



Компьютерное моделирование филогенетических связей видов полиморфных родов по методу SYNAP (на примере рода Молочай)

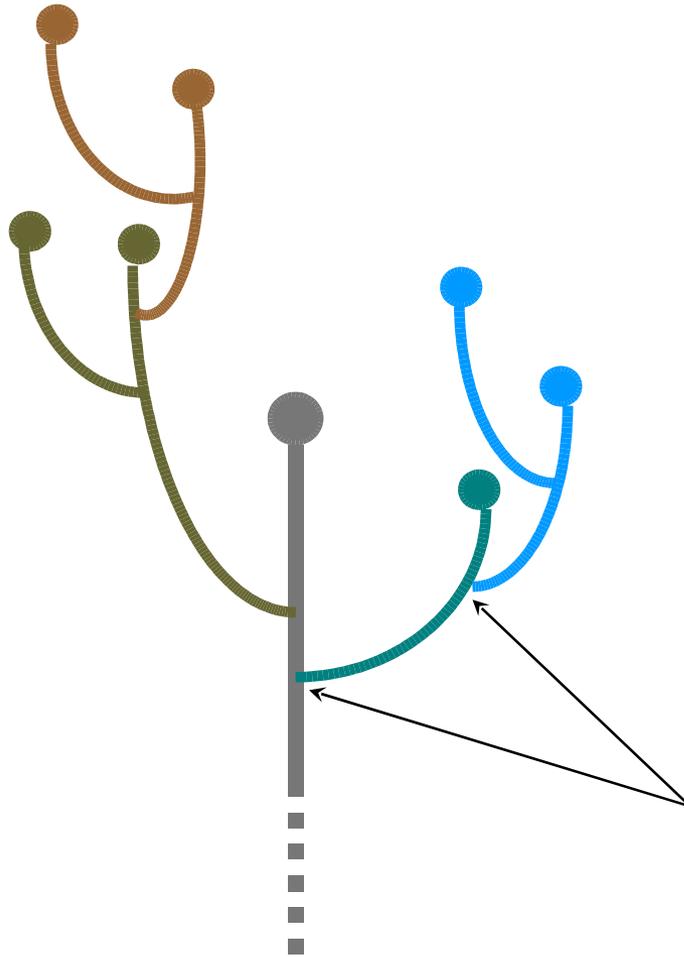
д.б.н. Байков К.С.

Центральный сибирский ботанический сад СО РАН



Филогенетическая систематика конца 19 века

(Геккель, Осборн и др.)

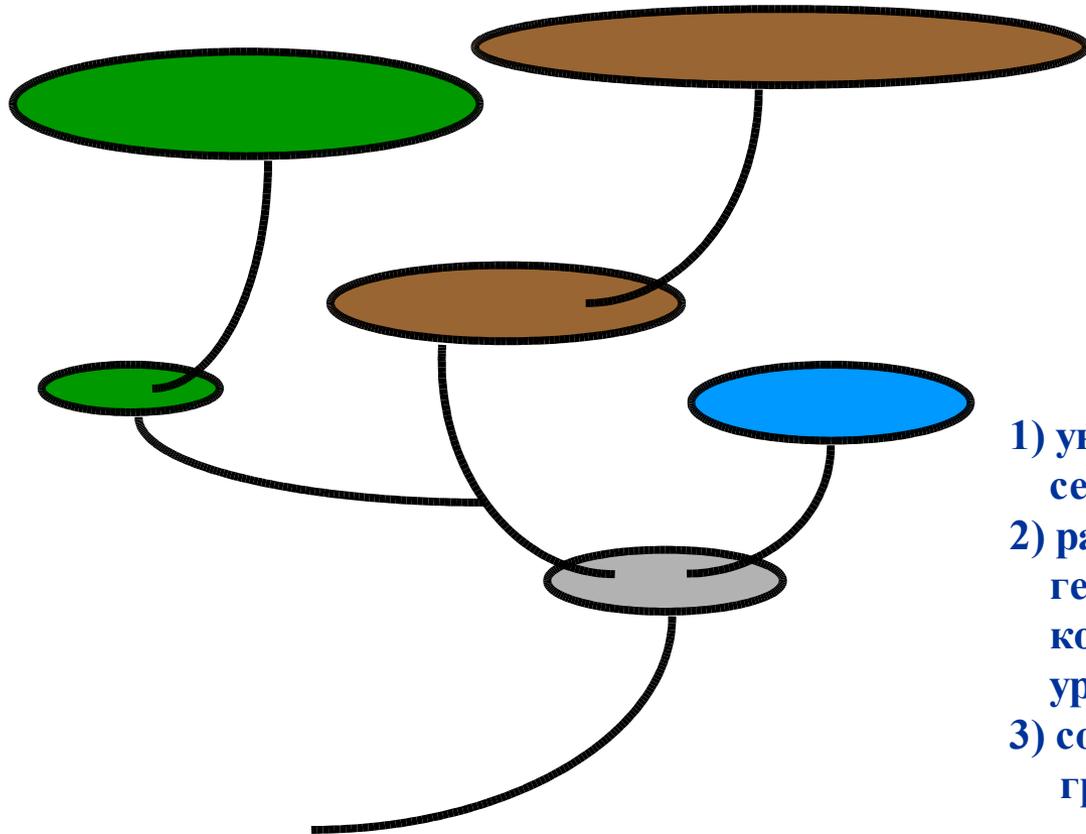


- 1) онтогенез (индивидуальное развитие) приблизительно повторяет филогенез;
- 2) выбор нескольких, наиболее важных признаков, по которым проводится оценка продвинутойности родов, семейств и т. д. (обычно в отношении специализации);
- 3) представление филогении в форме дерева (генеалогического дерева);
- 4) размещение групп на концах ветвей;
- 5) отсутствие характеристики предковых форм



Филогенетическая систематика первой половины 20

века (Гоби, Кузнецов, Тахтаджян и др.)



- 1) укрупнение групп до объема семейств и порядков;
- 2) расширение набора филогенетически важных признаков, разделение их на признаки уровня и родства;
- 3) создание кодекса продвинутости групп на основе признаков уровня.



Филогенетическая систематика первой половины 20 века

(Гоби, Кузнецов, Тахтаджян и др.)



Другие важные особенности:

- 4) оценка *скорости эволюции* групп, которая в разных филогенетических ветвях может значительно различаться;
- 5) учет степени расхождения ветвей (дивергенции), которая определяется количеством накопленных отличий в сравниваемых группах;
- 6) вовлечение признаков анатомического строения (строение проводящей системы и др.), эмбриологических данных (например, характер микроспорогенеза), биохимического состава, строения микроструктур (спор, пыльцевых зерен и др.);
- 7) проработка по этим параметрам параллельно всех крупных таксономических групп.



Филогенетическая систематика

Общие признаки



- 1) наличие нескольких абсолютных шкал примитивности - продвинутости;
- 2) доминирование при систематизации групп классификационных подходов, использование этих групп как единиц филогенетических реконструкций;
- 3) Определение ранга группы по степени различий (морфологический гиатус);
- 4) Принятие в системах парафилетических групп наряду с монофилетическими



Общие признаки кладистики



- 1) Группировка объектов по синапоморфному сходству (совместное обладание эволюционно продвинутым признаком);**
- 2) Ревизия систем по результатам филогенетических реконструкций;**
- 3) Ранжирование групп по порядку ветвления кладограмм;**
- 4) Принятие в системах только строго монофилетических групп (общий предок и все его потомки)**



Филогенетическая систематика второй половины 20 века (Вагнер, Хенниг, Истабрук и др.). Кладистика

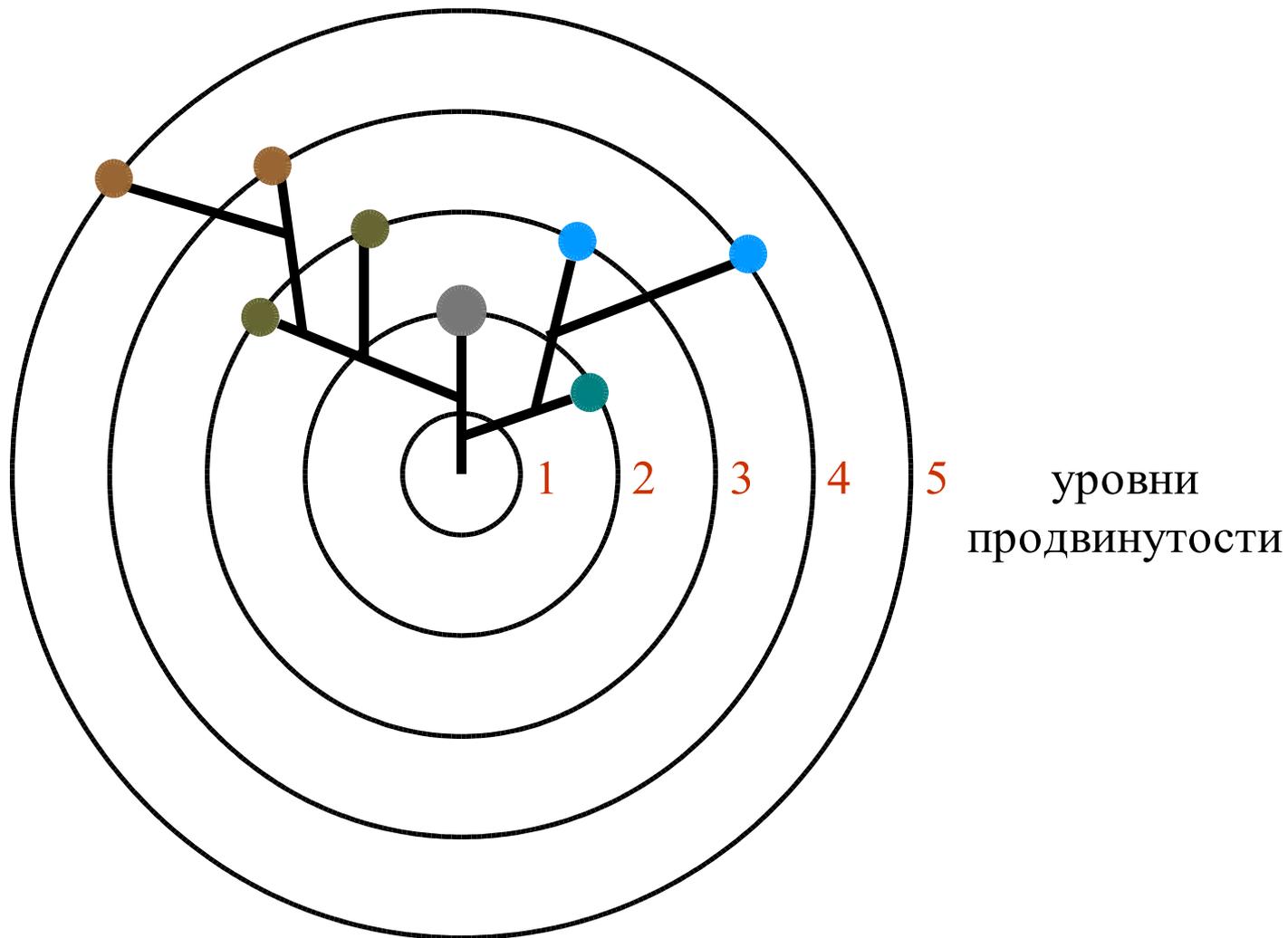


Некоторые основные характеристики:

