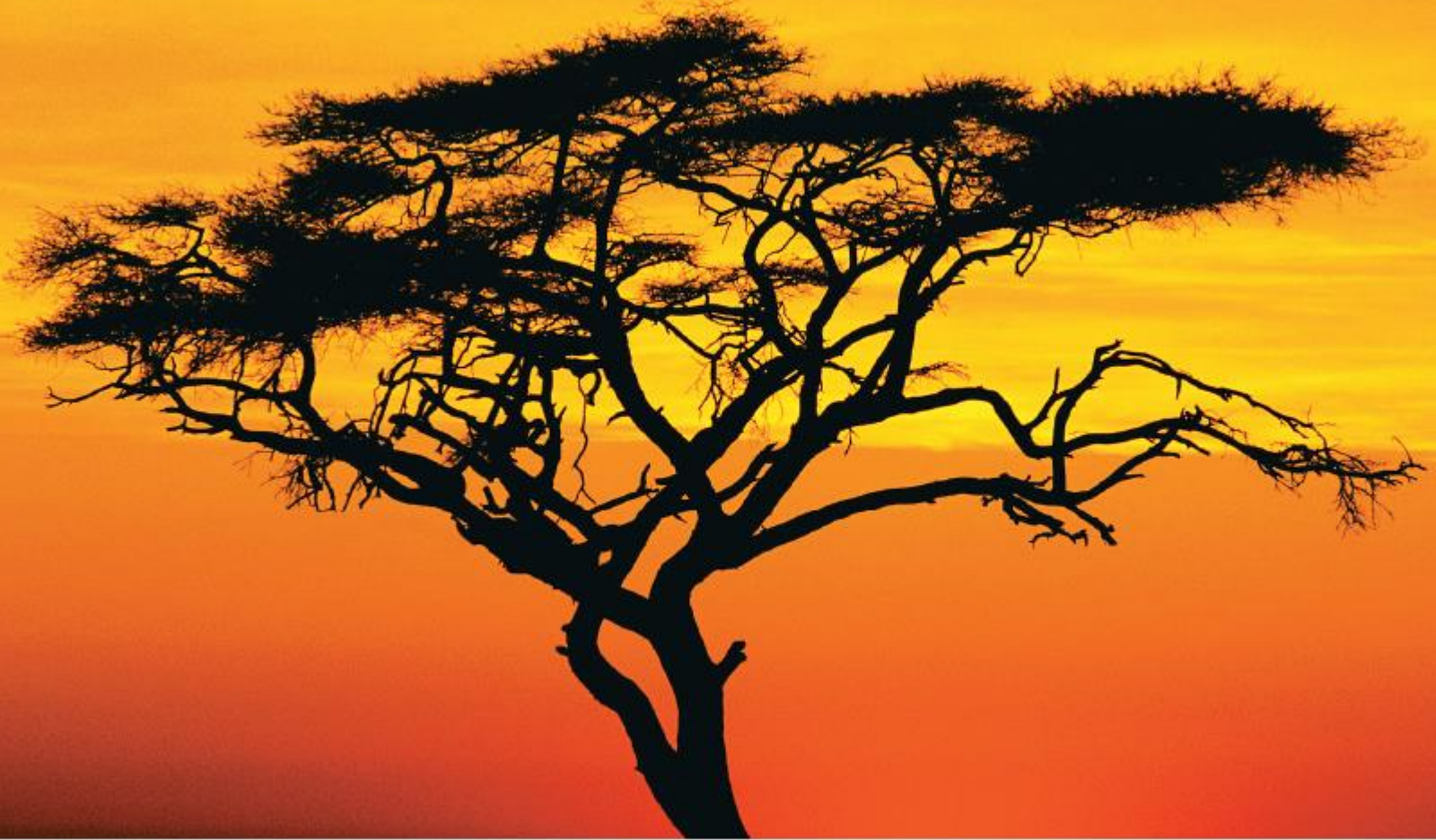


Filogenetik Sistematik



Prof. Dr. İslam GÜNDÜZ
OMÜ, FEN-EDEBİYAT FAKÜLTESİ,
BİYOLOJİ BÖLÜMÜ, SAMSUN

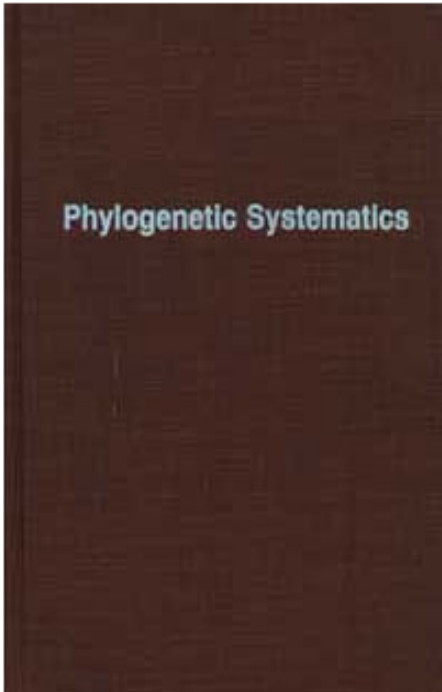
Filogenetik Sistematik=Kladistik=Maksimum Parsimoni (MP)



Willi Hennig

I. Willi Hennig (died in 1976)

- A. Hennig was a German entomologist whose work, first published in 1950, introduced phylogenetics.
- B. Five basic ideas lead to modern thinking in systematics.

The image shows the front cover of the book 'Phylogenetic Systematics' by Willi Hennig. The cover is a solid dark brown color with the title 'Phylogenetic Systematics' printed in a light-colored, sans-serif font in the upper left quadrant.

Phylogenetic Systematics

Phylogenetic Systematics

Phylogenetic Systematics, first published in 1966, marks a turning point in the history of systematic biology. Willi Hennig's influential synthetic work, arguing for the primacy of the phylogenetic system as the general reference system in biology, generated significant controversy and opened possibilities for evolutionary biology that are still being explored.

"A landmark in the development of cladistic systematics."--*Biological Abstracts*

"This book should be read by all practicing systematists as well as other biologists interested in the analysis of relationships of organisms."--*The Biologist*

"The ideas put forth in this far-reaching study, and the author's treatment of the subject, should introduce new perspectives to scientists in all areas of biology."--*Scientia*

"English-speaking systematists should be glad to have an opportunity to be exposed to the views of the foremost proponent of the cladistic school. Indeed, no thinking systematist can afford not to have read this volume."-Robert R. Sokal, *Science*

"This is required reading for all interested in biosystematics."--*Plant Life*

"*Phylogenetic Systematics* is a difficult, stimulating, and controversial work . . . indispensable to the thoughtful systematist."--*Journal of Paleontology*

The late **Willi Hennig** was director of phylongenetic research at the State Museum of Natural Science, Stuttgart. His honors included the Gold Medal of the Linnaean Society and the Gold Medal for Distinguished Achievement in Science of the American Museum of Natural History.

