```



Στοιχίση με Clustal Omega

```
gtcggcgtggggaccgagcacaccgcccgcctgaaatggagtgccgcccgtcgcggcgacctctcgtagtaatccaactgcaccggaaccccgacgtggccacgctgaaacacccaactctgaacgttgacctgaaatcaggtaggactaccgctgaactaagcatatcaata
>Lecanicillium muscarium Mycotal - EF512971
TAGAGTGTACAATTCCCTAACCCCTTCTGTGAACCTTACCTTTTGTGCTTCGGCGGACTCGCCCCAGCGGGACGCGGACTGGACCAGGCCCGCCGGGGACCCTCAAACCTCTGTATTATCAGCATCTTCTGAATACGCCGCAA
GGCAAAACAAATAAACTAAAACCTTTCAACAACGGATCTCTGGCTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGAATCCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCC
AGCATTCTGGCGGGCATGCGCTGTTGAGCGTCATTTCAACCTCGACCTCCCTTTGGGGAAGTCGGCGTTGGGGACCGGCAGCACACCCGCCGCCCTGAAATAGAGTGGCGGCCCGTTCCGCGGCGACTTCTCGCTAG
TAATCCAACCTGGCACCCGGAACCCCGACGCGGCCACGCCGTAACACCCAACCTTCTGAAC
```

Or, [upload](#) a file: No file selected.

STEP 2 - Set your parameters

OUTPUT FORMAT: **NEXUS** (dropdown menu open showing options: Clustal w/o numbers, Clustal w/ numbers, Pearson/FASTA, MSF, NEXUS, PHYLIP, SELEX, STOCKHOLM, VIENNA)

DEALIGN INPUT SE:

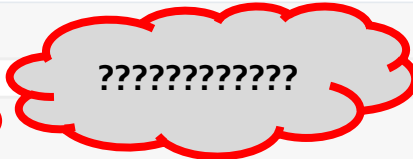
MAX GUIDE TREE I:

MBED-LIKE CLUSTERING GUIDE-TREE:

MBED-LIKE CLUSTERING ITERATION:

NUMBER of COMBINED ITERATIONS:

MAX HMM ITERATIONS:



Step 2 - Set Your Parameters

Dealign Input Sequences

Remove any existing alignment (gaps) from input sequences.

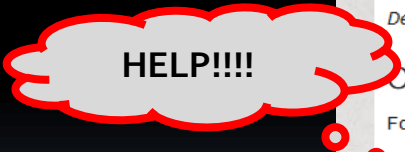
Order	Description	Abbreviation
no		false
yes		true

Default value is: no [false]

Output Alignment Format

Format for generated multiple sequence alignment.

Order	Description	Abbreviation
Clustal w/o numbers	Clustal alignment format without base/residue numbering	dustal
Clustal w/ numbers	Clustal alignment format with base/residue numbering	dustal_num
Pearson/FASTA	Pearson or FASTA sequence format	fa
MSF	Multiple Sequence File (MSF) alignment format	msf
NEXUS	NEXUS alignment format	nexus
PHYLIP	PHYLIP interleaved alignment format	phylip
SELEX	SELEX alignment format	selex
STOCKHOLM	STOCKHOLM alignment format	stockholm
VIENNA	VIENNA alignment format	vienna





Στοιχίση με Clustal Omega

Multiple Sequence Alignment

Clustal Omega is a new multiple sequence alignment program that uses seeded guide trees and HMM pro the alignment of two sequences please instead use our [pairwise sequence alignment tools](#).

o Duplicated ID: B.. Two sequences cannot share the same identifier

STEP 1 - Enter your input sequences

Enter or paste a set of sequences in any supported format:

>B. brongniartii

gggatcattaccgagttttcaactccctaacc

>B. brongniartii

gggatcattaccgagttttcaactccctaacc

ataaatcaaaaactttcaacaacgggatctcttg

tcaaccctcgacctccctttggggaagtccggc

tgacctcgaatcaggtagg

>B. pseudobassiana - AB831659

aaggtctccgttggggaaccagcggagggatc

tctgaatacggccgaaggcaaaaacaaataaat

tggcgggcatgcctggttcgagcgtcatttcaa

acgccgtaaaaacaccaacttctgaacgttga

>B. bassiana 4362 - AY532025

EMBL-EBI

Clustal Omega

[Input form](#) | [Web services](#) | [Help & Documentation](#)

[Tools](#) > [Multiple Sequence Alignment](#) > Clustal Omega

Your job is currently running... please be patient

The result of your job will appear in this browser window.

Job ID: [clustalo-I20151022-084134-0380-85164855-es](#)

Please note the following

- o You may press Shift+Refresh or Reload on your browser at any time to check if results are ready.
- o You may bookmark this page to view your results later if you wish.
- o Results are stored for 7 days.



Στοιχισή με Clustal Omega

Clustal Omega

Input form | Web services | Help & Documentation

Tools > Multiple Sequence Alignment > Clustal Omega

Results for job clustalo-l20151022-084606-0596-783604-oy

Alignments | Result Summary | **Phylogenetic Tree** | Submission Details

Download Alignment File

