



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

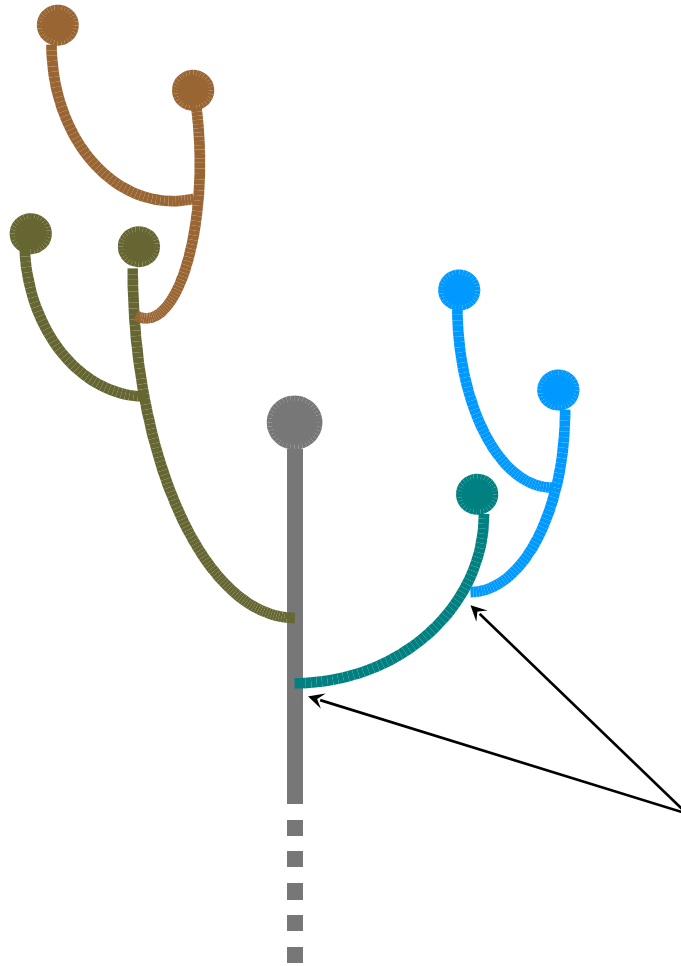
**д.б.н. Байков К.С.**

Центральный сибирский ботанический сад СО РАН



# Филогенетическая систематика конца 19 века

(Геккель, Осборн и др.)

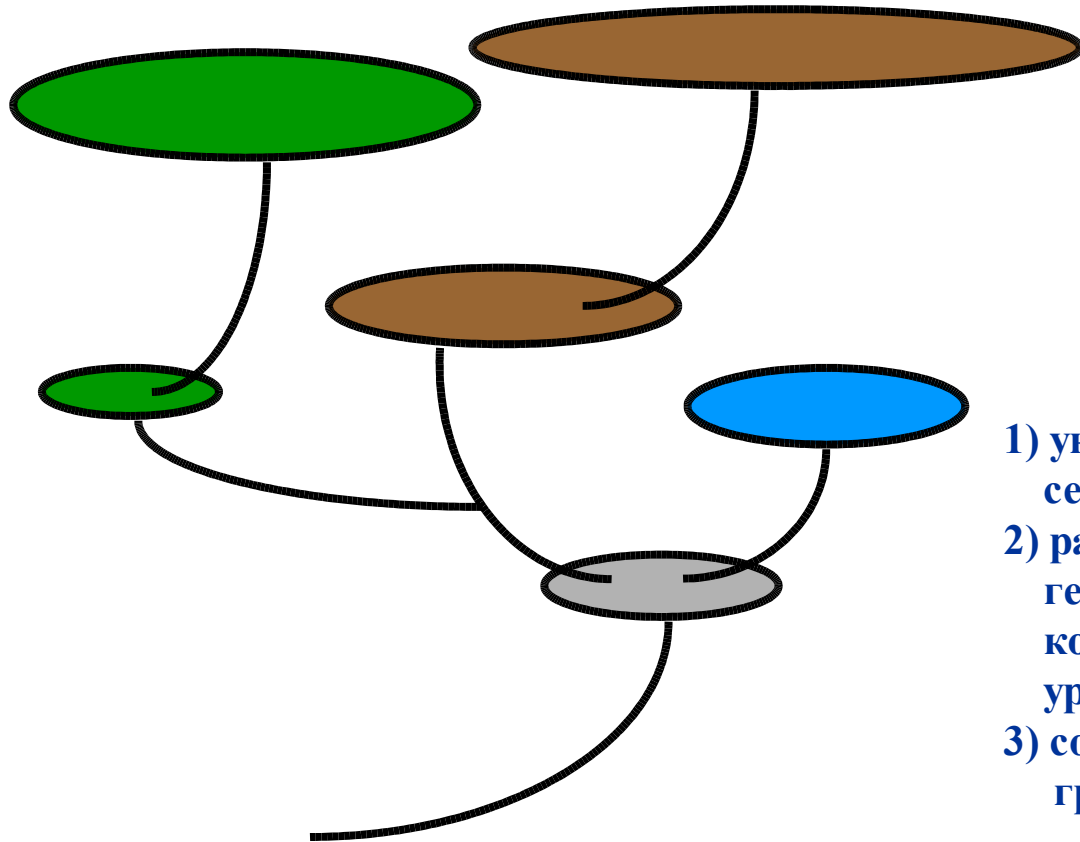


- 1) онтогенез (индивидуальное развитие) приблизительно повторяет филогенез;
- 2) выбор нескольких, наиболее важных признаков, по которым проводится оценка продвинутойности родов, семейств и т. д. (обычно в отношении специализации);
- 3) представление филогении в форме дерева (генеалогического дерева);
- 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**