Filogenetik SistematiK=Kladistik=Maksimum Parsimoni (MP)

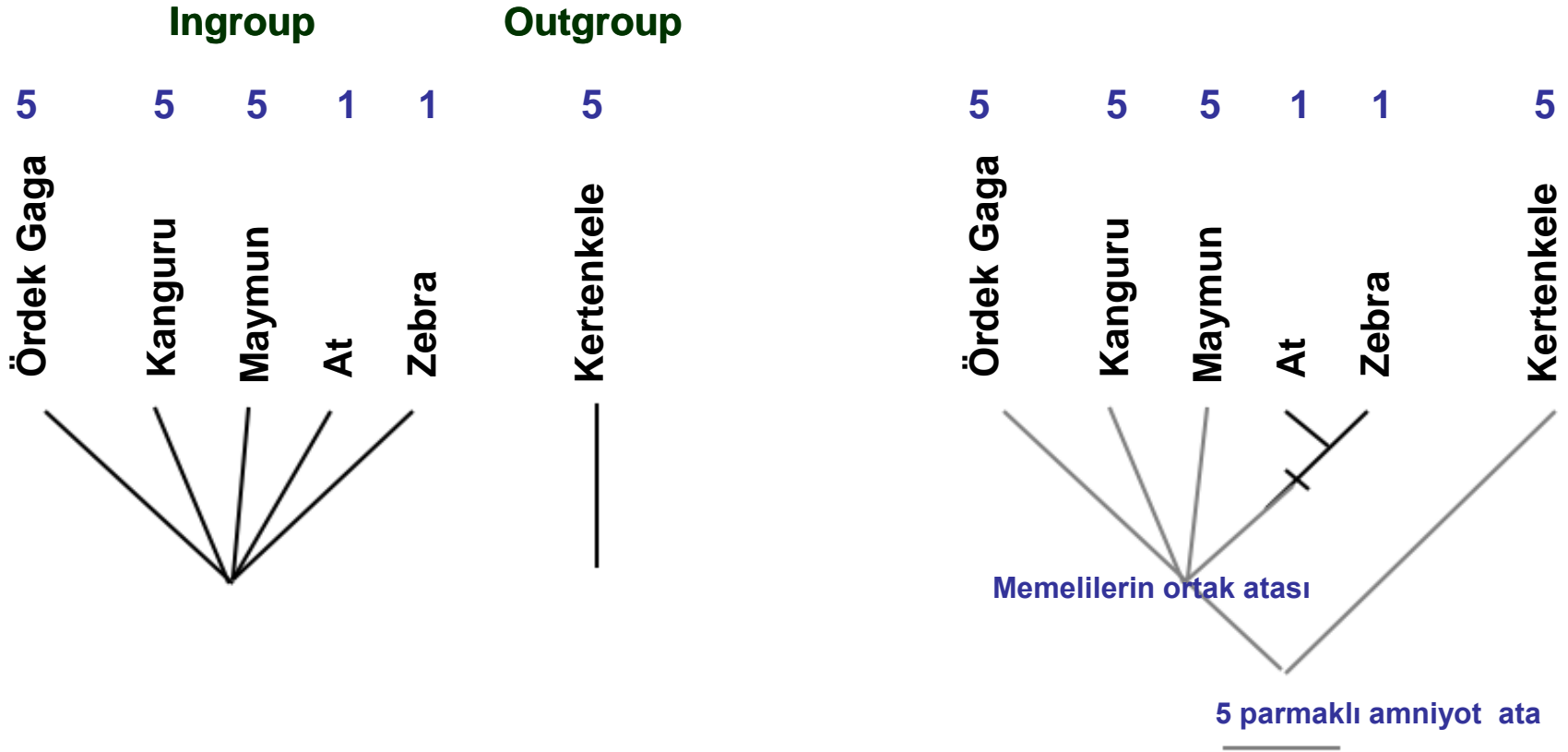
- Sadece paylaşılan karakterler (sinapomorfik) kullanılarak taksonların evrimsel ilişkileri araştırılabilir, çünkü monofiletik grupları ortaya çıkarmamın yolu budur
- Kullanılan karakterler biri birinden bağımsız olarak evrimleşir
- En iyi ağaç en kısa olan, yani en az sayıda karakter değişimi (adım) gerektiren ağaçtır
- Diğer bir deyişle, en kısa ağaç en az sayıda homoplasi (konvergent evrim, paralel evrim ve geri dönüşüm olayı) içeren ağaçtır

ATASAL (PLESIOMORPHIC: PLEİSOMORFİK) VE TÜRMEMİŞ (APOMORPHIC:APOMORFİK) KARAKTERLERİ BELİRLEME

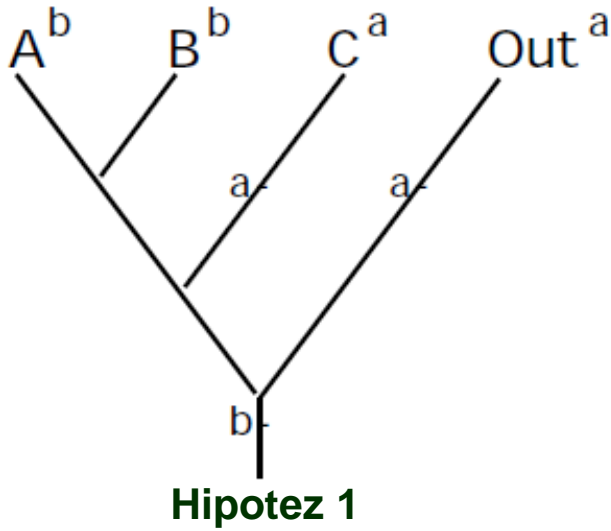
Temel kladistik analizlerde ilk adım hangi karakter durumunun **atasal** hangisinin ise **türemiş** olduğunu belirlemektir. Henning (1966) ve diğer araştırmacılar tarafından bir çok metot tanımlanmış olup, bu gün en çok kullanılan **outgroup comparison** (dış grup karşılaştırması) dır.

ATASAL (PLESIOMORPHIC: PLEİSOMORFİK) VE TÜRMEMİŞ (APOMORPHIC: APOMORFİK) KARAKTERLERİ BELİRLEME

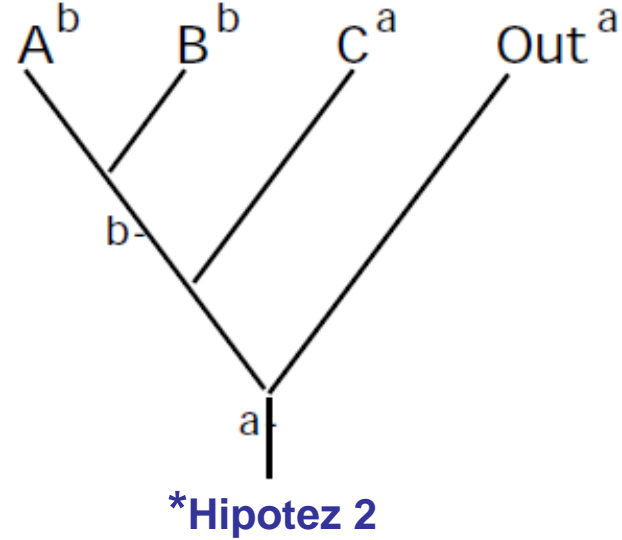
Karakter: Parmak sayısı, durum 1 ve 5



1. Atasal homolog bir karakterin (peisomorfik) hem ingrup hem de outgrup ta bulunmasının yolu bunların bu özelliği ingrubun atasından daha eski bir atadan kalıtılmış olmalarıdır.