```
#NEXUS
[TITLE: Written by EMBOSS 22/10/15]

begin data;
dimensions ntax=5 nchar=593;
format interleave datatype=DNA missing=N gap=-;

matrix
Lecanicillium      -----gcgagagactattatkagt
B.                  -----gggatcattaccgagt
AB831659            -----aaggtctcgttgggaaccagcggagggatcattaccgagt
AY532025            gtcgtaacaaggtctccgttgggaaccagcggagggatcattaccgagt
EF411228            ---gtaacaaggtctccgttgggaaccagcggagggatcattaccgagt

Lecanicillium      ttcaactcccaaacccttatgtgaacatacctactgttgcttcggcgga
B.                  tttcaactccctaacccttatgtgaacctacctattgttgcttcggcgga
AB831659            tttcaactcccaaacccttatgtgaacctacctattgttgcttcggcgga
AY532025            tttcaactccctaacccttatgtgaacctacctattgttgcttcggcgga
EF411228            tttcaactccctaacccttatgtgaacctacctattgttgcttcggcgga
```

Χρήση του “download” με αντιγραφή και σε «νέο» αρχείο του PAUP

Results for job clustalo-l20151022-084606-0596-783604-oy

Alignments | Result Summary | **Phylogenetic Tree** | Submission Details

Phylogenetic Tree

This is a Neighbour-joining tree without distance corrections.

Download Phylogenetic Tree File