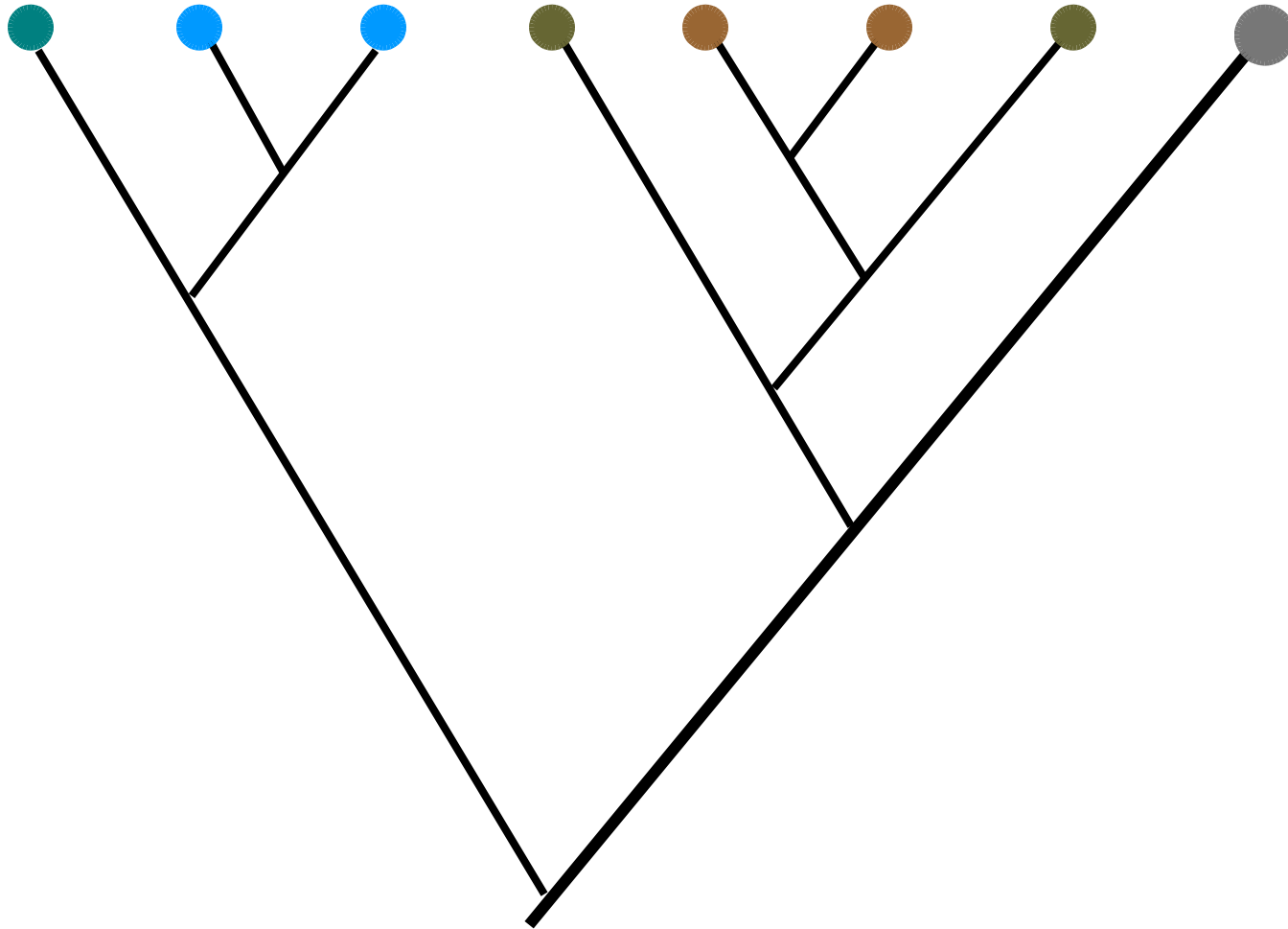


- 1) Группировка объектов по синапоморфному сходству (совместное обладание эволюционно продвинутым признаком);**
- 2) Ревизия систем по результатам филогенетических реконструкций;**
- 3) Ранжирование групп по порядку ветвления кладограмм;**
- 4) Принятие в системах только строго монофилетических групп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



# Филогенетическая систематика второй половины 20 века

(Вагнер, Хенниг, Истабрук и др.). Кладистика





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



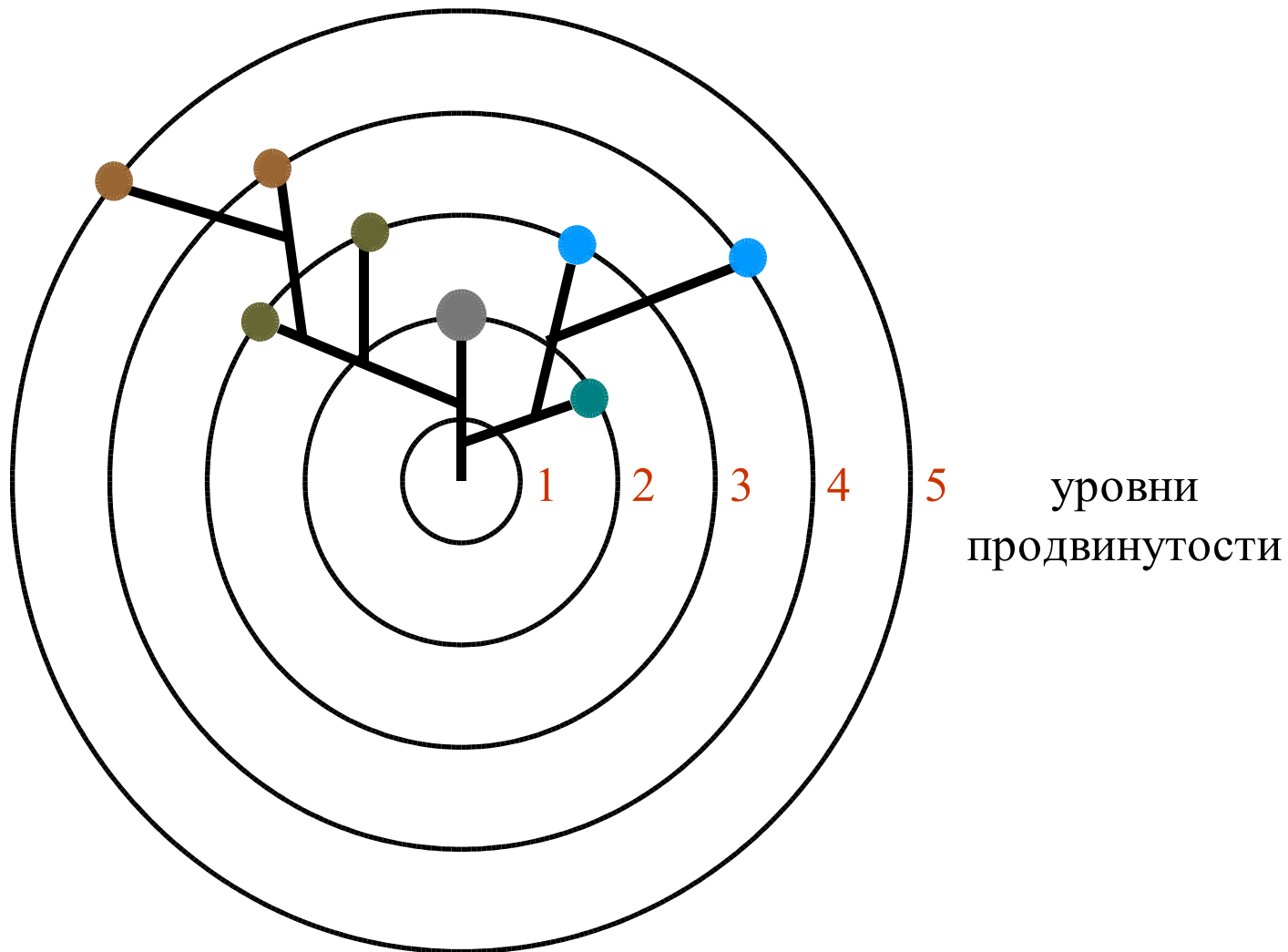
## **Некоторые основные характеристики:**

- 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)





## 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)

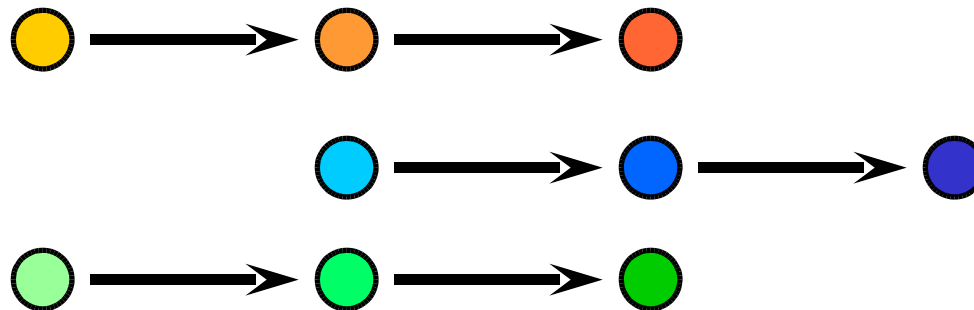


# Концепция признаковой среды (Байков, 1999)



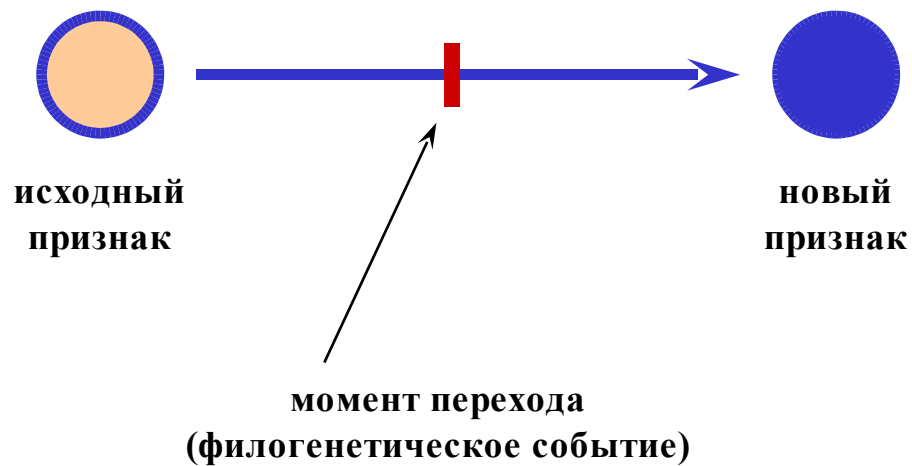
## Определение

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)