Hipotez 1



*Hipotez 2

2. Yukarıdaki örneğe bakalım: Burada bir karakter **a** ve **b** olmak üzere olası iki duruma sahiptir

1. **b** pleisomorf, **a** apomorf

b --> **a**

2. **a** pleisomorf, **b** apomorf

a --> **b**

Eğer durum **a** çalışılan grubun (ingrup) dışındaki bir taksonda da bulunuyorsa, 1. Hipotez bizi 2. Hipoteze göre, evrimsel ilişkiyi açıklamak için '**ÇOK DAHA FAZLA KABULLENME YAPMAYA**' zorlayacaktır, dolayısı ile Hipotez 1 çok daha az **Parsimonious**'tur

Eğer karakter sadece iki duruma sahipse atasal ve türemiş karakterleri belirleme işi basittir: **Outgrupta** ki durum atasal ingruptaki ise türemiştir.

Karakter durumları **0 (atasal) veya 1 (türemiş)** olarak veya **a ve b** gibi kodlanarak bir **karakter matrisi** hazırlanır.

	Karakterler									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Out	a	a	a	a	b	a	a	a	a	a
T1	a	a	a	b	a	b	a	a	a	a
T1	a	a	a	b	b	b	a	a	a	a
T1	a	a	a	a	b	a	b	a	b	a
T1	b	b	b	a	b	a	b	b	b	a
T1	b	b	b	a	b	a	b	a	b	b
T1	b	b	a	a	b	a	b	a	b	b
T1	b	a	a	a	b	a	b	a	b	b

	Karakterler									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
T1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0
T1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
T1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
T1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0
T1	1	1	1	0	0	0	1	0	1	1
T1	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1
T1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1

Filogenetik SistematiK (Kladistik=Parsimoni) Ve Kladogram Oluřturma

Paylaşılan türemiř (sinapomorf) karakterlere dayanarak taksonları gruplandırmanın iki yolu vardır:

- 1. Hennig Argumentation:** Hennig'in 1966 yılındaki kitabında tanımladığı metottur.
- 2. Wagner Metodu:** Bu metot ağaç arařtırtmak için **bir algoritma kullanır** ve Kluge ve Farris (1969) ve Farris (1970) tarafından geliştirilmiştir.

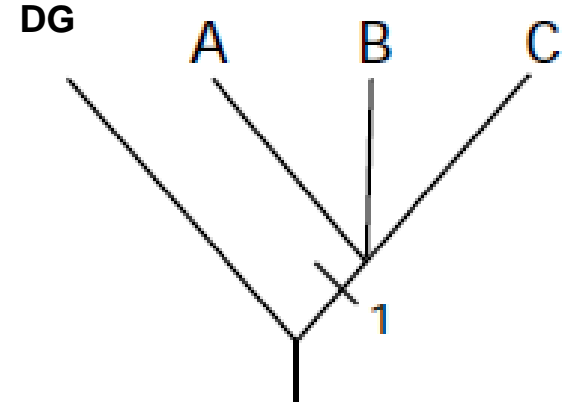
Filogenetik Sistemik (Kladistik=Parsimoni) Ve Kladogram Oluřturma

1. **Hennig Argumentation:** Bu metot her bir karakter tarafından saęlanan bilgiyi tek tek ele alır.

Küçük bir veri seti ile bu süreç řu řekilde özetlenebilir:

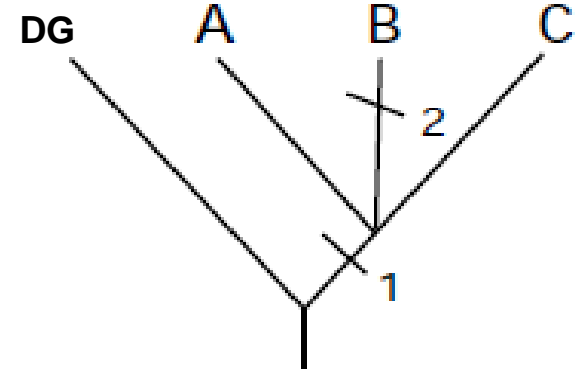
		Karakterler				
		1	2	3	4	5
Dış Grup		0	0	0	0	0
A		1	0	0	0	1
B		1	1	0	1	0
C		1	0	1	1	0

		Karakterler				
		1	2	3	4	5
Dış Grup		0	0	0	0	0
A		1	0	0	0	1
B		1	1	0	1	0
C		1	0	1	1	0



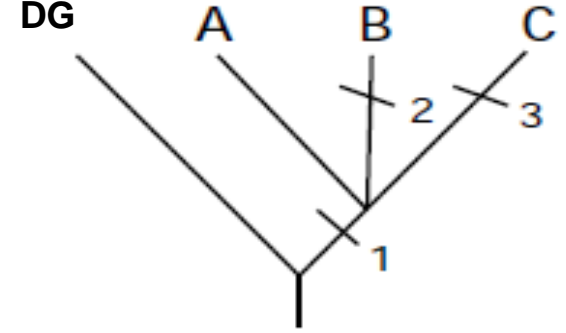
1) Karakter 1 verisi A, B ve C taksonlarını birleştirir. Çünkü bunlar için Karakter 1 **sinapomorfiktir**.

		Karakterler				
		1	2	3	4	5
Dış Grup		0	0	0	0	0
A		1	0	0	0	1
B		1	1	0	1	0
C		1	0	1	1	0



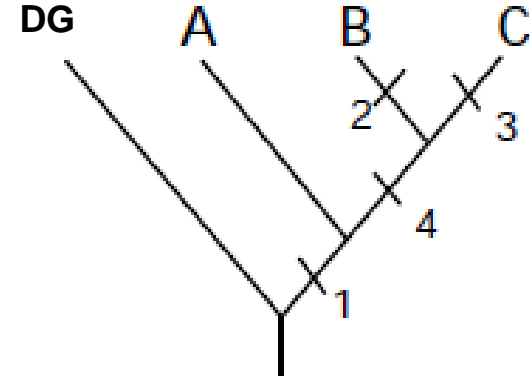
2) Karakter 2 türemiş bir karakter olup, sadece B taksonunda bulunur, yani **autapomorphic=otoapomorfiktir**. Dolayısı ile taksonlar arası ilişki hakkında bir şey söylemez.

		Karakterler				
		1	2	3	4	5
Dış Grup		0	0	0	0	0
A		1	0	0	0	1
B		1	1	0	1	0
C		1	0	1	1	0



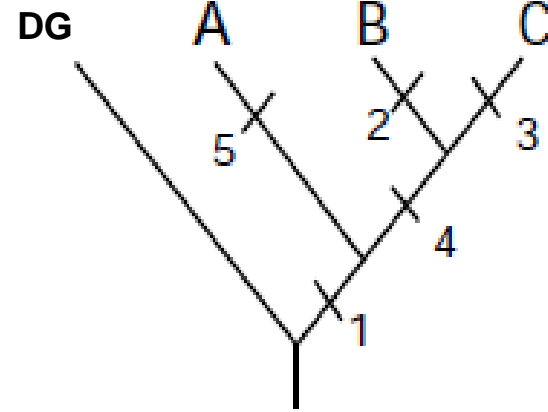
3) Karakter 3 türemiş bir karakter olup, sadece C taksonunda bulunur, yani yine **otoapomorfiktir**. Dolayısı ile taksonlar arası ilişki hakkında bir şey söylemez.