```
(
Lecanicillium:0.09602,
(
(
B.:0.00364,
AY532025:0.00227)
:0.00173,
AB831659:0.00959)
:0.00099,
EF411228:0.00250);
```

Phylogram

Branch length: Cladogram Real

Lecanicillium 0.09602
B. 0.00364
AY532025 0.00227
AB831659 0.00959
EF411228 0.0025

Δένδρο ενδεικτικό
ΜΟΝΟ ενδείξεις!!!





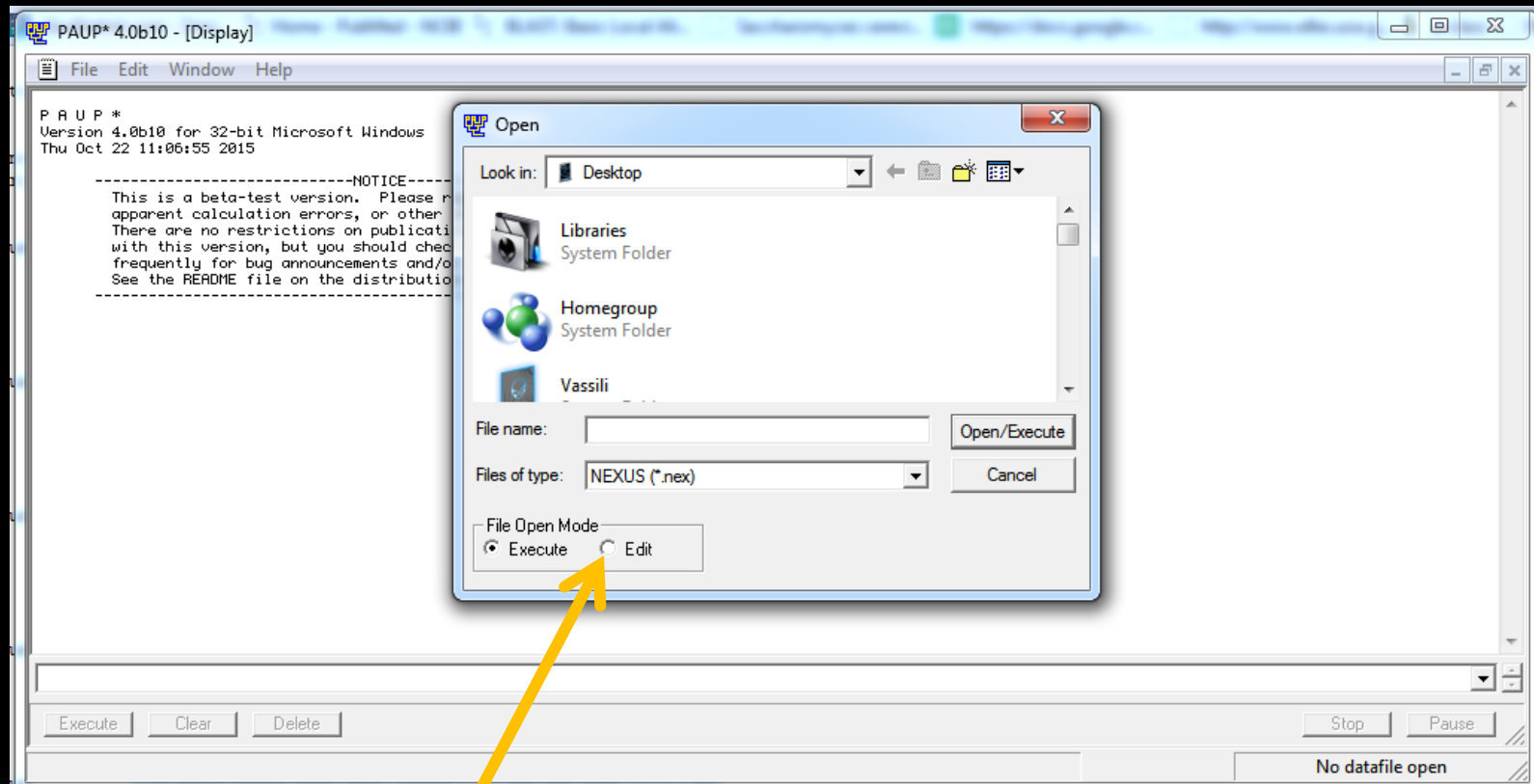
Δημιουργία φυλογενετικού δένδρου με τη NJ μέθοδο στο PAUP

The screenshot shows a web browser window with the URL paup.csit.fsu.edu/order.html. The page features the PAUP* logo and the publisher information: Sinauer Associates, Inc. Publishers, Sunderland, Massachusetts. A navigation menu on the left includes links for About PAUP*, To Order (highlighted), Versions (Macintosh, UNIX/VMS, DOS, Windows), Support (FAQ, Tech exchange, Downloads, Known problems, Mailing list), and a PAUP logo at the bottom left. The main content area displays the title "PAUP* 4.0 beta version" and the subtitle "*Phylogenetic Analysis Using Parsimony (and Other Methods)". A text block dated 29 September 2015 states that Sinauer Associates is no longer distributing PAUP* and provides a link to a test version: http://people.sc.fsu.edu/~dswofford/paup_test. A footer contains a list of navigation links: Home, About PAUP*, To Order, Versions, Support, FAQ, Tech exchange, Known problems, Mailing list, and Downloads.

http://people.sc.fsu.edu/~dswofford/paup_test/



Δημιουργία φυλογενετικού δένδρου με τη NJ μέθοδο στο PAUP



Edit: Αν θέλω να αλλάξω το nex αρχείο που είχα αποθηκεύσει κάποια στιγμή
Execute: για να τρέξει το πρόγραμμα



Δημιουργία φυλογενετικού δένδρου με τη NJ μέθοδο στο PAUP

Αφού φορτώσω το αρχείο
*.nex