- 1) выделение из общего сходства особых сходственных отношений - синапоморфий, которые и учитываются при построении схемы;**
- 2) отказ от конструкции предок - потомок (ни один из современных видов, родов и т.д. не должен рассматриваться как исходный по отношению к другому);**
- 3) отсутствие связи синапоморфного сходства с конкретным филогенетическим событием;**
- 4) параллельное и независимое формирование признаков.**



Дивергенция основного плана строения по Вагнеру (1961)





Концепция нового признака (Байков, 1999)



Определение

Новый признак возникает в пределах исследуемой группы на основе другого признака, который мы рассматриваем как исходный для него. Возникновение нового признака может быть связано: 1) с появлением *уникального* признака, не встречающегося в других группах; 2) с появлением *сходного* признака, но в другой морфолого-функциональной обстановке (иная признаковая среда)

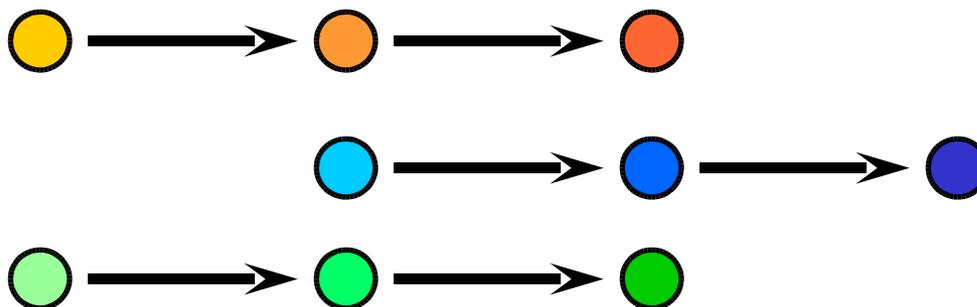


Концепция признаковой среды (Байков, 1999)



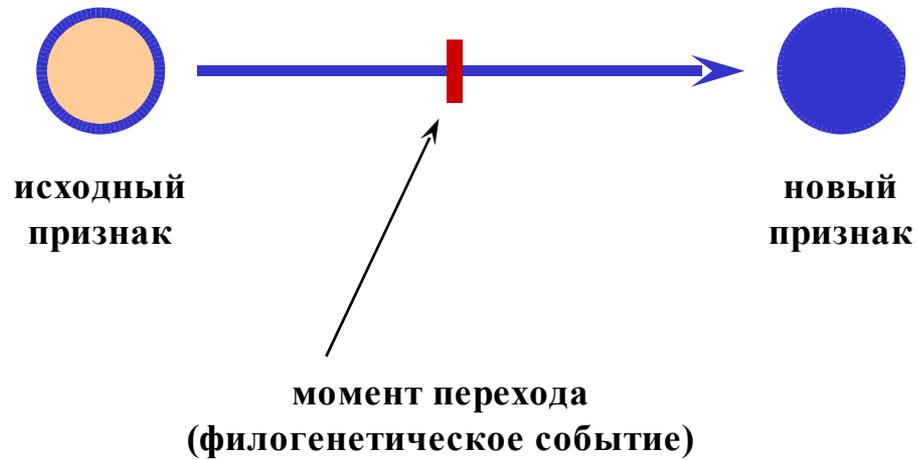
Определение

Признаковая среда - это морфолого-функциональные связи признаков (филетические координации и корреляции), в соответствии с которыми рассматривается вероятность возникновения нового признака. Оценивается как последовательность возникновения новых признаков, предшествовавшая возникновению данного нового признака.





Концепция элементарного эволюционного вектора (Байков, 1999)





Концепция элементарного эволюционного вектора

(Байков, 1999)



Определение

Элементарный эволюционный вектор - минимальное филогенетически значимое изменение признаков в сравнительно-морфологических рядах.





Тенденции эволюционных преобразований (1)



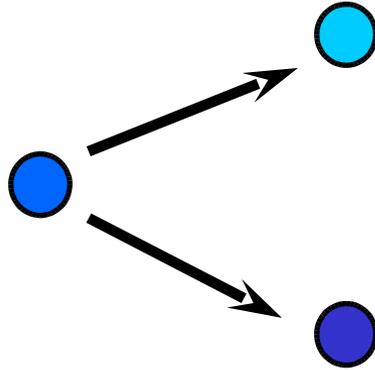
1) л и н е й н а я

Пример:

постепенное уменьшение ширины листьев в связи с общей криофитизацией, вызванной глобальным похолоданием климата Северной Азии



Тенденции эволюционных преобразований (2)



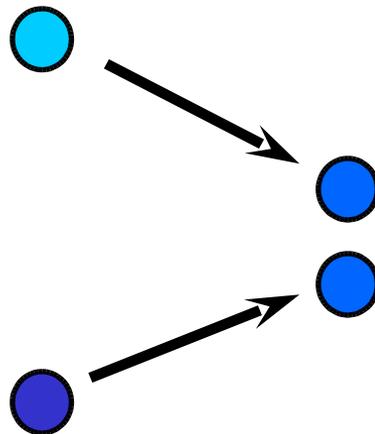
2) д и в е р г е н т н а я

Пример:

формирование на основе неглубоко трехборздных шаровид-ных плодов типа *Euphorbia potaninii*: 1) безборздных шаро-видных плодов типа *Euphorbia lutescens* вследствие утол-щения наружных слоев сочного околоплодника; 2) глубоко трехборздных сплюсненно-шаровидных плодов типа *Euphor-bia esula* вследствие уплотнения и высыхания наружных слоев околоплодника (экзокарпия).



Тенденции эволюционных преобразований (3)



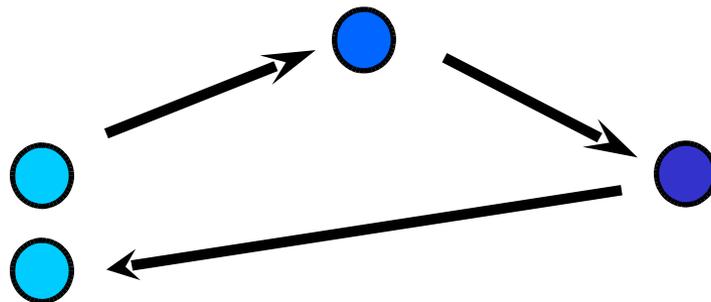
2) к о н в е р г е н т н а я

Пример:

формирование узких ксероморфных листьев параллельно в двух разных группах родства (секциях): 1) в группе бородавчатоплодных молочаев у *Euphorbia macrorhiza* (секция *Tulocarpa*); 2) в группе шероховатоплодных молочаев у *Euphorbia virgata* (секция *Esula*).



Тенденции эволюционных преобразований (4)



2) псевдоцикл (реверсия)

Пример:

формирование вторично гладких плодов в секции *Esula*.



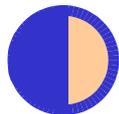
Дополнительные логические варианты в методе SYNAP



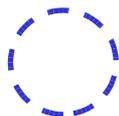
промежуточный признак



неизвестный признак



полиморфный признак

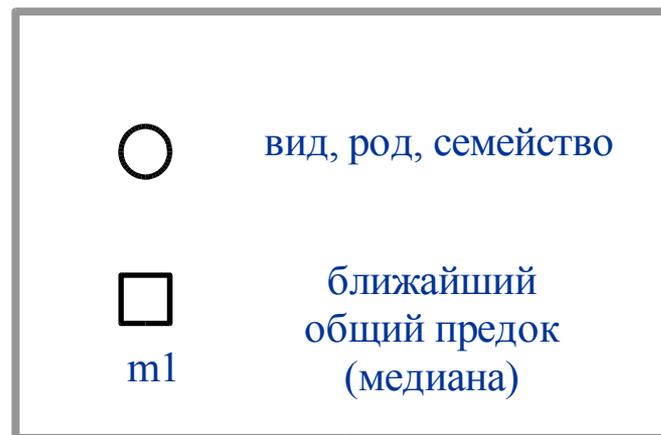
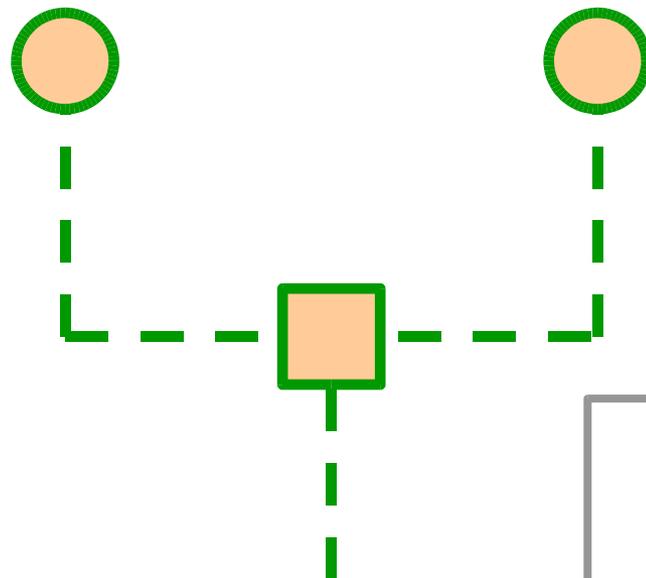