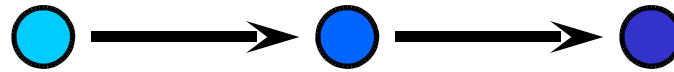
## Определение

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





# Тенденции эволюционных преобразований (1)



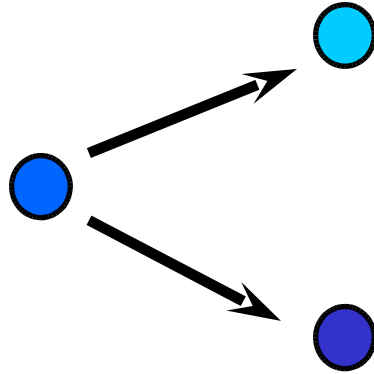
1) л и н е й н а я

Пример:

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



## Тенденции эволюционных преобразований (2)



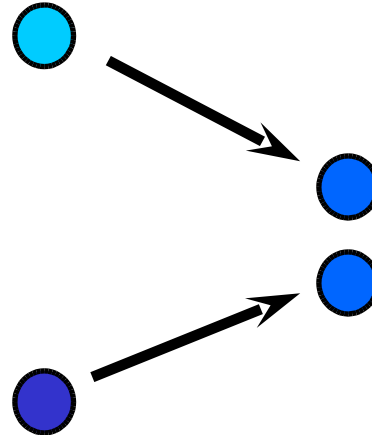
### 2) д и в е р г е н т н а я

#### 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 сплющенно-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

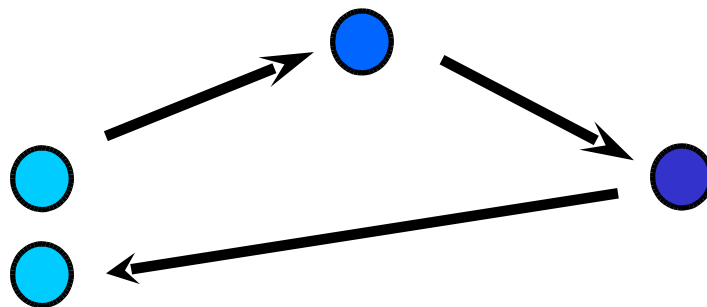
**Пример:**

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*.



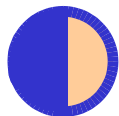
# Дополнительные логические варианты в методе SYNAP



промежуточный признак



неизвестный признак



полиморфный признак

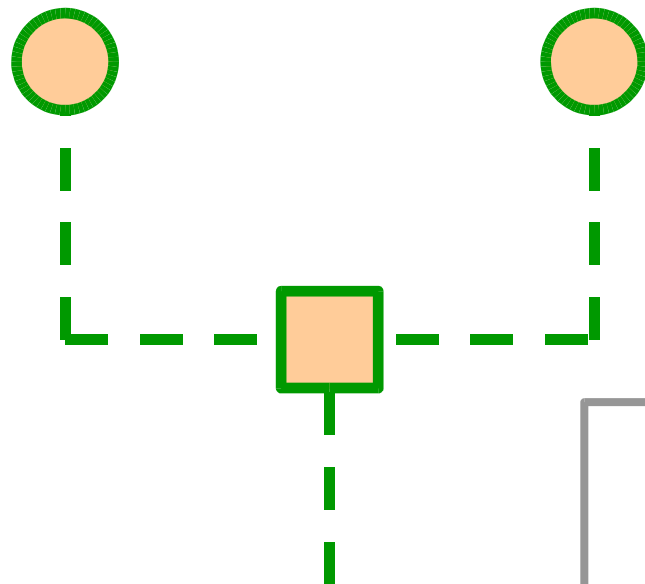


отсутствие вектора



# Порядок сравнения объектов по методу SYNAP

## Общая схема



вид, род, семейство



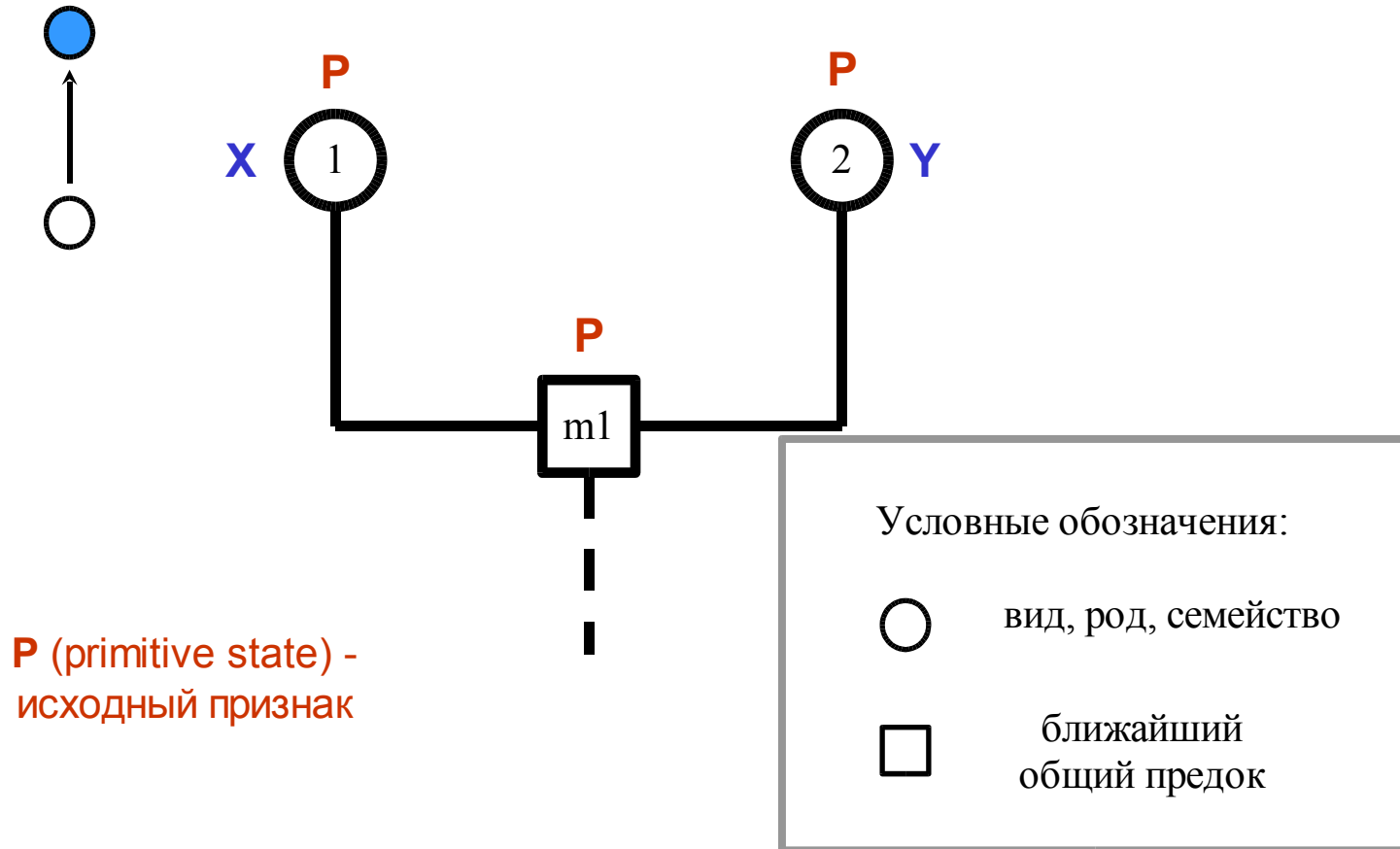
m1

ближайший  
общий предок  
(медиана)