```
P A U P *
Version 4.0b10 for 32-bit Microsoft Windows
Thu Oct 22 22:02:06 2015

-----NOTICE-----
This is a beta-test version. Please report any crashes,
apparent calculation errors, or other anomalous results.
There are no restrictions on publication of results obtained
with this version, but you should check the WWW site
frequently for bug announcements and/or updated versions.
See the README file on the distribution media for details.
-----

Processing of file "C:\E - Vassili\Tmima Viologias\Paradoseis mathimatwn\+~\ύύ\test evolution.nex" begins...

Data read in DNA format

Data matrix has 5 taxa, 593 characters
Valid character-state symbols: ACGT
Missing data identified by 'N'
Gaps identified by '-'
"Equate" macros in effect:
R,r ==> {AG}
V,y ==> {CT}
M,m ==> {AC}
K,k ==> {GT}
S,s ==> {CG}
W,w ==> {AT}
H,h ==> {ACT}
B,b ==> {CGT}
U,u ==> {ACG}
D,d ==> {AGT}
n ==> {ACGT}

Processing of file "test evolution.nex" completed.
```

Για να πληκτρολογήσω
τις εντολές μία μία
(execute)





Δημιουργία φυλογενετικού δένδρου με τη NJ μέθοδο στο PAUP

```

PAUP* 4.0b10 - [C:\Program Files (x86)\paupWin32\Untitled]
File Edit Window Help

#NEXUS
[TITLE: Written by EMBOSS 22/10/15]

begin data;
dimensions ntax=5 nchar=593;
format interleave datatype=DNA missing=N gap=-;

matrix
Lecanicillium      -----gaggagagactattatkgagt
B.                  -----gggatacattaccgagt
AB831659            -----aagggtctcggttgggtgaaccagcggagggatcattaccgagt
AY532025            gtcgtaacaagggtctcggttgggtgaaccagcggagggatcattaccgagt
EF411228            ---gtaacaagggtctcggttgggtgaaccagcggagggatcattaccgagt

Lecanicillium      ttcaaac tccccaaaccttatgtgaacctaacctacgtgtgctteggggga
B.                  ttcaaac tccccaaaccttatgtgaacctaacctacgtgtgctteggggga
AB831659            ttcaaac tccccaaaccttatgtgaacctaacctacgtgtgctteggggga
AY532025            ttcaaac tccccaaaccttatgtgaacctaacctacgtgtgctteggggga
EF411228            ttcaaac tccccaaaccttatgtgaacctaacctacgtgtgctteggggga

Lecanicillium      ctgcecccggggtcgggacgggactcgcgcgcgcgcgcgggcccggactcagg
B.                  ctgcecccagcgggacgggactg-----gaccagc
AB831659            ctgcecccagcgggacgggactg-----gaccagc
AY532025            ctgcecccagcgggacgggactg-----gaccagc
EF411228            ctgcecccagcgggacgggactg-----gaccagc

Lecanicillium      gaaccccgagctgggccagcgcgtaaaaaacccccaaacttctgaacggttgacc
B.                  gaaccccgagcggc-ccacgcgcgtaaaaaacccccaaacttctgaacggttgacc
AB831659            gaaccccgagctgggccagcgcgtaaaaaacccccaaacttctgaacggttgacc
AY532025            gaaccccgagcgggcccagcgcgtaaaaaacccccaaacttctgaacggttgacc
EF411228            gaaccccgagctgggccagcgcgtaaaaaacccccaaacttctgaacggttgacc

Lecanicillium      tgggatacggtaggatacccgc-tgaacttaagcata-----
B.                  tgggatacggtagg-----
AB831659            tgggatacggtaggactaccgc-----
AY532025            tgggatacggtaggactaccgc-tgaacttaagcataca---
EF411228            tgggatacggtaggactaccgc-tgaacttaagcatacaata
;

end;

Begin PAUP;
set autoclose = yes warnreset = no increase = auto;
set criterion = distance;
dset distance = K2P;
outgroup Lecanicillium / only;
NJ breakties = random;
savetrees brlens = yes maxdecimals = 4 file = c:\PAUP\evolution.tre;
log start = yes file = c:\PAUP\evolution.log replace = yes;
log stop;