отсутствие вектора



Порядок сравнения объектов по методу SYNAP

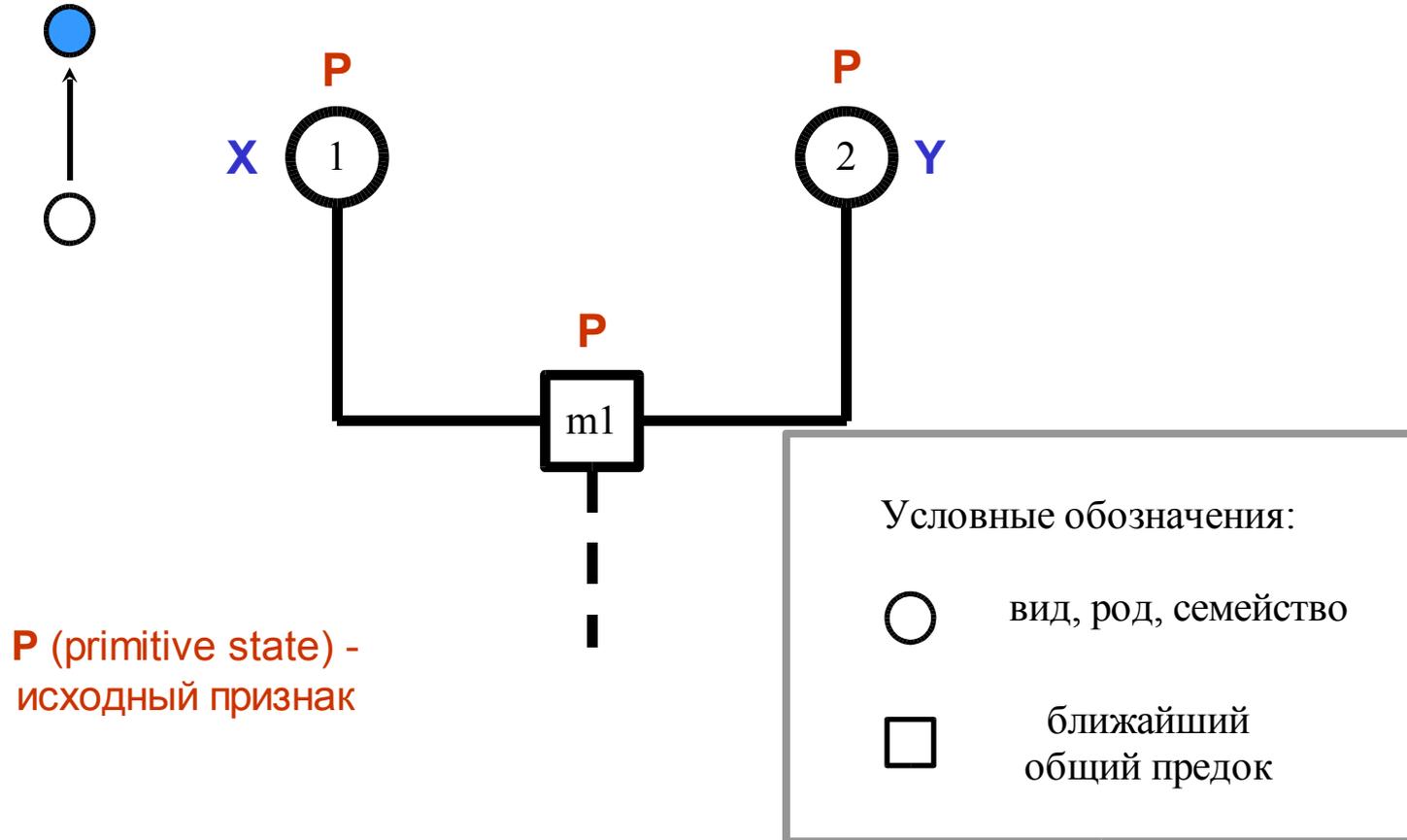
Общая схема





Порядок сравнения объектов по методу SYNAP

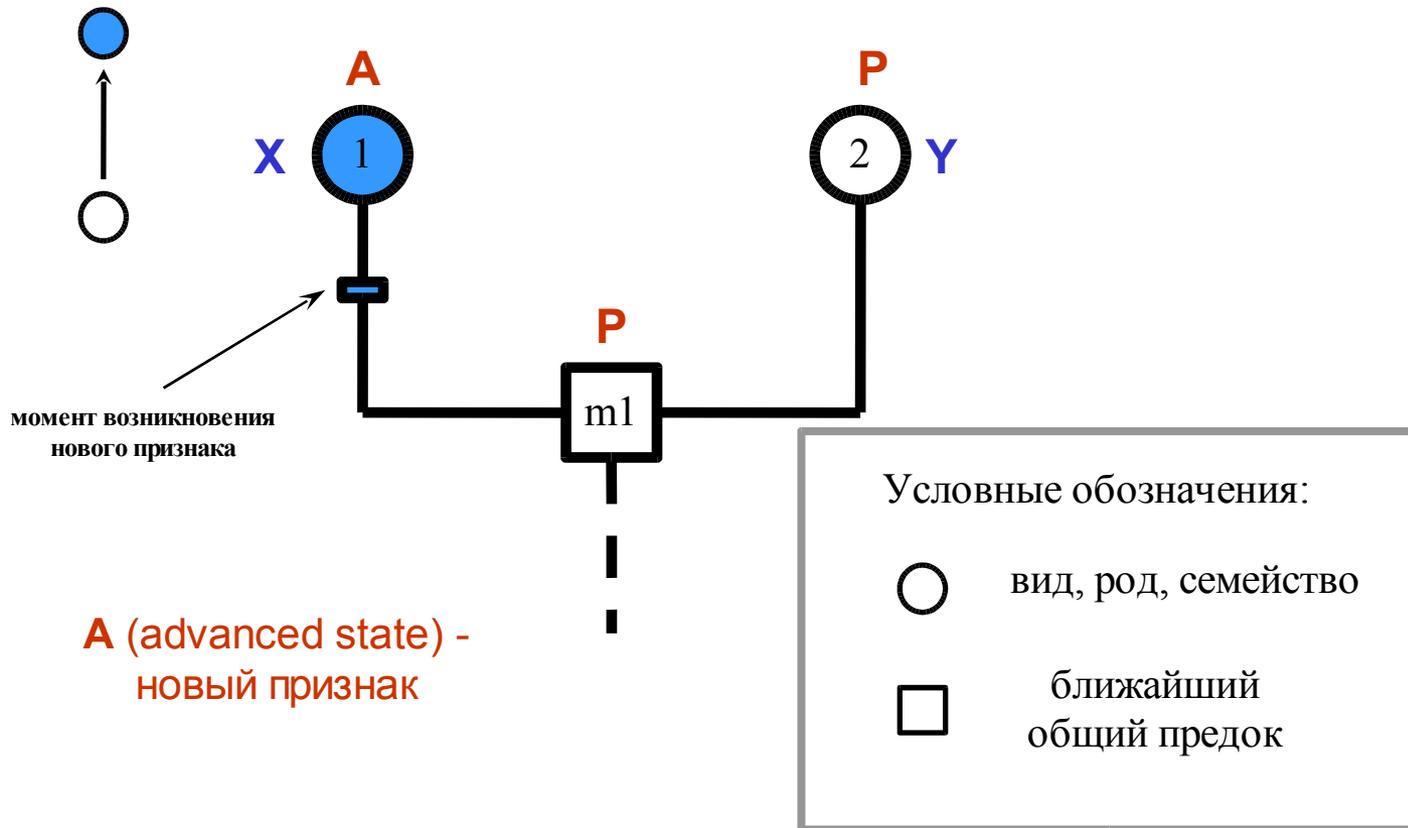
Вариант 1 (нет связи)





Порядок сравнения объектов по методу SYNAP

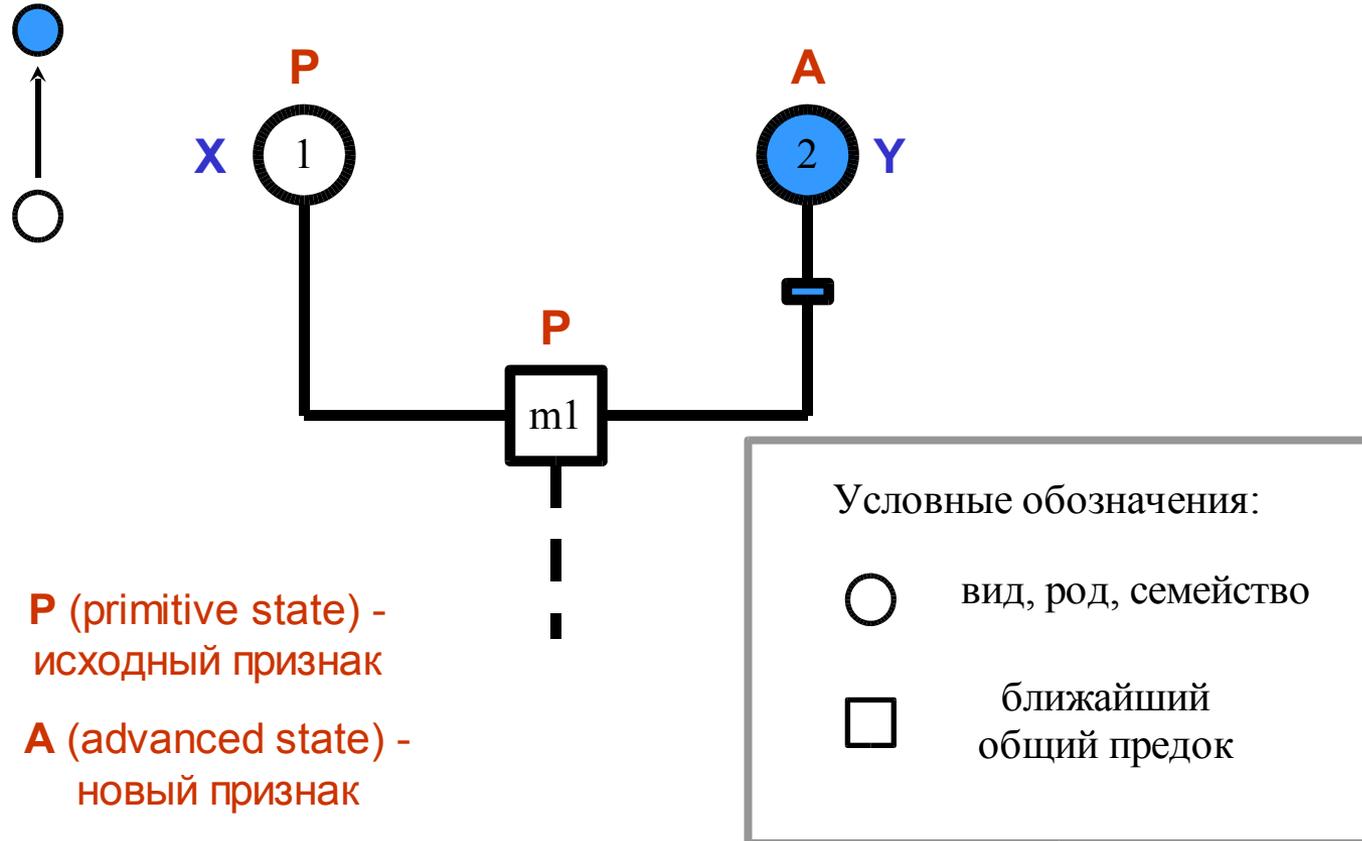
Вариант 2 (нет связи)