		Karakterler				
		1	2	3	4	5
Dış Grup		0	0	0	0	0
A		1	0	0	0	1
B		1	1	0	1	0
C		1	0	1	1	0



4) Karakter 4 verisi B ve C taksonlarını birleştirir. Çünkü bunlar için Karakter 4'teki türemiş durum (1) **sinapomorfiktir**.

		Karakterler				
		1	2	3	4	5
Dış Grup	Grup	0	0	0	0	0
A		1	0	0	0	1
B		1	1	0	1	0
C		1	0	1	1	0



5) Karakter 5 türemiş bir karakter olup, sadece A taksonunda bulunur, yani **otoapomorfiktir**. Dolayısı ile taksonlar arası ilişki hakkında bir şey söylemez.

Kladogram tamamlandı. Tüm karakterler ele alındı ve taksonlar arasındaki ilişki çözüldü.

Gerçekte veri setleri bu kadar basit değildir. Karmaşık durum taksonlar arasındaki ilişkiyi açıklamada karakterler arasında bir 'ÇATIŞMA' ortaya çıktığında meydana gelir.

Bu durum varsa karakter değişim durumları açısından en az kabullenme gerektiren ağaç seçilir.

Bu durumu anlamak için Hennig argumentation'u kullanarak daha karmaşık olan şu veri setine bakalım

Karakterler

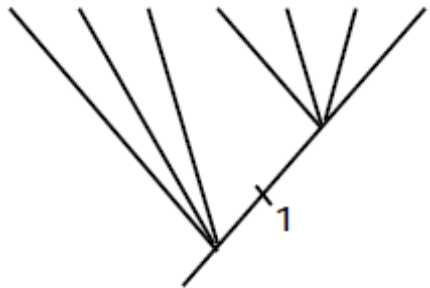
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Outgroup	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
T1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0
T2	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
T3	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
T4	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0
T5	1	1	1	0	0	0	1	0	1	1
T6	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1
T7	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1

Karakterler

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
T1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0
T2	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
T3	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
T4	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0
T5	1	1	1	0	0	0	1	0	1	1
T6	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1
T7	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1

Karakter 1-9 arası olanların kullanılması ile taksonları gruplandırmak **çok kolaydır**

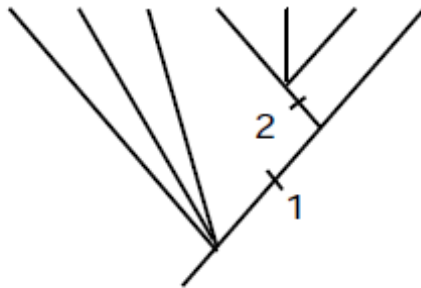
T1 T2 T3 T4 T5 T6 T7



Karakter 1



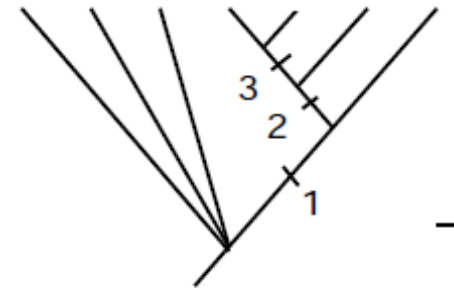
T1 T2 T3 T4 T5 T6 T7



Karakter 2



T1 T2 T3 T4 T5 T6 T7



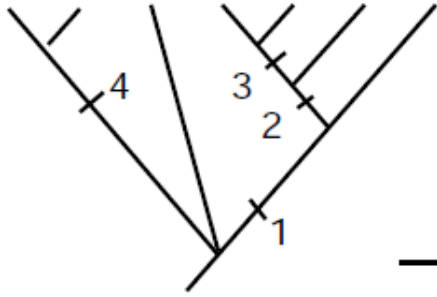
Karakter 3



Karakterler

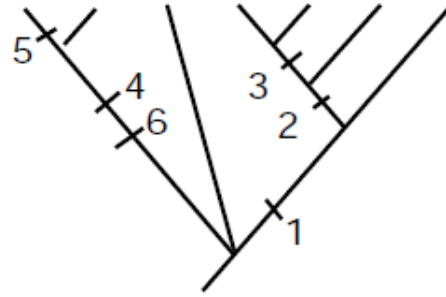
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
T1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0
T2	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
T3	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
T4	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0
T5	1	1	1	0	0	0	1	0	1	1
T6	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1
T7	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1

T1 T2 T3 T4 T5 T6 T7



Karakter 4:
T1 ve T2 için
sinapomorf'tur.

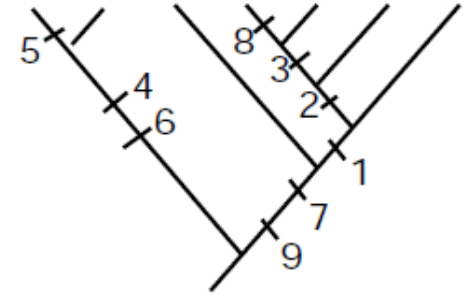
T1 T2 T3 T4 T5 T6 T7



Karakter 5: bir otoapomorf
olup sadece T1 taksonunda
bulunur.

Karakter 6: ise tıpkı Karakter
4'ün ağaç üzerindeki dağılımı ile
aynıdır, T1 ve T2 için
sinapomorf'tur

T1 T2 T3 T4 T5 T6 T7



Karakter 8: bir otoapomorf
olup sadece T4 taksonunda
bulunur.

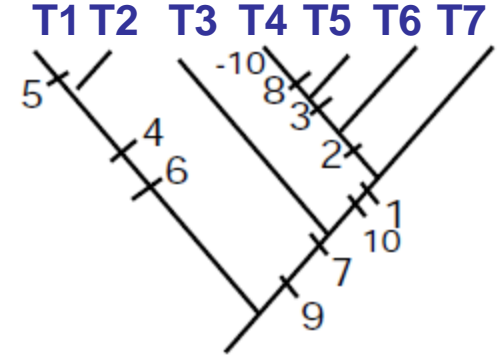
Karakter 7 ve 9 aynı dağılıma
sahiptir, T3, T4, T5, T6 ve T7 için
sinapomorf

Karakterler

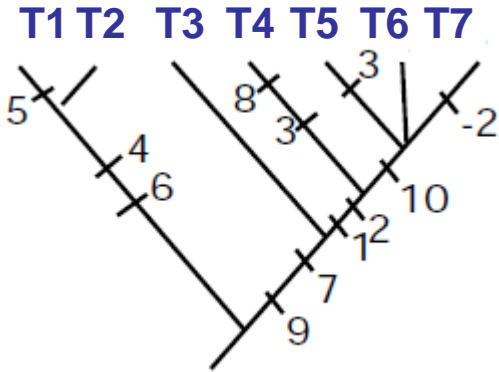
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
T1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0
T2	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
T3	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
T4	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0
T5	1	1	1	0	0	0	1	0	1	1
T6	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1
T7	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1

Karakter **10** Karakter **2** ve **3** ile **çatışır**. Karakter **10** T5, T6 ve T7 taksonlarının kardeş grup olduğunu söylerken, Karakter **2** T5 ve T6'nın T7'ye değil T4'e daha yakın olduğunu söylüyor..