# Порядок сравнения объектов по методу SYNAP

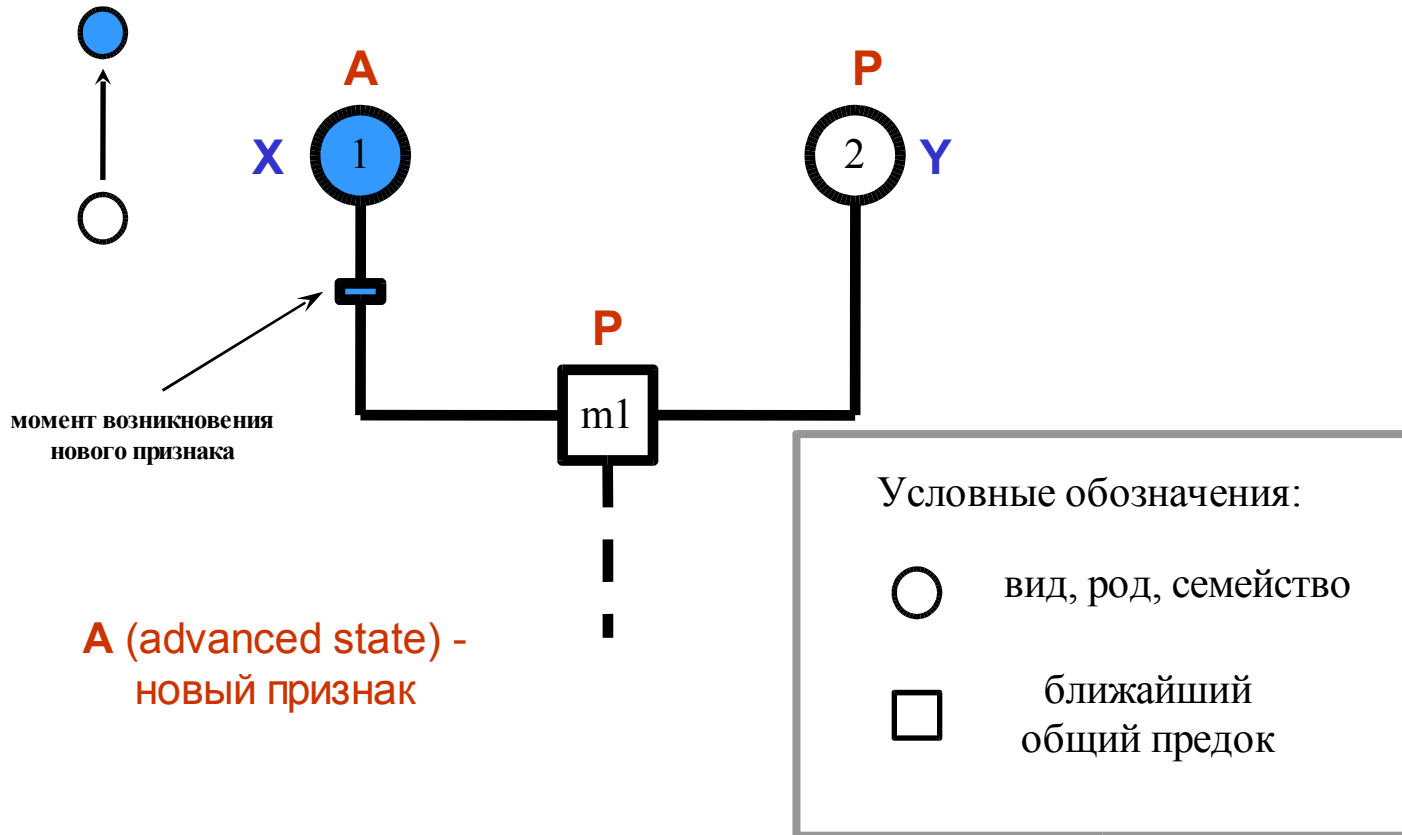
Вариант 1 (нет связи)





# Порядок сравнения объектов по методу SYNAP

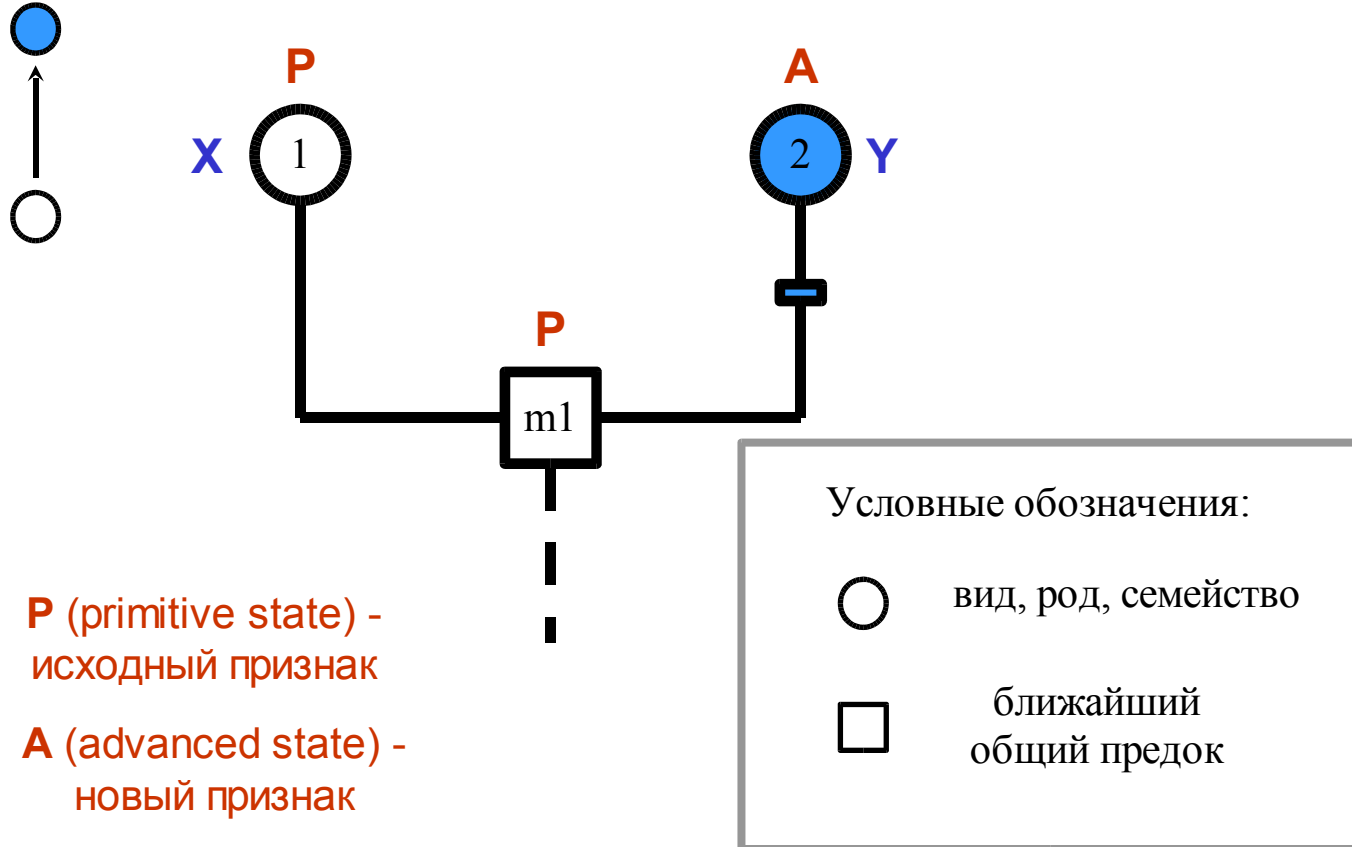
Вариант 2 (нет связи)