Порядок сравнения объектов по методу SYNAP

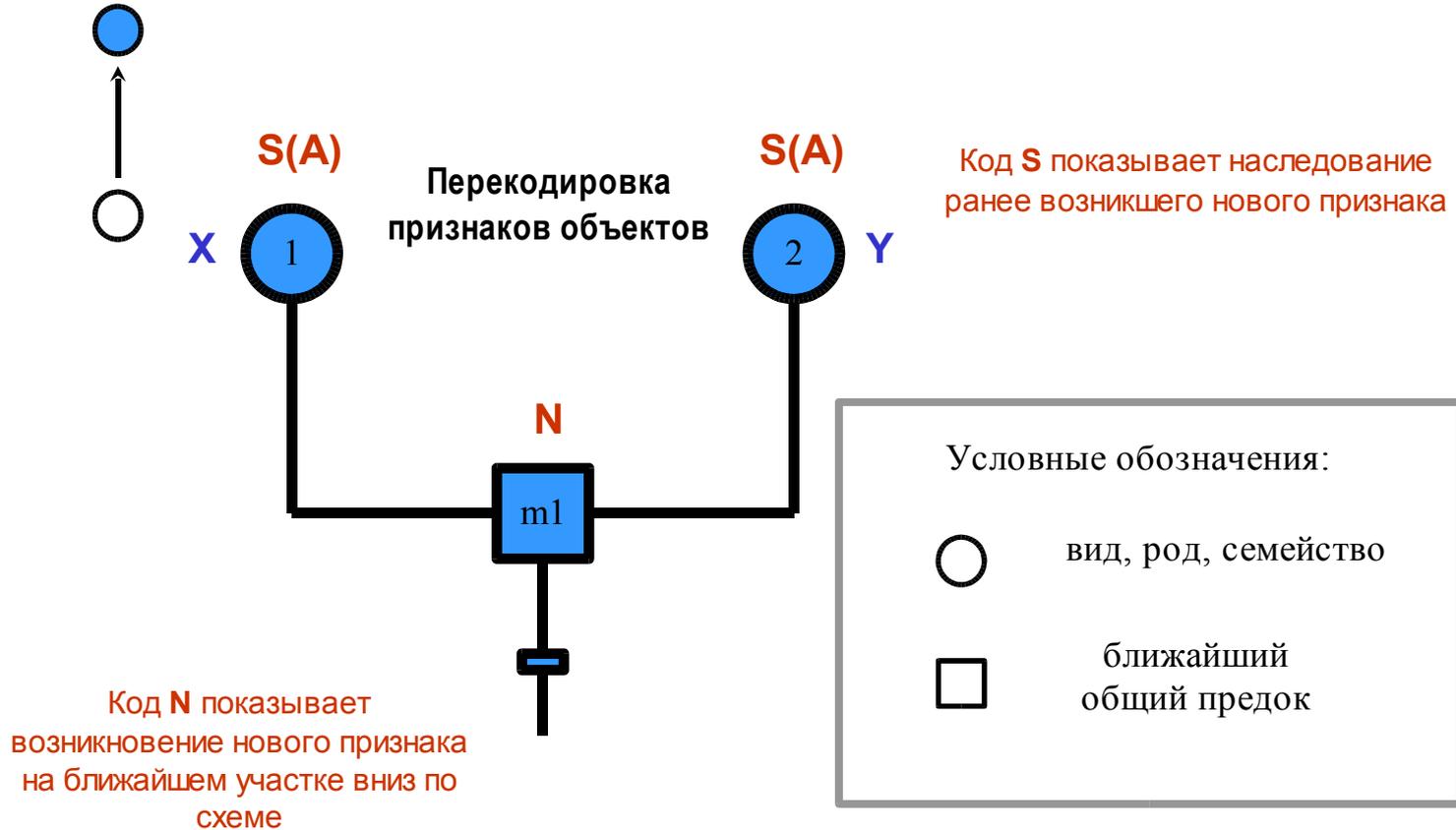
Вариант 3 (нет связи)





Порядок сравнения объектов по методу SYNAP

Вариант 4 (установлена связь)



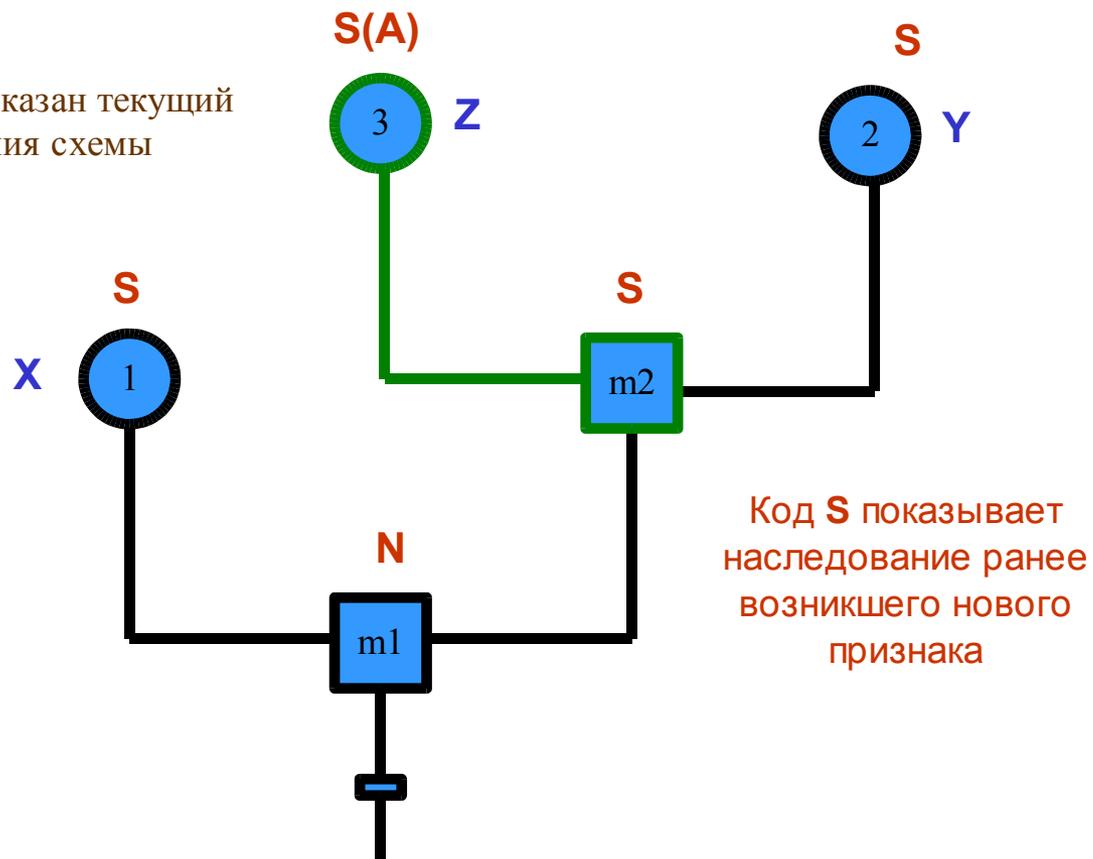


Порядок сравнения объектов по методу SYNAP

Вариант 5 (подтверждена ранее установленная связь)