L=11 adım



L=12 adım



Eğer Karakter **10**'un önerdiği ağaç kabul edilecek olursa, bu durumda biz şunu kabul etmekteyiz: Karakter **2** T7 taksonunda 0 karakter durumuna daha sonradan dönmüştür ve Karakter **3** T4 ve T5 taksonlarında konvergenttir. Bu kabullenme **2 homoplasi** (bir geri dönüşüm ve bir de konvergentlik) anlamına gelir.

Diğer taraftan, eğer Karakter **2** ve **3**'ün önerdiği ağaç kabul edilecek olursa, bu durum Karakter **10**'un T4 taksonunda 0 durumuna geri döndüğü anlamına gelir. Bu kladogram daha kısa olduğundan, daha **parsimonik** olup, kabul edilir.

Filogenetik Sistemik (Kladistik=Parsimoni) Ve Kladogram Oluřturma

2. Wagner Metodu: Kladogram oluřturmanın diđer bir yolu, tm taksonlar eklenene kadar taksonları tek tek ađaca eklemektir. Her bir takson ađaca karakter deđiřim sayısını azaltacak biçimde eklenir.

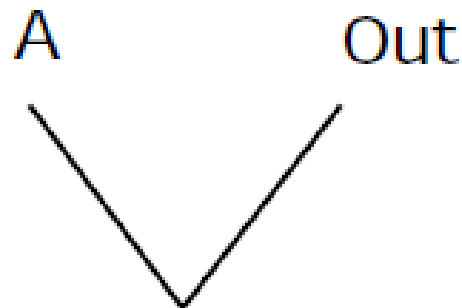
Kçük bir veri seti ile bu sreç řu řekilde zetlenebilir:

	Karakterler				
	1	2	3	4	5
Dıř Grup	0	0	0	0	0
A	1	0	0	0	0
B	1	1	0	1	0
C	1	0	1	1	1

1. En az sayıda türemiş karakter durumu bulunduran taksonu bul ve onu outgruba bağla

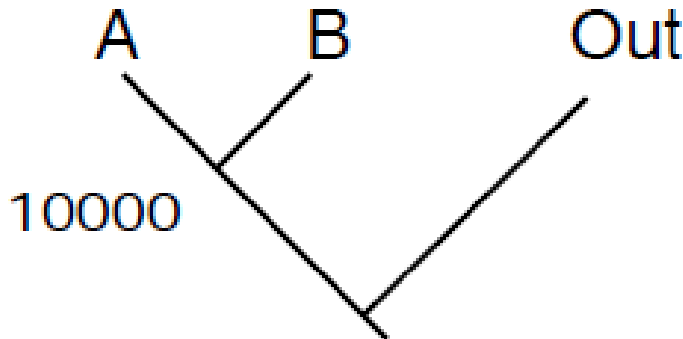
	Karakterler					Türemiş karakter durum sayısı
	1	2	3	4	5	
Dış Grup	0	0	0	0	0	0
A	1	0	0	0	0	1
B	1	1	0	1	0	3
C	1	0	1	1	1	4

A taksonu en az sayıda türemiş karakter durumu bulundurmaktadır



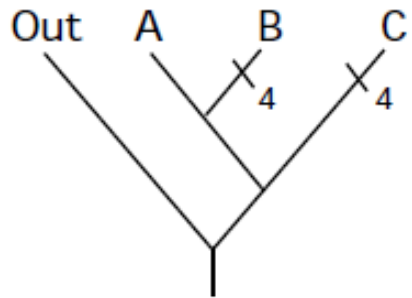
2. En az sayıda türemiş karakter durumu bulunduran 2. taksonu bul ve bunun adını ilk taksonun yanına (AB) yaz ilk taksonla out grubu birleştiren dala bağla. İki taksonun birleştiği noktada **her iki taksonda da bulunan türemiş karakter durum sayısını** listele. Buna göre ikinci Takson B'dir. Takson A ve B 1. karakter için türemiş duruma sahiptir, diğer karakterlerde ise her ikisi ya da biri 0'a sahiptir. İki taksonun birleştiği yere **1000** yazılır (buna **optimizasyon** denir).

	Karakterler					Türemiş karakter durum sayısı
	1	2	3	4	5	
Dış Grup	0	0	0	0	0	0
A	1	0	0	0	0	1
B	1	1	0	1	0	3
C	1	0	1	1	1	4

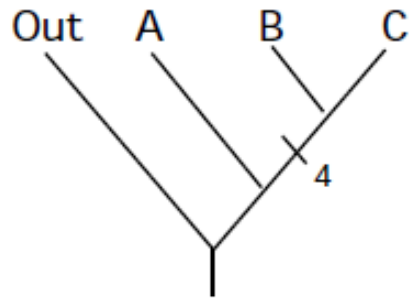


3. En az sayıda türemiş karakter durumu bulunduran 3. taksonu bul ve onu en az sayıda evrimsel değişim adımı gerektiren noktada ağaca bağla. Bağlanacak 3 takson C olup, bunun bağlanacağı birkaç farklı nokta vardır.

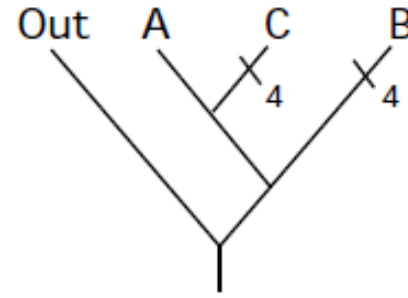
	Karakterler					Türemiş karakter durum sayısı
	1	2	3	4	5	
Dış Grup	0	0	0	0	0	0
A	1	0	0	0	0	1
B	1	1	0	1	0	3
C	1	0	1	1	1	4



