

Hogyan készül a gombák bűvös kladogramja . . . ;)

Természetesen vannak változások és más alkalmazások, eljárások, hiszen az alábbi példa egy 2007-es értekezés részlete /növény (Rubiaceae) témában/, továbbá ma már vannak Bayes és Maximum Likelihood alapú elemzések a Maximum Parsimony vizsgálat mellett, de az elmélet ma is hasonló.

/Forrás: Stranczinger Szilvia Ph.D. értekezés tézisei - Levélanatómiai és molekuláris filogenetikai módszerek értékelése kritikus Rubiaceae taxonokon;

Bayes-i adatpótlás, imputáció:

http://www.napora.hu/elemek/kepek/HW_IME10_ADATPOTLAS_IMPOTACIO_BAYES.pdf/

A kapott DNS-szekvenciák feldolgozása intelligens statisztikai adatelemzés módszerével:

"A filogenetikai fa „gyökeresítésére” olyan, a vizsgált taxonokhoz rendszertanilag kapcsolódó külső csoportot választottunk, amely evolúciósan távolabb áll a belcsoporttól, mint annak tagjai egymástól. A szekvenciák összerendezését (alignment) elsőként ClustalW v1.7 program segítségével végeztük el. A DNS szekvenciákat ezután GeneDoc v2.3 programmal újrendeztük és javítottuk, a megfelelő DNS szekvenciát alapul véve. Az alignmentek optimalizálása után kialakult réseket (gap) a végső filogenetikai analízisek során, mint hiányzó karakterek kezeltük. A kladisztikai analíziseket PAUP* 4.0 szoftver Windows® XP® verziójával készítettük a „legnagyobb takarékoság” (Maximum Parsimony) módszerét alkalmazva. Így olyan fát kaphatunk, amely a lehető legkisebb számú karakterállapot változást (evolúciós lépés) teszi szükségessé a leszármazási viszonyok megmagyarázásához. A kapott filogenetikai fa pontosságának és megbízhatóságának tesztelését bootstrap vizsgálatral végeztük. A kapott bootstrap érték %-ban fejezi ki, hogy hány esetben egyezett az adott elágazásban a kapott filogenetikai fa az eredetivel. A 85–100% bootstrap értékeket magasnak tekintettük, az adott elágazás topológiáját alátámasztottnak vettük. A 75–84% bootstrap érték mérsékelten, míg az 50–74% csak alacsonyán támogatja az adott elágazás kapott topológiáját. A kapott filogenetikai fa statisztikai értékelése magában foglalja a konzisztencia-indexet (CI; consistency index) és az összetartozási-indexet (RI; retention index) is. Mindkét index a homoplázia mértékét mutatja az adott filogenetikai fában."

Köszönet Dima Bálint észrevételeiért, javításáért.