зеленым цветом показан текущий фрагмент построения схемы

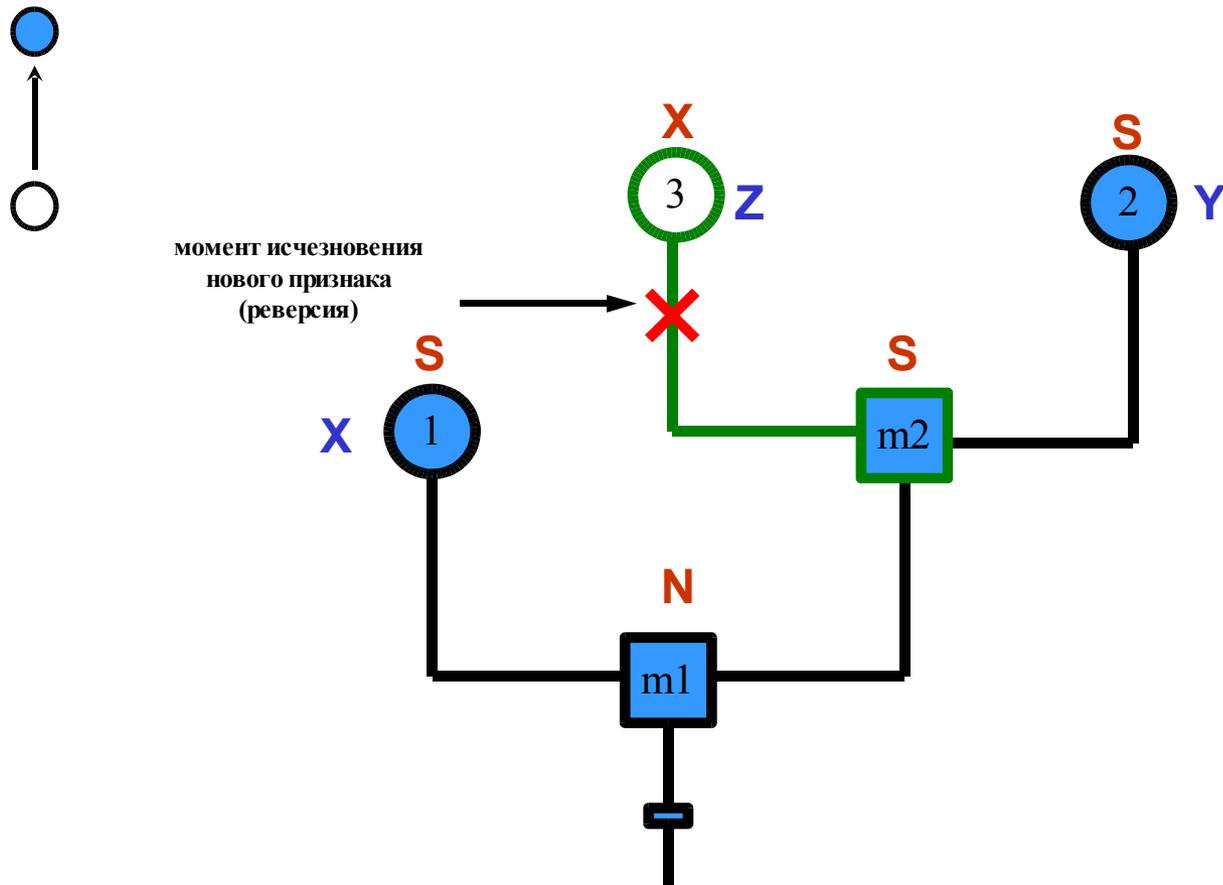


Код **S** показывает наследование ранее возникшего нового признака



Порядок сравнения объектов по методу SYNAP

Вариант 6 (реверсия)



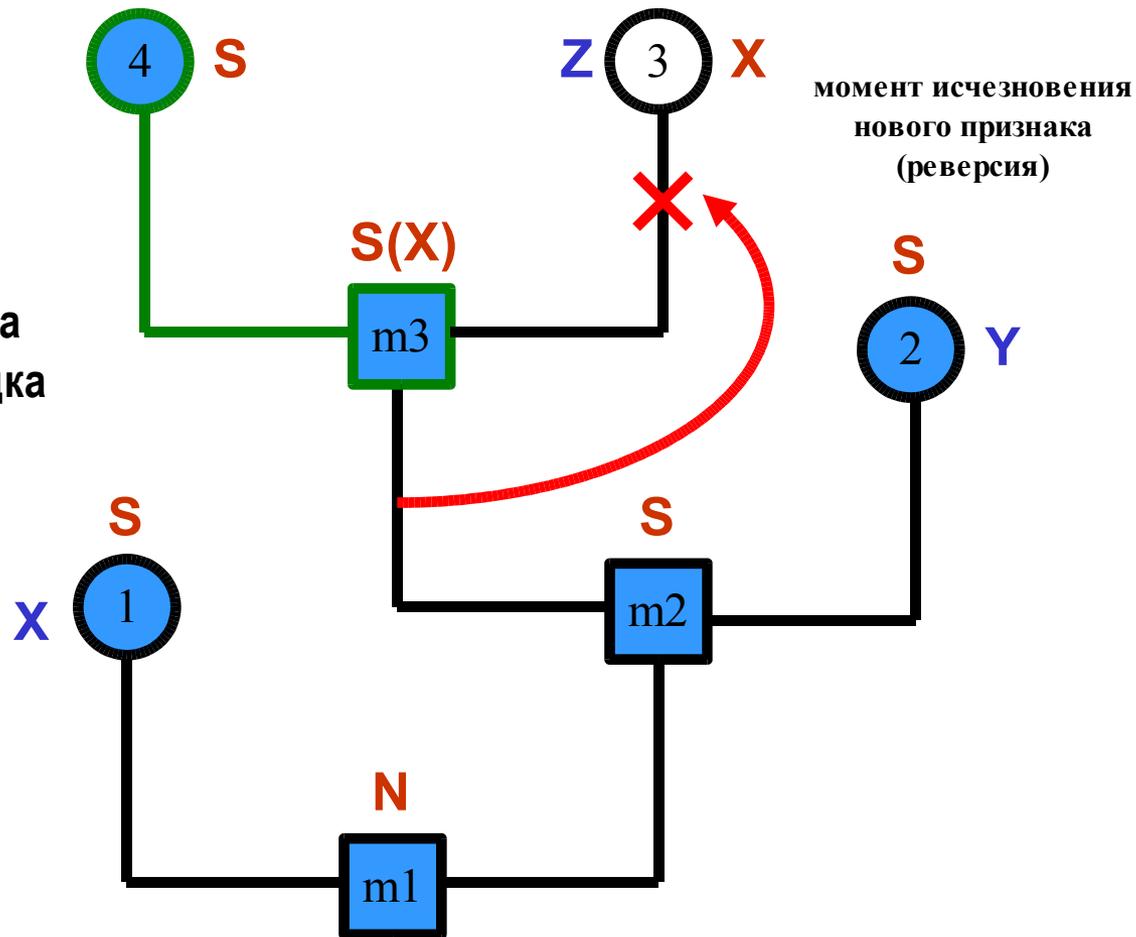


Порядок сравнения объектов в методе SYNAP

Вариант 7 (перемещение точки реверсии)



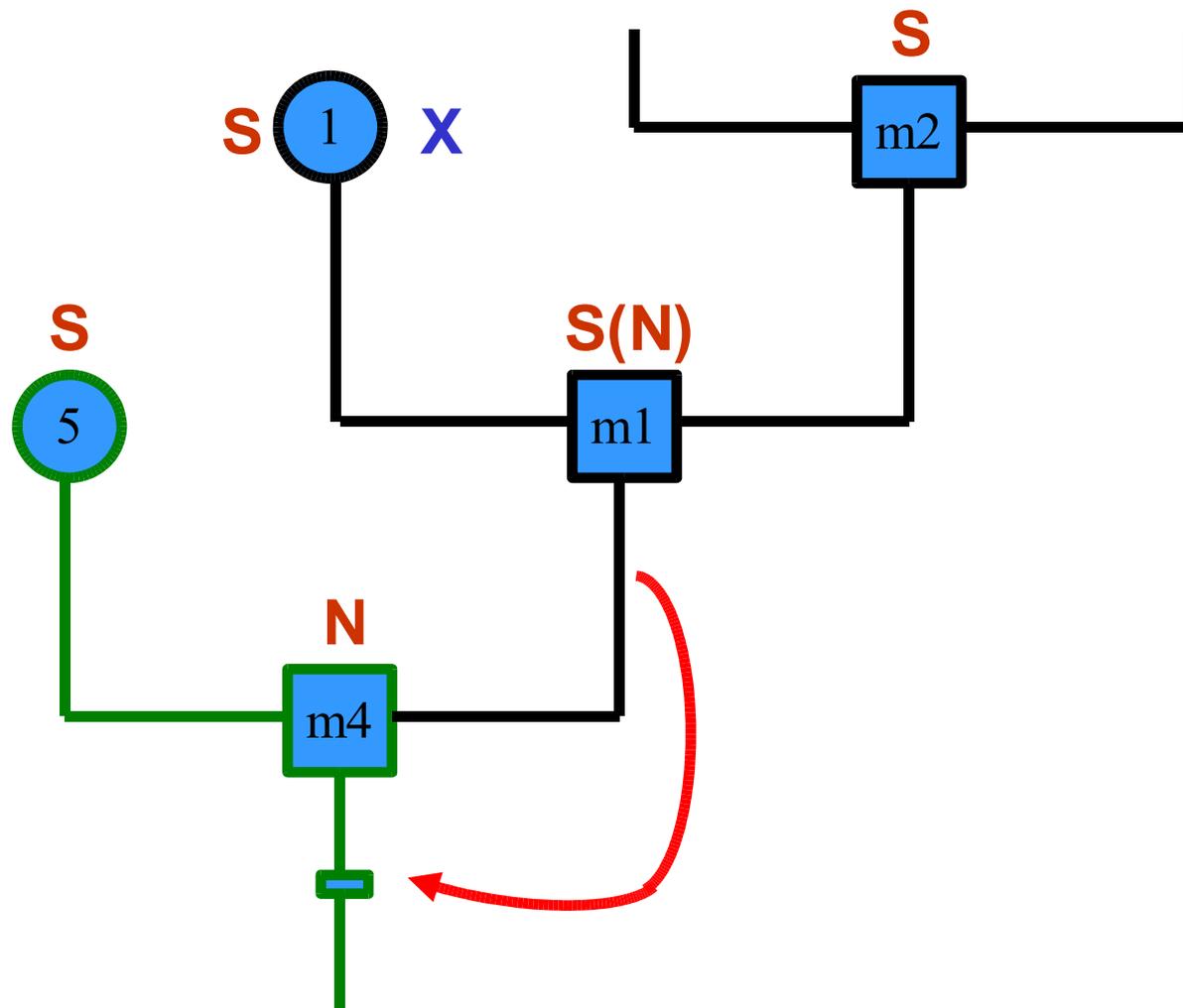
Перекодировка признаков предка





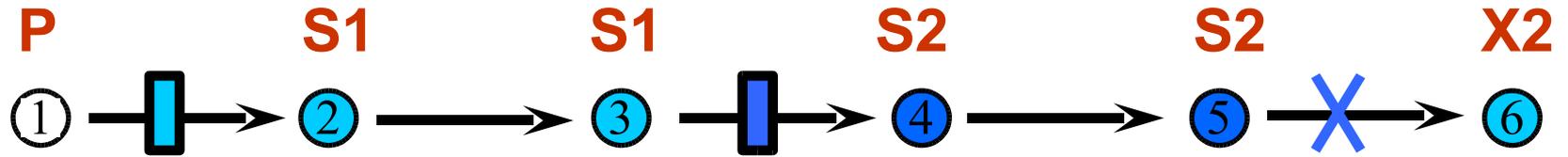
Порядок сравнения объектов в методе SYNAP