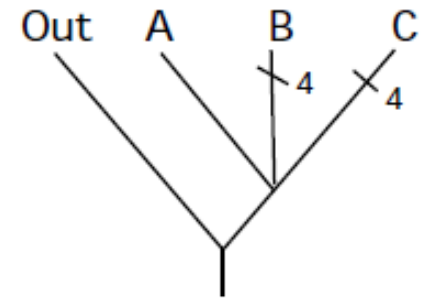
Hipotez 1



Hipotez 2



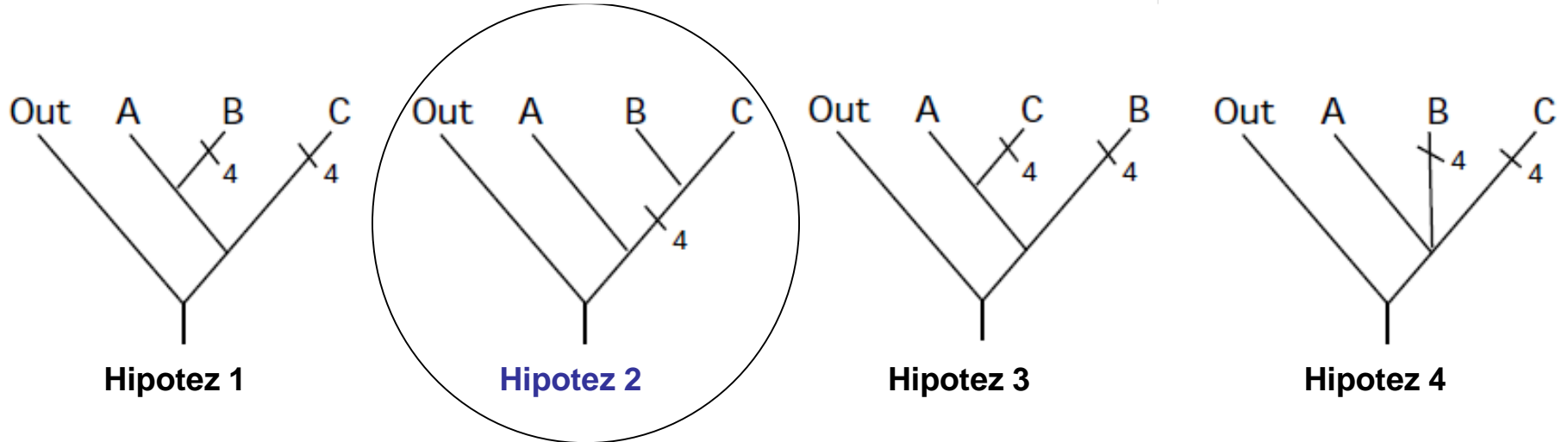
Hipotez 3



Hipotez 4

Hipotezler 1, 3 ve 4 karakter 4 teki 1 durumunun iki kez evrimleştiği (konvergentlik) kabullenmesini gerektirir. Oysa Hipotez 2 bir kez evrimleştiğini söylemektedir. Bu durumda C taksonunun ağaçta yerleşimi için **en parsimonius** olan, Hipotez 2'dir. Analiz tamamlanmıştır.

	Karakterler					Türemiş karakter durum sayısı
	1	2	3	4	5	
Dış Grup	0	0	0	0	0	0
A	1	0	0	0	0	1
B	1	1	0	1	0	3
C	1	0	1	1	1	4



Wagner Formülü: Bir taksonu diğer her hangi bir taksona bağlamak için gerekli adım sayısı şu formül ile özetlenebilir

$$d(A, B) = \sum |X(A_i) - X(B_i)|$$

Burada

d= Takson A ve B arasındaki karakter durum farklılığının sayısı

$\sum=$

$X(A_i)$: A takson için bir karakterin durumu ile

$X(B_i)$: B takson için bir karakterin durumu arasındaki farklılıkların toplamıdır

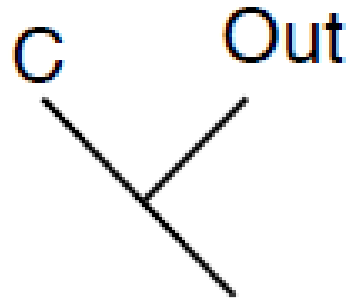
Diğer bir örnek ile bunu açıklamak gerekirse,

Karakterler

**Türemiş karakter
durum sayısı**

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

- 1. En az sayıda türemiş karakter durumu bulunduran taksonu bul ve onu outgruba bağla, bu takson **C**'dir**

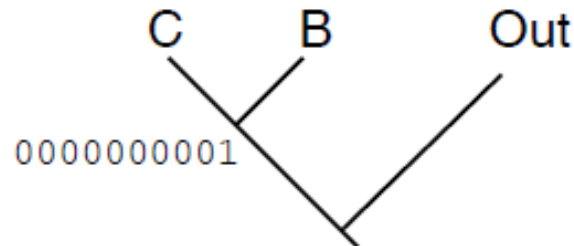


Karakterler

Türemiş karakter durum sayısı

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

2. En az sayıda türemiş karakter durumu bulunduran 2. taksonu bul ve bunun adını ilk taksonun yanına yaz, ilk taksonla out grubu birleştiren dala bağla. İki taksonun birleştiği noktada **her iki taksonda da bulunan türemiş karakter durum sayısını** listele. Buna göre ikinci Takson **B**'dir

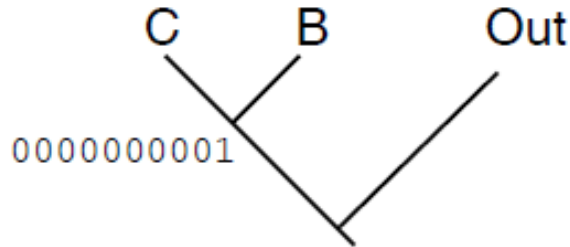


Karakterler

Türemiş karakter durum sayısı

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

3. **A** en az sayıda türemiş karakter durumu bulunduran 3. taksondur. **A** taksonu kendisine gitmek için **en az sayıda karakter değişim sayısı gerektirecek şekilde** ağaca bağlanmalıdır. **İŞTE BURADA WAGNER FORMULUNU UYGULAMAYA BAŞLIYORUZ:**



Karakterler

Türemiş karakter durum sayısı

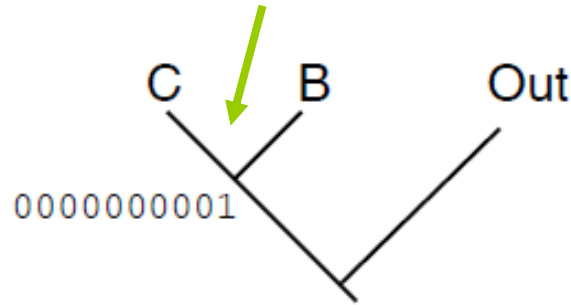
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

Eğer A, C'ye giden dala bağlanırsa:

A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1

Farklılıklar:

1 1 1 → 4 adım gereklidir



A'nın, C'ye giden dala bağlanması 1, 5, 6, ve 9. karakterlerin hepsinin 0'dan 1'e evrimleştiği kabullenmesini gerektirir.

Karakterler

Türemiş karakter durum sayısı

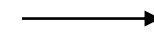
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

Eğer A, B'ye giden dala bağlanırsa:

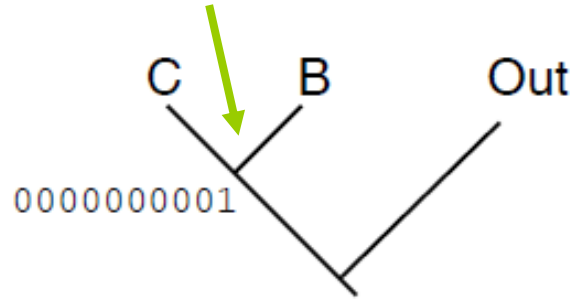
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1

Farklılıklar:

1



1 adım gereklidir



A'nın, B'ye giden dala bağlanması 6. karakterin 0'dan 1'e evrimleştiği kabullenmesini gerektirir.

Karakterler

Türemiş karakter durum sayısı

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

Eğer A, B ve C'ye giden dalın çakıştığı noktaya giden dala bağlanırsa:

A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1
B C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

Farklılıklar:

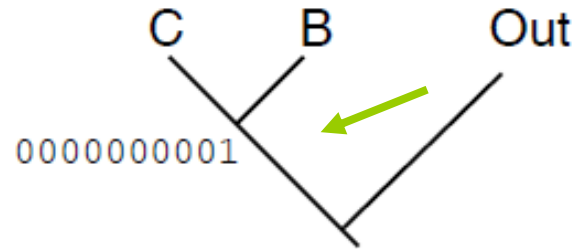
1

1

1



3 adım gereklidir



A'nın, BC'ye giden dalın çakıştığı noktaya giden dala bağlanması 1, 5 ve 6. karakterin hepsinin 0'dan 1'e evrimleştiği kabullenmesini gerektirir.