END;

```

Αφού φορτώσω το αρχείο

*.nex

τροποποιημένο

ΩΣΤΕ να

εμπεριέχει όλες τις

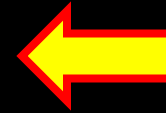
εντολές

Όλες οι απαραίτητες εντολές

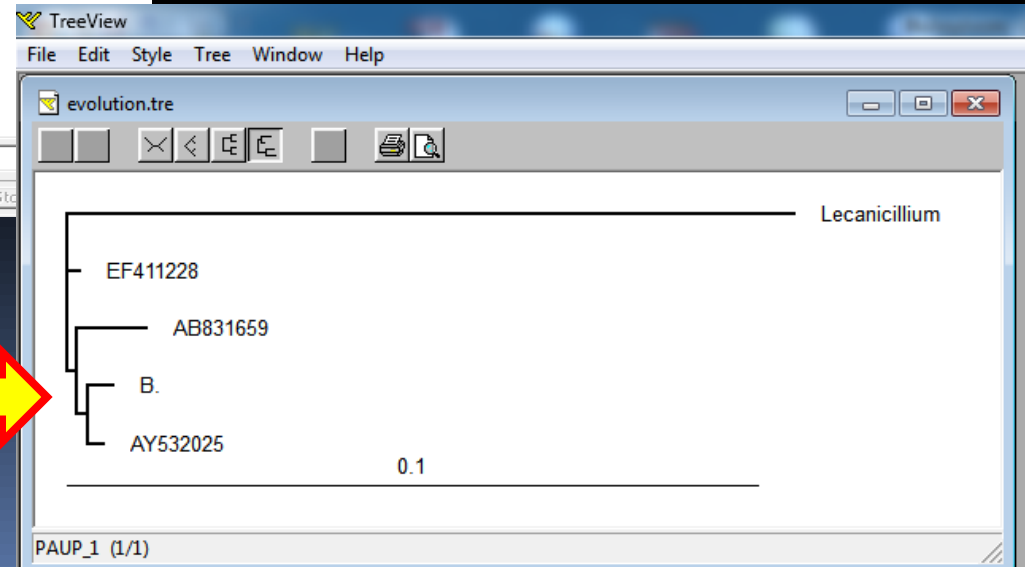


Δημιουργία φυλογενετικού δένδρου με τη NJ μέθοδο στο PAUP

```
PAUP* 4.0b10 - [Display]
File Edit Window Help
Processing of file "C:\E - Vassili\Tmima Viologias\Paradoseis mathimatwn\+" \00
Optimality criterion reset to parsimony.
Data read in DNA format
Data matrix has 5 taxa, 593 characters
Valid character-state symbols: ACGT
Missing data identified by 'N'
Gaps identified by '-'
"Equate" macros in effect:
R,r ==> {AG}
V,v ==> {CT}
M,m ==> {AC}
K,k ==> {GT}
S,s ==> {CG}
W,w ==> {AT}
H,h ==> {ACT}
B,b ==> {CGT}
U,u ==> {ACG}
D,d ==> {AGT}
n ==> {ACGT}
Optimality criterion set to distance.
Outgroup status changed:
1 taxon transferred to outgroup
Total number of taxa now in outgroup = 1
Number of ingroup taxa = 4
Neighbor-joining search settings:
Ties (if encountered) will be broken randomly; initial seed = 2122024100
Distance measure = Kimura 2-parameter
(Tree is unrooted)
Tree found by neighbor-joining method stored in tree buffer
Time used = 0.00 sec
Neighbor-joining tree:
-----Lecanicillium
|
|-----B.
|
|-----AY532025
|
|-----AB831659
|
|-----EF411228
1 tree saved to file "c:\evolution.tre"
Logging output to file "c:\evolution.log".
Logging of output to file "c:\evolution.log" discontinued.
```



Αποτέλεσμα του δένδρου (log)



TREEVIEW

Πρόγραμμα απεικόνισης δένδρου