Вариант 8 (перемещение момента возникновения нового признака вниз по схеме)



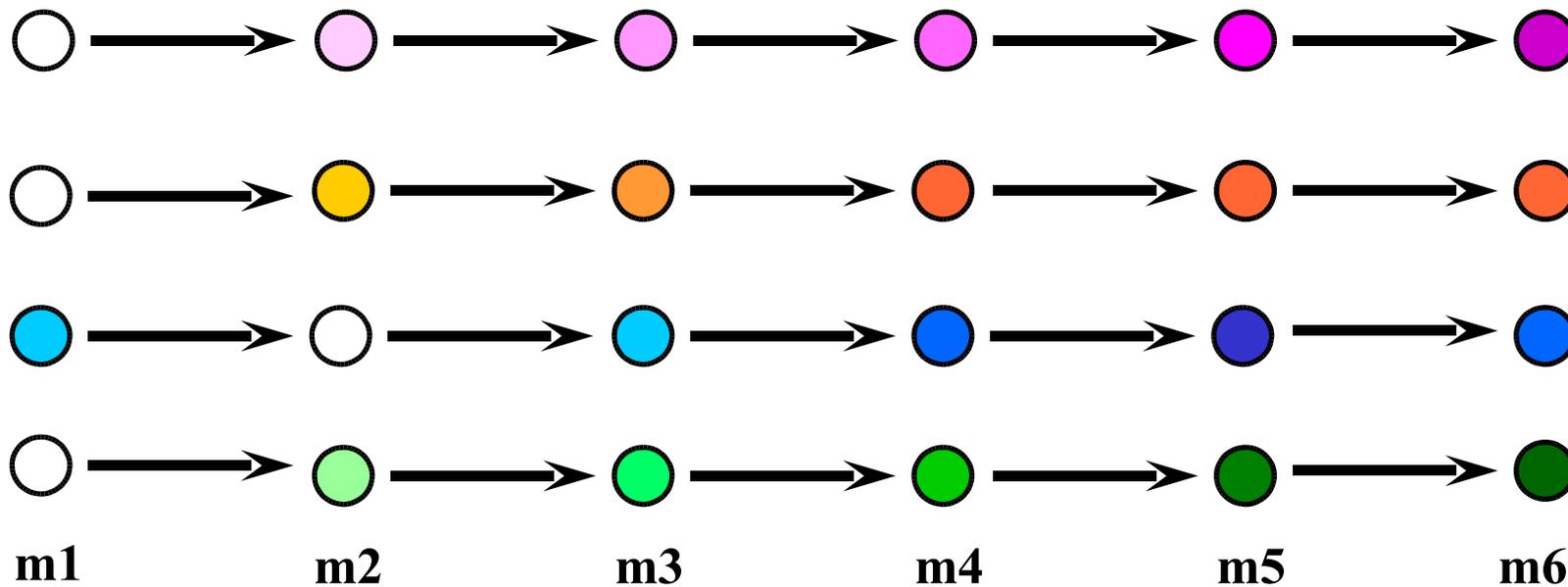


Сравнительно-морфологический ряд из трех признаков с одной реверсией





По такой схеме анализируются одновременно все признаки





Список векторов для оценки филогенетических связей молочаев Северной Азии Секция *Esula* (1)



1. Соцветие рассредоточенное, боковое → верхушечное.
2. Нектарники почковидные → двурогие.
3. Длина наружных брактеев равна или превышает ширину → меньше ширины.
4. Рожки отходят от внутренней стороны нектарников → от края нектарников.
5. Листья широкие (более 15 мм), тонкие → более узкие (до 15 мм), плотные.
6. Столбики 3–4 мм дл. → 2–3 мм дл.
7. Рожки длинные, тонкие → длинные, плотные.
8. Рожки длинные, плотные → короткие, плотные.
9. Наружные брактеев уже срединных листьев → шире средин. листьев.
10. Плоды отчетливо приподнято-точечные или бугорчато-складчатые → шероховатые.



Список векторов для оценки филогенетических связей молочаев Северной Азии Секция *Esula* (2)



11. Растения свыше 40 см выс. → обычно не превышают 40 см в выс.
12. Растения голые → коротко бархатисто опушенные.
13. Верхушечный зонтик многолучевой (обычно более 8), под ним - многочисленные боковые лучи → малолучевой (4–8), с малым числом боковых лучей.
14. Лучи соцветия 1–3 раза двураздельные → простые или однажды двураздельные.
15. Листья широкие плотные → узкие.
16. Срединные листья в основании узкоклиновидные, оттянутые.
17. Листья короткие, узко-яйцевидные или эллиптические.
18. Листья в основании заметно расширенные, полусердцевидные.
19. Срединные листья свыше 2 мм шир. → до 2 мм шир.
20. Плоды шероховатые → почти гладкие.



Список векторов для оценки филогенетических связей молочаев Северной Азии Секция *Esula* (3)



21. Столбики 2–3 мм дл. → 1–2 мм дл.
22. Плоды голые → коротко бархатисто опушенные.
23. Лучи зонтика в числе 5, тонкие, изогнутые, брактей лопастные.
24. Нектарники бурые → пурпурово-черные.
25. Лучи 1–2 отдельные → многократно двураздельные, нижние брактей оч. крупные.
26. Листья верхней мутовки (обертки) в основании не расширенные → ушковидно расширенные.



Оптимизированная матрица данных



Виды	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	INDEX
LUC	1	1	1	.	1	4
MAN	1	1	1	1	1	1	1	7
VIR	1	1	1	1	1	1	.	.	1	7
LAT	1	1	1	1	.	1	1	1	.	1	8
BOR	1	1	1	1	.	1	1	1	.	1	8
URA	1	1	1	1	1	1	.	.	1	1	.	.	B	.	1	9
DAH	1	1	1	1	1	1	1	1	1	.	.	.	1	.	B	10
CHA	1	1	1	1	1	1	1	.	1	.	1	.	.	1	1	11
ROS	1	1	1	1	1	1	1	.	1	.	1	.	1	1	1	13
CAE	1	1	.	1	1	1	1	.	1	.	1	.	1	1	.	.	1	.	1	.	1	13
KIR	1	1	.	1	1	1	1	.	1	.	1	.	1	1	1	1	13
ESU	1	1	1	1	1	1	1	.	1	1	1	B	.	.	1	1	.	.	.	1	13
TSH	1	1	1	1	1	1	1	.	1	1	1	.	1	1	B	1	13
SUB	1	1	1	1	1	1	1	.	1	.	1	.	1	1	.	.	1	.	.	1	14
LUN	1	1	1	1	1	1	1	.	1	.	1	.	1	1	.	.	B	.	.	1	1	14
CYP	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	.	1	1	B	.	.	1	.	1	.	1	15
LEN	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	.	1	.	1	1	.	.	.	1	.	.	.	1	.	.	16
BOR	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	.	1	1	1	1	.	.	.	1	16
LEO	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	B	.	1	1	1	.	.	1	.	1	16
MAA	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	.	1	1	1	1	.	.	.	1	.	1	17
MIC	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	.	1	1	1	1	.	.	1	.	1	17
AND	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	.	.	1	1	.	1	17
SAU	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	.	.	1	.	.	1	.	1	17
KAR	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	.	.	1	1	1	.	.	1	.	.	20



Пошаговый протокол моделирования филогенеза в секции *Esula* (1)



Шаг	Объекты		00000000011111111112222222 12345678901234567890123456	INDEX
1	LUC		111.1.....	4.0
2	MAN		1111111.....	7.0
	MAN/LUC	m01	NNN.N.....	4.0
3	VIR		111111..1.....	7.0
	VIR/MAN	m02	SSSN.SN.....	6.0
	VIR/m01		NNN.N.....	4.0
	VIR/LUC		SSS.S.....	4.0
4	LAT		1111.111.1.....	8.0
	LAT/MAN	m03	SSSSXSN.....	5.0 r
	LAT/VIR		SSSSXS.....	4.0
	LAT/m02		SSSNXN.....	4.0
	LAT/m01		NNN.....	3.0
	LAT/LUC		SSS.X.....	2.0
5	BOR		1111.111.1.....	8.0
	BOR/LAT	m04	SSSSXSSN.N.....	7.0 r
	BOR/m03		SSSSXSN.....	5.0
	BOR/MAN		SSSSXSS.....	5.0
	BOR/m02		SSSNXN.....	4.0
	BOR/VIR		SSSSXS.....	4.0
	BOR/m01		NNN.....	3.0
	BOR/LUC		SSS.X.....	2.0



Пошаговый протокол моделирования филогенеза в секции *Esula* (2)



6	URA	m05	111111..1.....1...B.1.....	9.0
	URA/VIR		SSSSSS..N.....	7.0
	URA/m03		SSSSSS.....	6.0
	URA/m02		SSSNSN.....	6.0
	URA/MAN		SSSSSSX.....	5.0
	URA/m04		SSSSSSX.....	5.0
	URA/LUC		SSS.S.....	4.0
	URA/m01		NNN.N.....	4.0
	URA/LAT		SSSS.SXX.X.....	2.0
	URA/BOR		SSSS.SXX.X.....	2.0
7	DAH	m06	111111111....1.B.....	10.0
	DAH/m04		SSSSSSSN.....	8.0
	DAH/m05		SSSSSS..N.....	7.0
	DAH/URA		SSSSSS..S.....	7.0
	DAH/m03		SSSSSSN.....	7.0
	DAH/MAN		SSSSSSS.....	7.0
	DAH/VIR		SSSSSS..S.....	7.0
	DAH/m02		SSSNSN.....	6.0
	DAH/BOR		SSSS.SSS.X.....	6.0
	DAH/LAT		SSSS.SSS.X.....	6.0
8	CHA	m07	1111111.1.1..1.....1.....	11.0
	CHA/DAH		SSSSSSSXN....N.....	8.0 r
	CHA/URA		SSSSSS..S.....N.....	8.0
	CHA/m05		SSSSSS..N.....	7.0