Karakterler

Türemiş karakter durum sayısı

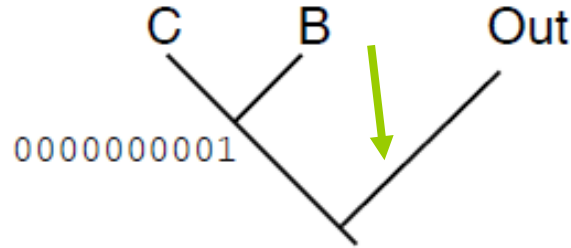
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

Eğer A, Outgroup'a giden dala bağlanırsa:

A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Farklılıklar:

1 1 1 → 4 adım gereklidir



A'nın, Outgroup'a giden dala bağlanması 1, 5, 6 ve 10. karakterin hepsinin 0'dan 1'e evrimleştiği kabullenmesini gerektirir.

Buna göre en az adım gerektiren A'nın B'ye bağlanması olacaktır. Türemiş karakter

Karakterler

durum sayısı

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

Eğer A, B'ye giden dala bağlanırsa:

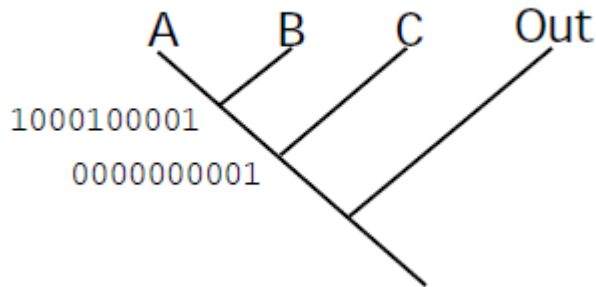
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1

Farklılıklar:

1



1 adım gereklidir



A'nın, B'ye giden dala bağlanması 6. karakterin 0'dan 1'e evrimleştiği kabullenmesini gerektirir.

4. D ya da E daha sonra ağaca eklenebilir :

Karakterler

Türemiş karakter durum sayısı

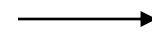
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

Eğer D, A'ya giden dala bağlanırsa:

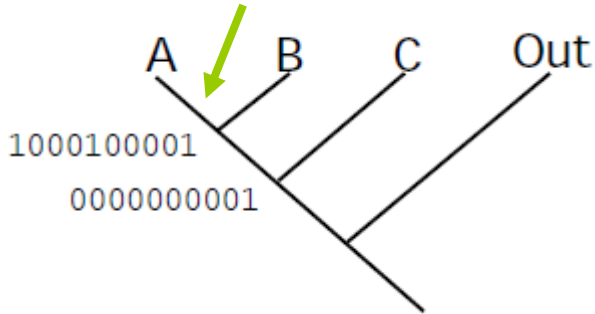
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1

Farklılıklar:

1 1 1 1 1 1 1 1



7 adım gereklidir



D'nin, A'ya giden dala bağlanması 1, 2, 3, 5, 6, 7 ve 8. karakterin hepsinin 0'dan 1'e evrimleştiği kabullenmesini gerektirir.

Karakterler

Türemiş karakter durum sayısı

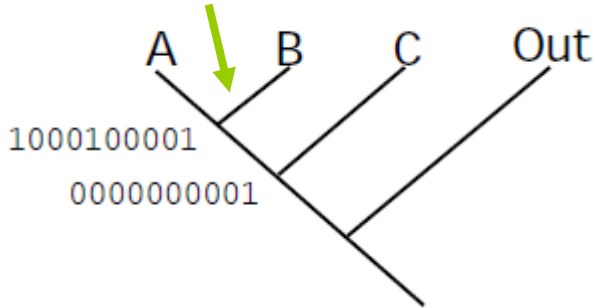
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

Eğer D, B'ye giden dala bağlanırsa:

D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1

Farklılıklar:

1 1 1 1 1 1 → 6 adım gereklidir



D'nin, A'a giden dala bağlanması 1, 2, 3, 5, 7, ve 8. karakterin hepsinin 0'dan 1'e evrimleştiği kabullenmesini gerektirir.

Karakterler

Türemiş karakter durum sayısı

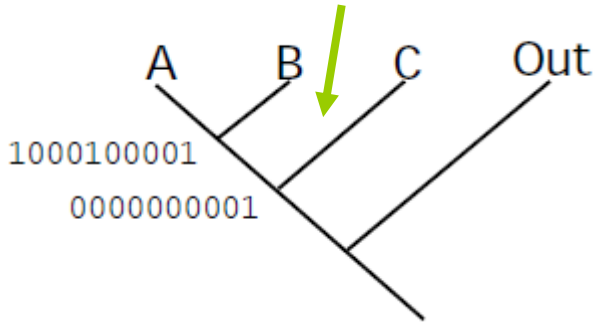
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

Eğer D, C'ye giden dala bağlanırsa:

D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1

Farklılıklar:

1 1 1 1 1 → 5 adım gereklidir



D'nin, C'ye giden dala bağlanması 2, 3, 7, 8 ve 9. karakterin hepsinin 0'dan 1'e evrimleştiği kabullenmesini gerektirir.

Karakterler

Türemiş karakter durum sayısı

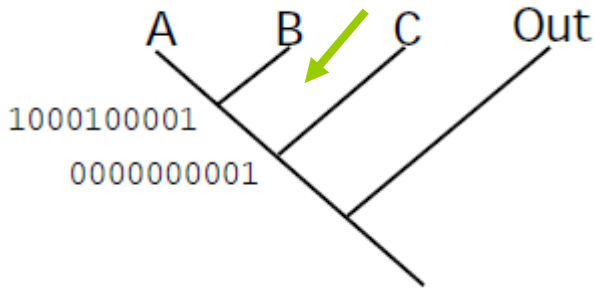
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

Eğer D, A ve B'ye giden dalın çakıştığı noktaya giden dala bağlanırsa:

D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1
A B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1

Farklılıklar:

1 1 1 1 1 1 1 → 6 adım gereklidir



D'nin, AB'ye giden dala bağlanması 1, 2, 3, 5, 7 ve 8. karakterin hepsinin 0'dan 1'e evrimleştiği kabullenmesini gerektirir.

Karakterler

Türemiş karakter durum sayısı

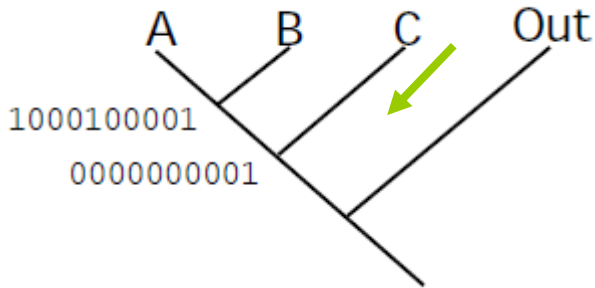
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

Eğer D, A, B ve C'ye giden daların çakıştığı noktalara giden dala bağlanırsa:

D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1
A B C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

Farklılıklar:

1 1 1 1 → 4 adım gereklidir



D'nin, ABC'ye giden dala bağlanması 2, 3, 7 ve 8. karakterin hepsinin 0'dan 1'e evrimleştiği kabullenmesini gerektirir.