# Порядок сравнения объектов по методу SYNAP

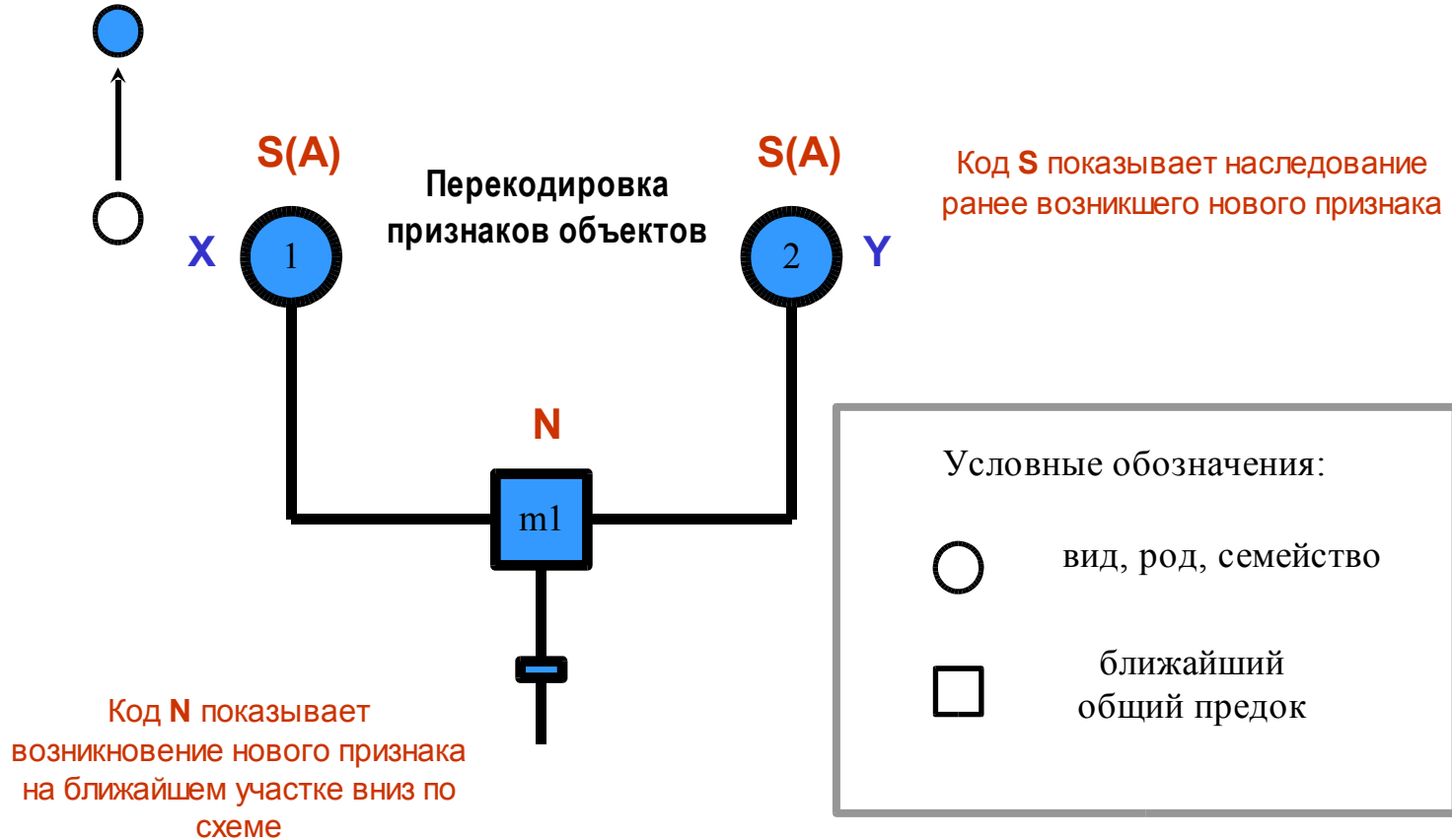
Вариант 3 (нет связи)





# Порядок сравнения объектов по методу SYNAP

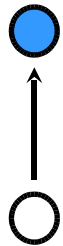
Вариант 4 (установлена связь)



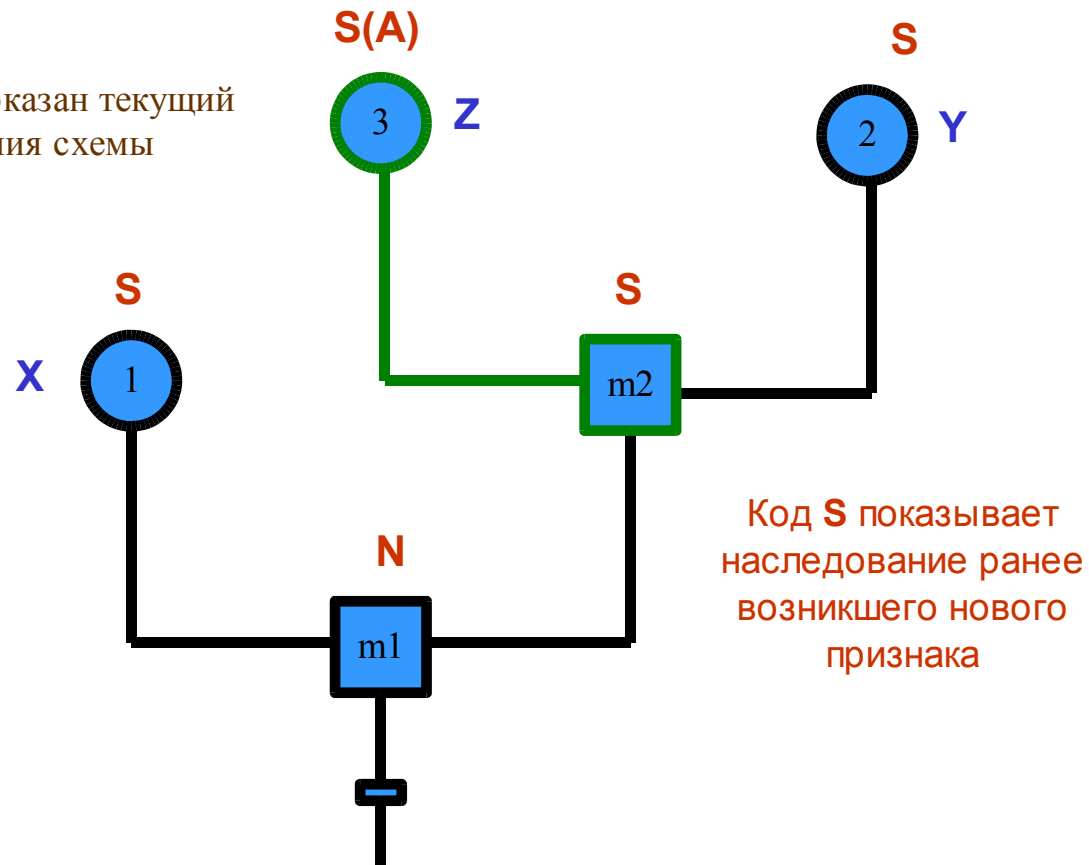


# Порядок сравнения объектов по методу SYNAP

Вариант 5 (подтверждена ранее установленная связь)