Правила выбора лучшей медианы



- (1) соединение одинаковых медиан (политомия)
- (2) по максимуму кодов S (возникший ранее)
- (3) по максимуму кодов N (новый)
- (4) по максимуму уникальных N (парные)
- (5) по максимуму кодов B (полиморфизмы)
- (6) по максимуму кодов U (неизвестные)
- (7) соединение с «висящим» объектом
- (8) по минимуму кодов M (отсутствие)
- (9) по минимуму кодов R (реверсии)



Пошаговый протокол моделирования филогенеза в секции *Esula* (3)



	CHA/m03		SSSSSSN.....	7.0
	CHA/MAN		SSSSSSS.....	7.0
	CHA/m06		SSSSSSS.....	7.0
	CHA/VIR		SSSSSS..S.....	7.0
	CHA/m02		SSSNSN.....	6.0
	CHA/m04		SSSSSSSX.....	6.0
	CHA/LUC		SSS.S.....	4.0
	CHA/LAT		SSSS.SSX.X.....	4.0
	CHA/m01		NNN.N.....	4.0
	CHA/BOR		SSSS.SSX.X.....	4.0
9	ROS		1111111.1.1.111.....1.....	13.0
	ROS/CHA	m08	SSSSSSXS.N..S.....N.....	10.0 r
	ROS/URA		SSSSSS..S.....N.....N.....	9.0
	ROS/m07		SSSSSSSXN....N.....	8.0
	ROS/DAH		SSSSSSXS....S.....	8.0
	ROS/m05		SSSSSS..N.....	7.0
	ROS/m03		SSSSSSN.....	7.0
	ROS/MAN		SSSSSSS.....	7.0
	ROS/m06		SSSSSSS.....	7.0
	ROS/VIR		SSSSSS..S.....	7.0
	ROS/m04		SSSSSSSX.....	6.0
	ROS/m02		SSSNSN.....	6.0
	ROS/LUC		SSS.S.....	4.0
	ROS/LAT		SSSS.SSX.X.....	4.0
	ROS/m01		NNN.N.....	4.0
	ROS/BOR		SSSS.SSX.X.....	4.0



Пошаговый протокол моделирования филогенеза в секции *Esula* (4)



10	CAE		11.1111.1.1.111...1.1....	13.0
	CAE/ROS	m09	SSXSSSS.S.S.NSN....S....	11.0 r
	CAE/CHA		SSXSSSS.S.S..S....S....	9.0
	CAE/m08		SSXSSSSXS.N..S....N....	8.0
	CAE/URA		SSXSSS..S....N...B.N....	7.0
	CAE/DAH		SSXSSSSXS....S.....	6.0
	CAE/m07		SSXSSSSXN...N.....	6.0
	CAE/m05		SSXSSS..N.....	5.0
	CAE/m03		SSXSSSN.....	5.0
	CAE/m06		SSXSSSS.....	5.0
	CAE/VIR		SSXSSS..S.....	5.0
	CAE/MAN		SSXSSSS.....	5.0
	CAE/m04		SSXSSSSX.....	4.0
	CAE/m02		SSXNSN.....	4.0
	CAE/m01		NN..N.....	3.0
	CAE/LUC		SSX.S.....	2.0
	CAE/LAT		SSXS.SSX.X.....	2.0
	CAE/BOR		SSXS.SSX.X.....	2.0
11	KIR		11.1111.1.1.1111....1....	13.0
	KIR/m09	=m09	SSXSSSS.S.S.NSN....S....	11.0
	KIR/CAE		SSXSSSS.S.S.SSS....S....	11.0
	KIR/ROS		SSXSSSS.S.S.SSS....S....	11.0
	KIR/CHA		SSXSSSS.S.S..S....S....	9.0
	KIR/m08		SSXSSSSXS.N..S....N....	8.0
	KIR/URA		SSXSSS..S....N...N....	7.0
	KIR/m07		SSXSSSSXN...N.....	6.0



Пошаговый протокол моделирования филогенеза в секции *Esula* (5)



	KIR/DAH		SSXSSSSXS S . B	6.0
	KIR/m05		SSXSSS . . N	5.0
	KIR/m03		SSXSSSN	5.0
	KIR/m06		SSXSSSS	5.0
	KIR/VIR		SSXSSS . . S	5.0
	KIR/MAN		SSXSSSS	5.0
	KIR/m02		SSXNSN	4.0
	KIR/m04		SSXSSSSX	4.0
	KIR/m01		NN . . N	3.0
	KIR/LUC		SSX . S	2.0
	KIR/LAT		SSXS . SSX . X	2.0
	KIR/BOR		SSXS . SSX . X	2.0
2	ESU		1111111 . 111B . . 11 1	13.0
	ESU/KIR	m10	SS . SSSS . S . S . . SS S	11.0
	ESU/m09		SSSSSSS . S . S . . XN S	10.0
	ESU/URA		SSSSSS . . S N N	9.0
	ESU/ROS		SSSSSSS . S . S . XXS S	9.0
	ESU/CHA		SSSSSSS . S . S . . X S	9.0
	ESU/CAE		SSSSSSS . S . S . XXS S	9.0
	ESU/m08		SSSSSSSXS . N . . X N	8.0
	ESU/m05		SSSSSS . . N	7.0
	ESU/MAN		SSSSSSS	7.0
	ESU/m03		SSSSSN	7.0
	ESU/m04		SSSSSSX . N	7.0
	ESU/m07		SSSSSSSXN	7.0
	ESU/VIR		SSSSSS . . S	7.0



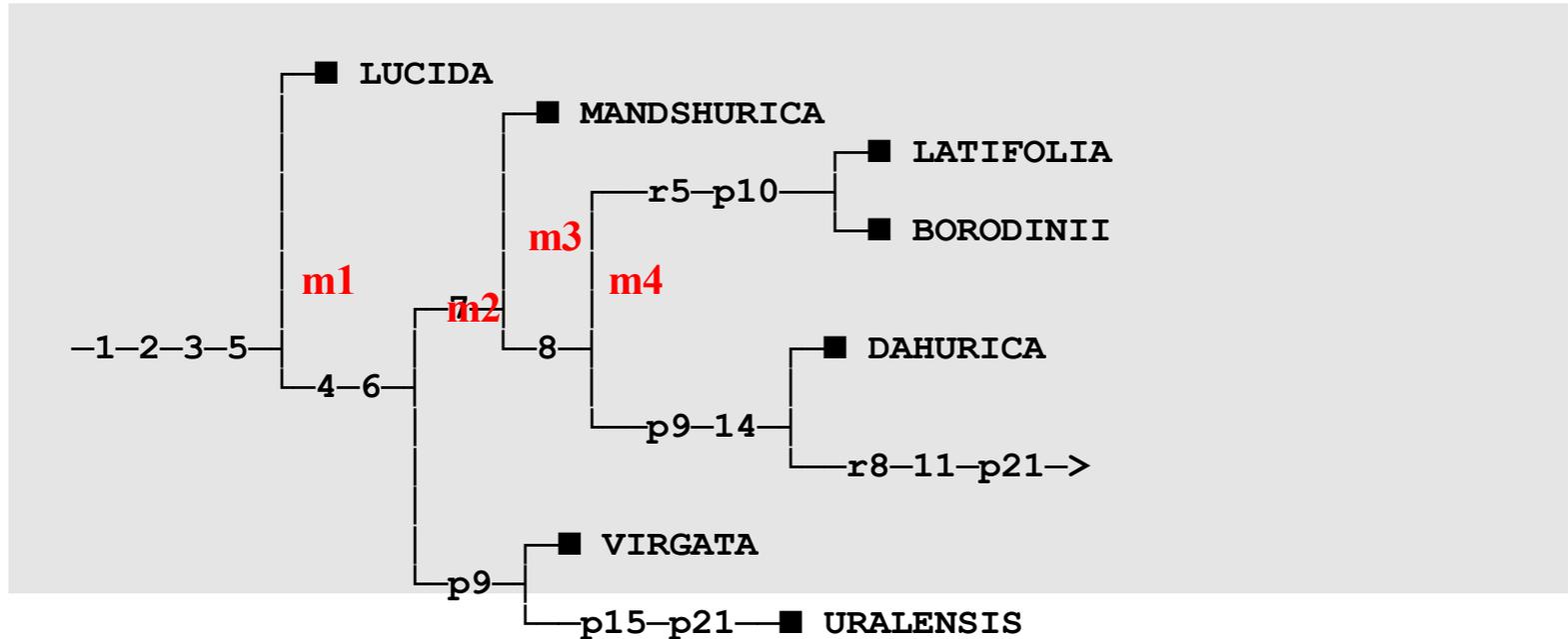
Пошаговый протокол моделирования филогенеза в секции *Esula* (6)



	ESU/m06		SSSSSSS.....	7.0
	ESU/DAH		SSSSSSSXS...X.B.....	6.0
	ESU/BOR		SSSS.SSX.S.....	6.0
	ESU/m02		SSSNSN.....	6.0
	ESU/LAT		SSSS.SSX.S.....	6.0
	ESU/LUC		SSS.S.....	4.0
	ESU/m01		NNN.N.....	4.0
13	TSH		1111111.111..11B....1.....	13.0
	TSH/m09	m11	SSSSSSS.S.S..SN....S.....	12.0
	TSH/ROS		SSSSSSS.S.S.XSS....S.....	11.0
	TSH/CAE		SSSSSSS.S.S.XSS....S.....	11.0
	TSH/CHA		SSSSSSS.S.S..S....S.....	11.0
	TSH/ESU		SSNSSSS.SNS...SX....S.....	11.0
	TSH/KIR		SS.SSSS.S.S..NSX....S.....	10.0
	TSH/m10		SS.SSSS.S.S..NB....S.....	10.0
	TSH/m08		SSSSSSSXS.N..S....N.....	10.0
	TSH/URA		SSSSSS..S....N....N.....	9.0
	TSH/m07		SSSSSSSXN....N.....	8.0
	TSH/DAH		SSSSSSSXS...S.B.....	8.0
	TSH/m05		SSSSSS..N.....	7.0
	TSH/m04		SSSSSSSX.N.....	7.0
	TSH/m06		SSSSSSS.....	7.0
	TSH/MAN		SSSSSSS.....	7.0
	TSH/VIR		SSSSSS..S.....	7.0
	TSH/m03		SSSSSSN.....	7.0
	TSH/m02		SSSNSN.....	6.0



Фрагмент филогенетической схемы (основание)



Количество активных вектор-признаков: 26. Количество активных объектов: 24. Число филогенетических событий: 49, из них уникальных – 23, параллелизмов – 23, реверсий – 3.