зеленым цветом показан текущий фрагмент построения схемы



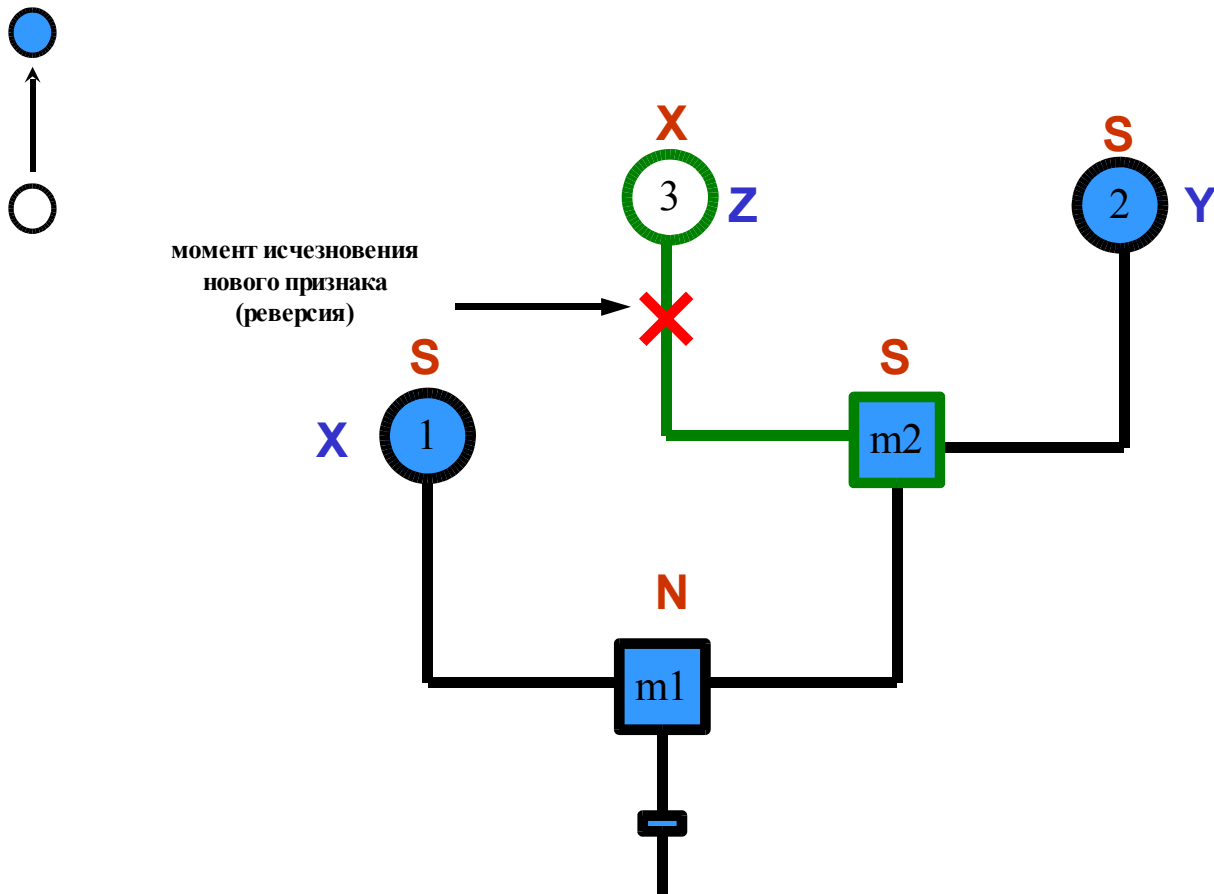
Код **S** показывает наследование ранее возникшего нового признака





# Порядок сравнения объектов по методу SYNAP

Вариант 6 (реверсия)



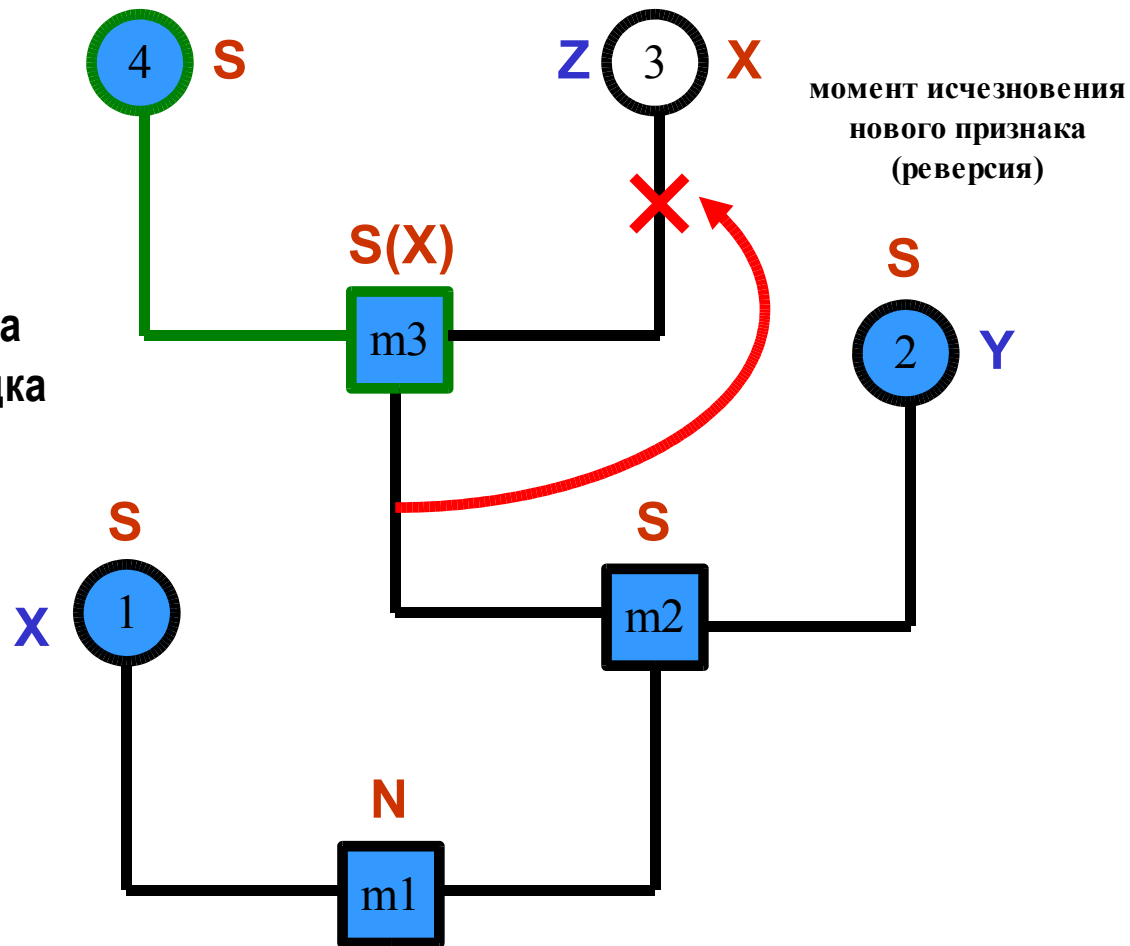


# Порядок сравнения объектов в методе SYNAP

## Вариант 7 (перемещение точки реверсии)



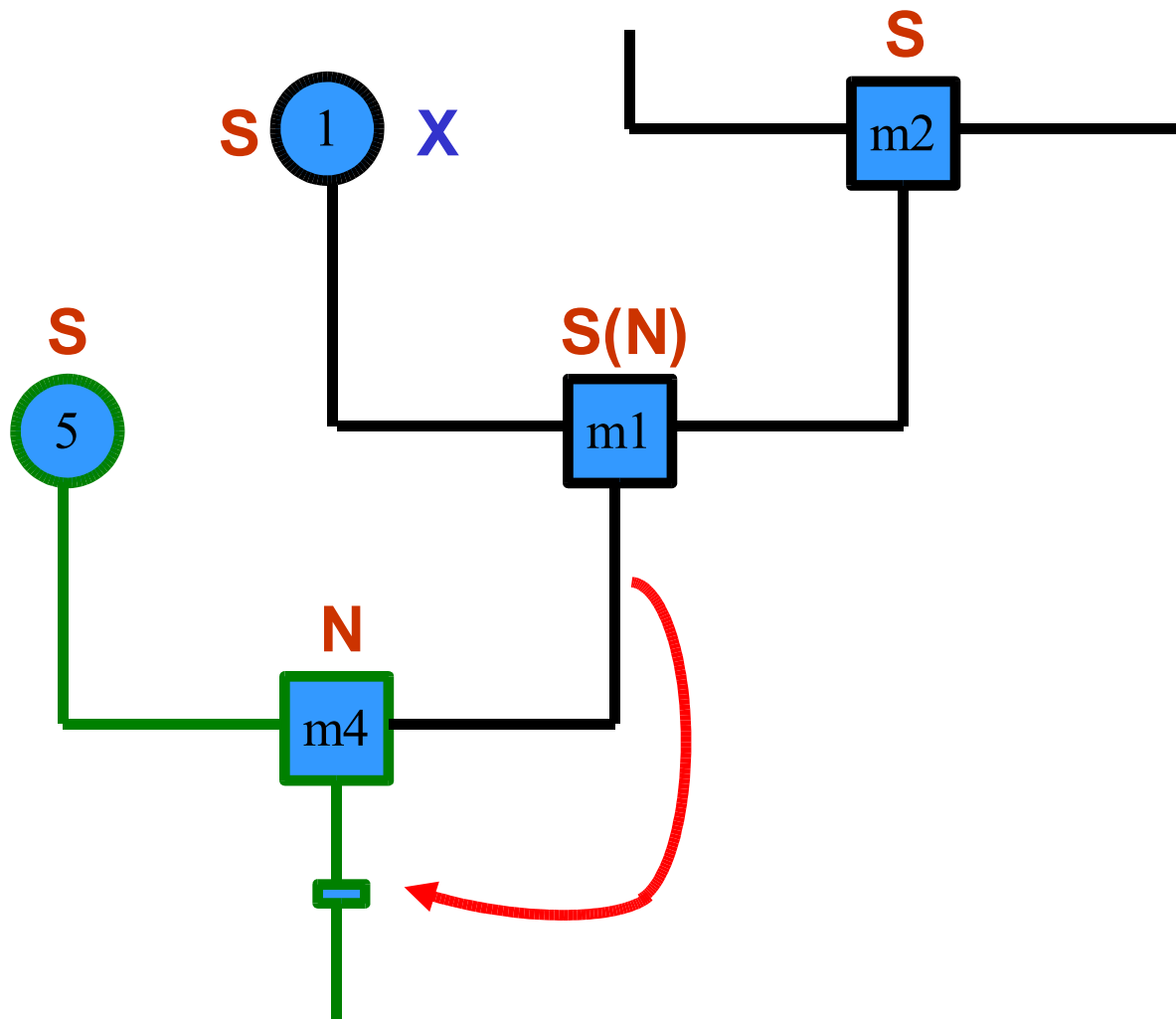
Перекодировка признаков предка





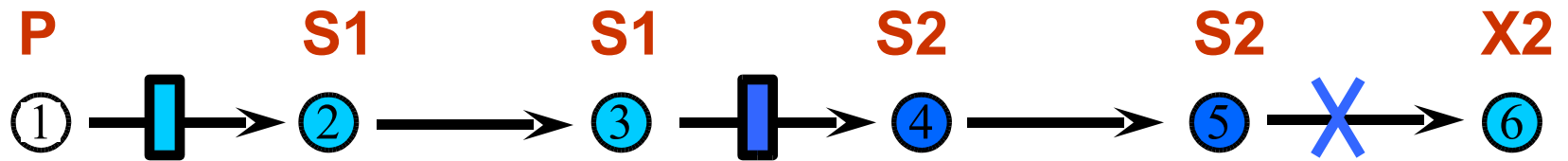
# Порядок сравнения объектов в методе SYNAP

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



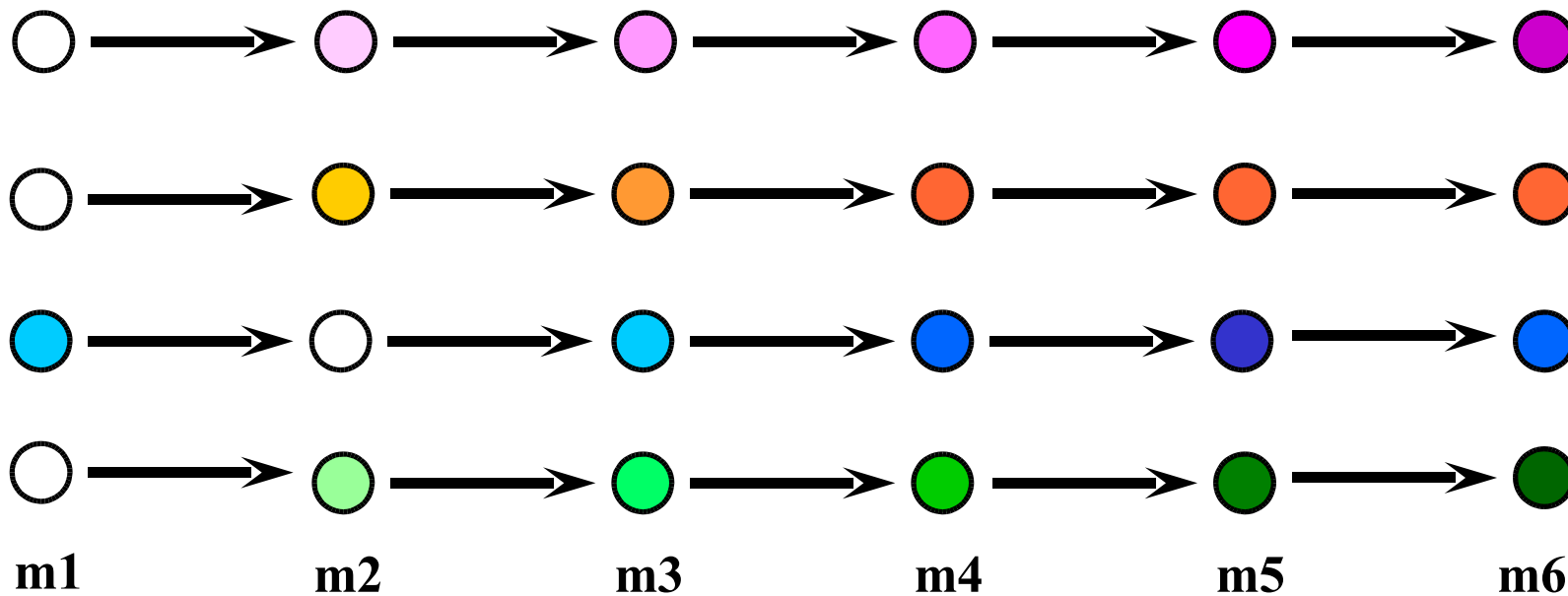


# Сравнительно-морфологический ряд из трех признаков с одной реверсией





# 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 выше 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 выше 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	.	.	.	.	.	.	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	.	.	.	.	.	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	.	1	.	.	.	.	.	17
SAU	1	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		SSSNNSN.....	6.0
	URA/MAN		SSSSSSSX.....	5.0
	URA/m04		SSSSSSSX.....	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		SSSNNSN.....	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		SSSNNSN.....	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		SSSNNSN.....	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		SSSSSSN . . . . .	7.0
	ESU/m04		SSSSSSSX . N . . . . .	7.0
	ESU/m07		SSSSSSSXN . . . . .	7.0
	ESU/VIR		SSSSSS . . S . . . . .	7.0