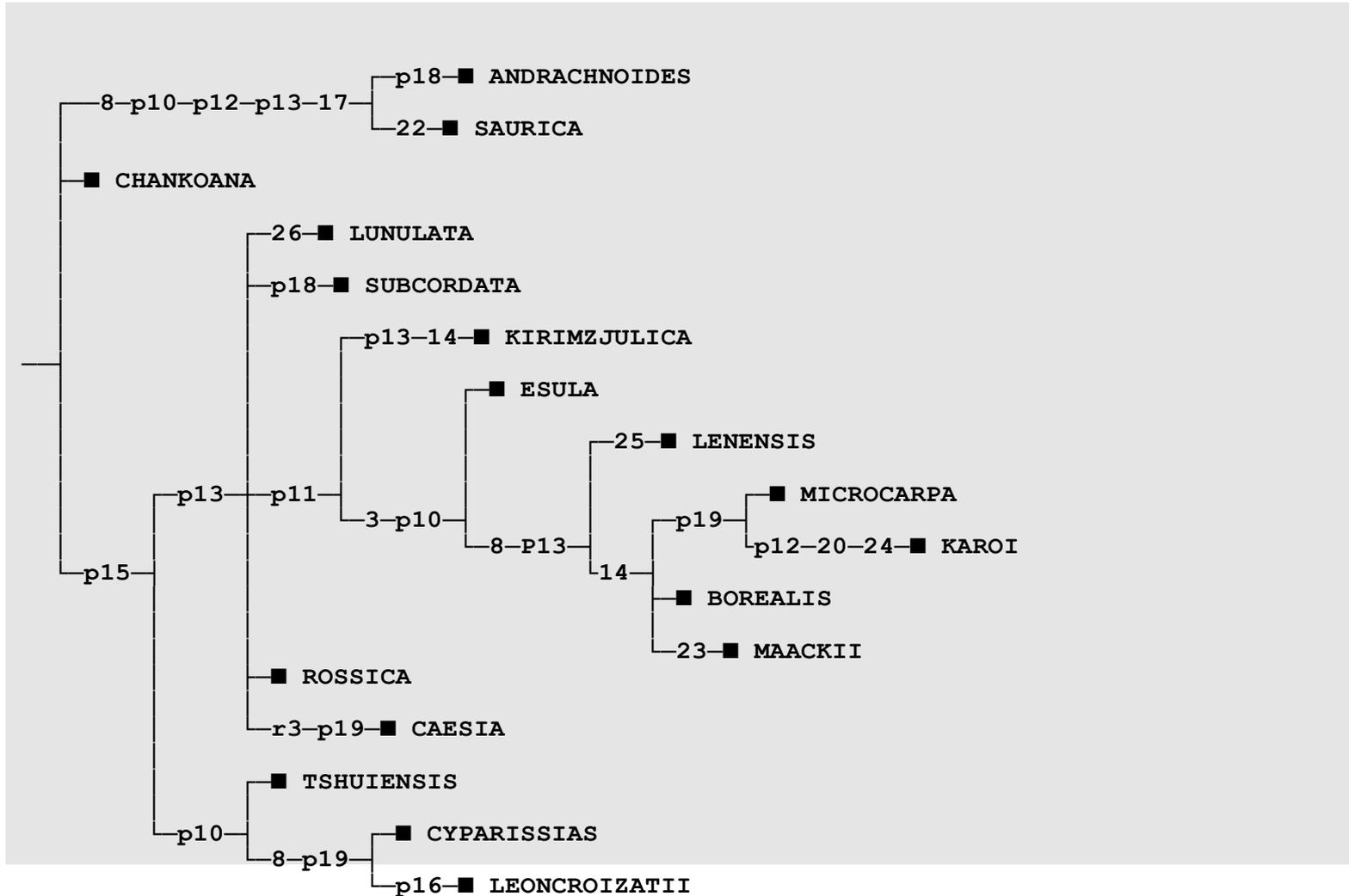
Пошаговый протокол моделирования филогенеза в секции *Esula* (7)



	TSH/BOR		SSSS.SSX.S.....	6.0
	TSH/LAT		SSSS.SSX.S.....	6.0
	TSH/LUC		SSS.S.....	4.0
	TSH/m01		NNN.N.....	4.0
14	SUB		1111111.1.1.111..1..1....	14.0
	SUB/m09	=m09	SSSSSSS.S.S.NSS.....S.....	13.0
	SUB/CAE		SSSSSSS.S.S.SSS.....S.....	13.0
	SUB/ROS		SSSSSSS.S.S.SSS.....S.....	13.0
	SUB/TSH		SSSSSSS.S.S..SS.....S.....	12.0
	SUB/m11		SSSSSSS.S.N..SN.....N.....	12.0
	SUB/CHA		SSSSSSS.S.S..S.....S.....	11.0
	SUB/KIR		SS.SSSS.S.S.NNSX....S.....	11.0
	SUB/ESU		SSNSSSS.S.S...SX....S.....	10.0
	SUB/m08		NNSNNNXN.N..S.....N.....	10.0
	SUB/m10		SS.SSSS.S.S...N.....S.....	10.0
	SUB/URA		SSSSSS..S.....N.....N.....	9.0
	SUB/m07		SSSSSSSXN....N.....	8.0
	SUB/DAH		SSSSSSXS....S.....	8.0
	SUB/m06		SSSSSS.....	7.0
	SUB/m05		SSSSSS..N.....	7.0
	SUB/VIR		SSSSSS..S.....	7.0
	SUB/MAN		SSSSSS.....	7.0
	SUB/m03		SSSSSN.....	7.0
	SUB/m02		SSSNSN.....	6.0
	SUB/m04		SSSSSSSX.....	6.0
	SUB/LUC		SSS.S.....	4.0



Фрагмент филогенетической схемы (вершина)





Публикации по теме (1)



***Байков К.С.* SYNAP — новый алгоритм филогенетических построений // Журн. общ. биол. 1996. Т. 57. № 2. С. 165–176.**

***Baikov K.S.* SYNAP — a new algorithm for phylogeny reconstruction // **International Senckenberg Conference. Global Biodiversity Research in Europe.** Frankfurt a. M. December 9-13, 1996. P. 8–9.**

***Байков К.С.* Реконструкция филогенеза по алгоритму SYNAP // **IX Московское совещание по филогении растений: Материалы** / Под ред. чл.-кор. РАН, проф. В.Н. Тихомирова. М., 1996. С. 5–8.**

***Байков К.С.* Основы моделирования филогенеза по методу SYNAP. Новосибирск. 1999. 95 с.**



Публикации по теме (2)



Байков К.С. К вопросу построения филогенетической системы рода *Euphorbia* и близких родов // **X московское совещание по филогении растений: Материалы.** М. 2000. С. 14–17.

Байков К.С. Система секции *Holophyllum* рода *Euphorbia* // **Бюл. Моск. о-ва испытат. прир. Отд. биол.** Т. 105. Вып. 5. 2000. С. 44-47.

Baikov K.S. Systematics and phylogeny of *Euphorbia* L. from Northern Asia // **Proceedings of the First International Conference on Biodiversity and Dynamics of Ecosystems in North Eurasia.** Vol. 2. Novosibirsk. 2000. P. 24–26.

Baikov K.S., Zverev A.A., Baikova E.V. Logical modeling of phylogeny using method SYNAP // **Proceedings of the First International Conference on Biodiversity and Dynamics of Ecosystems in North Eurasia.** Vol. 1(1). Novosibirsk. 2000. P. 144–146.



Публикации по теме (3)



Байков К.С. К систематике молочаев (*Euphorbia* L.) Северной Азии: диагностика полиноминалов из "Flora Sibirica" И.Г. Гмелина // **Turczaninowia**. 2000. Т. 3. Вып. 4. С. 39-57.

Байков К.С. Систематика и филогения молочаев (*Euphorbia* L.) Северной и Северо-Восточной Азии // **Мат. конф. молодых ученых к 100-летию М.А. Лаврентьева**. Новосибирск. 2000. С. 4548.

Байкова Е.В., Байков К.С. Структура базального метамерного комплекса некоторых молочаев (*Euphorbia*) Северной Азии в связи с их репродуктивной стратегией // **Морфофизиология специализированных побегов многолетних травянистых растений**. Сыктывкар. 2000. С.31-34.

Baikov K.S. New approaches to integration of morphological and palynological data in phylogenetic reconstruction // **Abstr. 10th International Palynological Congress**. Nanjing. 2000. P. 7.

Baikov K.S., Zverev A.A. A new version of SYNAP computer program // **Proceedings of the Second International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure**. V. 2. P. 115-117.





Публикации по теме (4)



Байков К.С., Зверев А.А., Байкова Е.В. Компьютерное моделирование филогении по методу SYNAP // **Проблемы создания ботанических баз данных** (Новосибирск, 24-26 октября 2000 г.). М. 2000. С. 9-10.

Байков К.С., Байкова Е.В., Зверев А.А. Определение молочаев Северной Азии с помощью нового алгоритма SPLIT // **Проблемы создания ботанических баз данных** (Новосибирск, 24-26 октября 2000 г.). М. 2000. С. 11-13.

Байков К.С. Экологические и географические основания филогенетических связей молочаев из секции *Esula* (*Euphorbia*, Euphorbiaceae) в Северной Азии // Перв. Междунар. совещание “Биоразнообразие и динамика экосистем Северной Евразии: информационные технологии и моделирование“ (WITA’2001). Новосибирск. 2001. С. 57 (рус.), 246 (англ.).

Байков К.С. Различение строгих и нестрогих гомологий по методу SYNAP // **Гомологии в ботанике: опыт и рефлексия**. Тр. 9-й школы по теоретической морфологии растений. СПб. 2001. С. 249-252.



**Новосибирский государственный университет
Факультет естественных наук
Кафедра информационной биологии
2002 г.**



baikov@csbg.nsc.ru