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

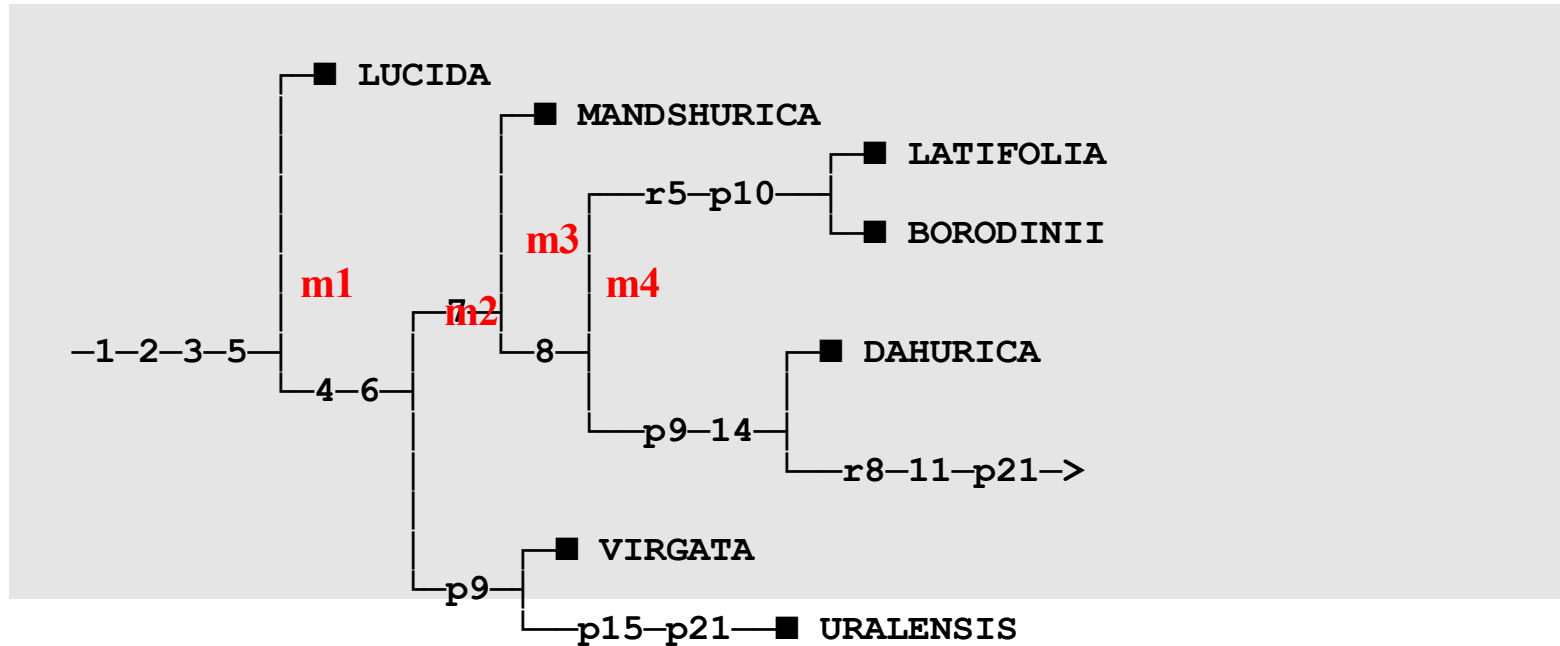


	ESU/m06		SSSSSSS.....	7.0
	ESU/DAH		SSSSSSSXS...X.B.....	6.0
	ESU/BOR		SSSS.SSX.S.....	6.0
	ESU/m02		SSSNSN.....	6.0
	ESU/LAT		SSSS.SSX.S.....	6.0
	ESU/LUC		SSS.S.....	4.0
	ESU/m01		NNN.N.....	4.0
13	TSH		1111111.111..11B....1.....	13.0
	TSH/m09	m11	SSSSSSS.S.S..SN....S.....	12.0
	TSH/ROS		SSSSSSS.S.S.XSS....S.....	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.



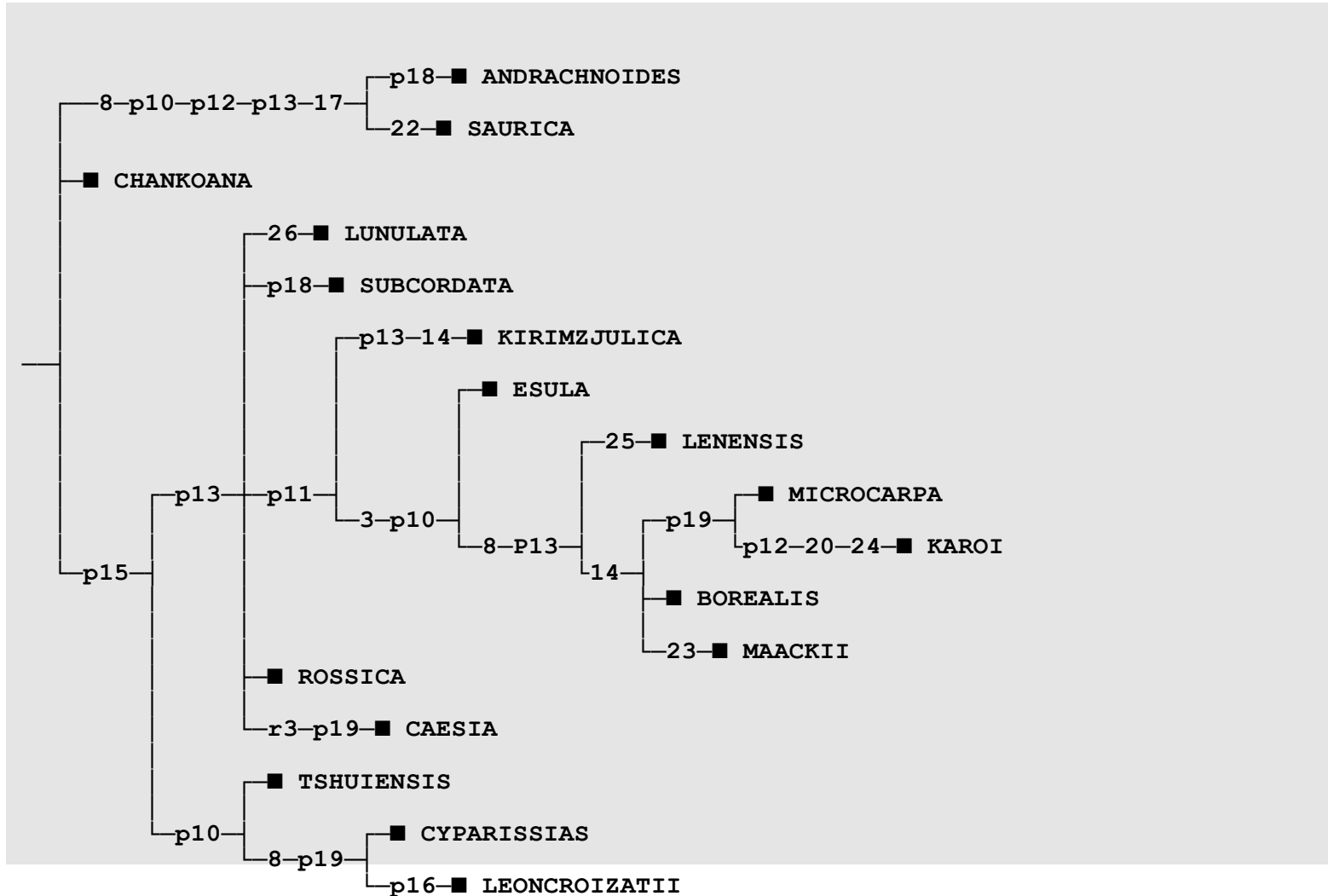
# Пошаговый протокол моделирования филогенеза в секции *Esula* (7)



	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](mailto:baikov@csbg.nsc.ru)**