Karakterler

Türemiş karakter durum sayısı

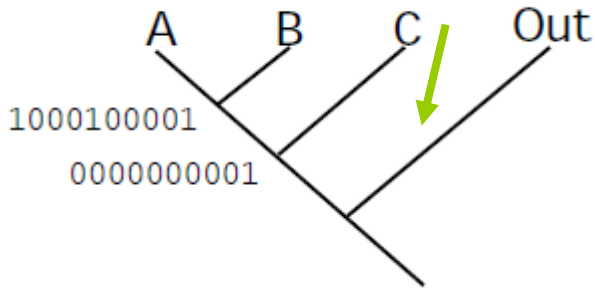
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

Eğer D'nin Outgroup'a giden dala bağlanırsa:

D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Farklılıklar:

1 1 1 1 1 → 5 adım gereklidir



D'nin, Outgrup'a giden dala bağlanması 1, 5, 6 ve 10. karakterin hepsinin 0'dan 1'e evrimleştiği kabullenmesini gerektirir.

Öyleyse, D'nin ABC'ye giden daların çakıştığı noktalara giden dala bağlanması en az sayıda evrimsel değişim adımı gerektirdiğine göre, mantıklı olan budur !!!!

Karakterler

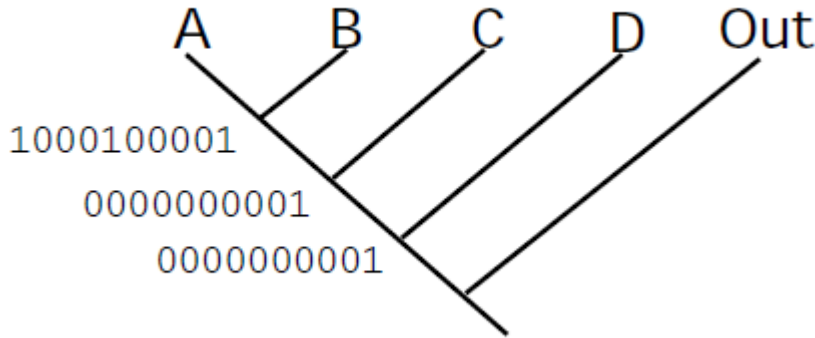
Türemiş karakter durum sayısı

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1
A B C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

Farklılıklar:

1 1 1 1 → 4 adım gereklidir



D'nin, ABC'ye giden dala bağlanması 2, 3, 7 ve 8. karakterin hepsinin 0'dan 1'e evrimleştiği kabullenmesini gerektirir.

5. En son olarak E ağaca eklenebilir :

Karakterler

Türemiş karakter durum sayısı

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	4
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	3
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	5
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	5

E --> A = 7 adım

E --> B = 6 adım

E --> C = 5 adım

E --> D = 2 adım

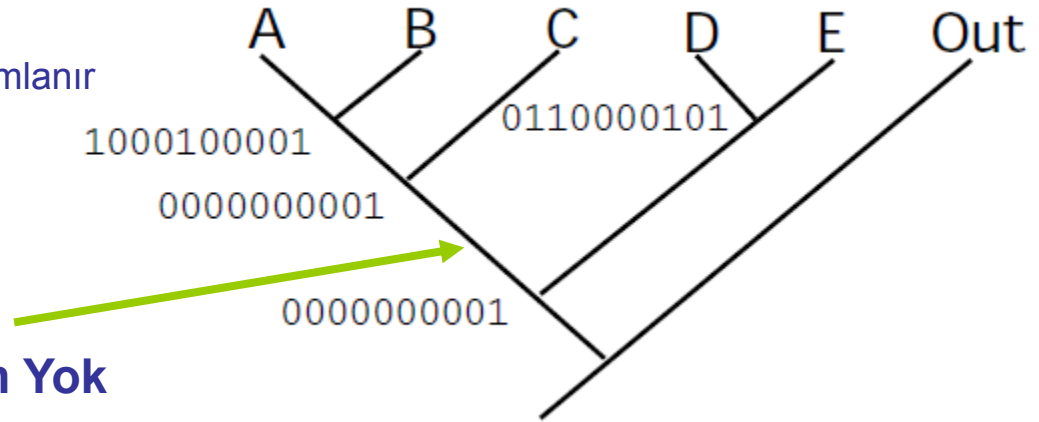
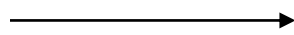
E --> AB = 6 adım

E --> ABC = 4 adım

E --> ABCD = 4 adım

E --> Out = 5 adım

E' D'ye bağlanır
ve kladogram tamamlanır



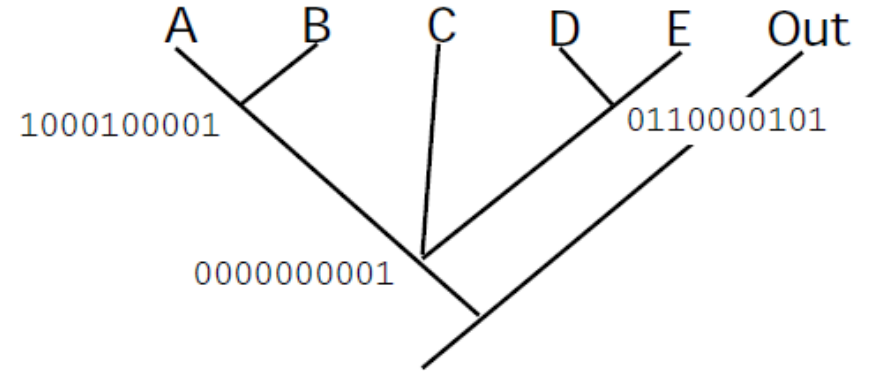
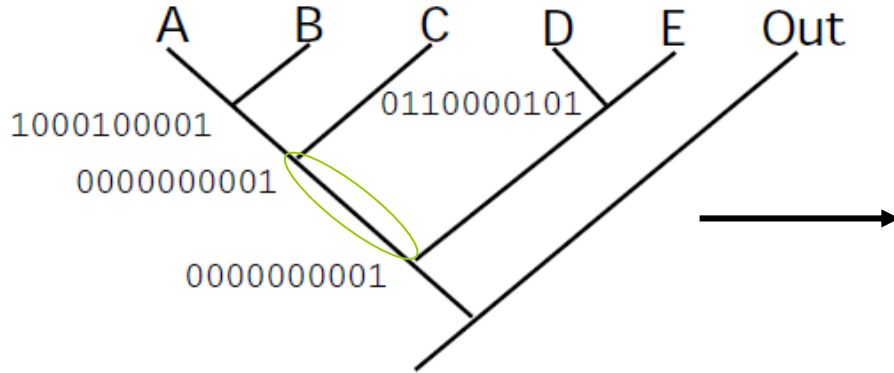
Değişim Yok

Karakterler

Türemiş karakter durum sayısı

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Out	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1
B	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1
C	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
D	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1
E	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1

4
3
2
5
5



DE'nin ayrıldığı nokta ile C'nin ayrıldığı nokta arasında bir değişim olmadığından ağaç 'çözülmemiş' olarak çizilmelidir

Optimality Criteria= Optimize etme kriterleri

Ağaçlar çizildiğinde ‘Parsimoni’ en az sayıda adım gerektiren hipotezi seçiyorsa, kladogram çizilmeden önce bir karaktere ait durumlar arasındaki adım sayısı önceden belirlenmelidir.

Karaktere ait durumlar arasındaki adım sayısını belirlemek için kullanılan kriter **Optimality Criterion: Optimize etme kriteri olarak adlandırılır.**

Birkaç tane **Optimize etme kriteri bulunmakta olup bunlar şu şekilde özetlenebilir:**

WAGNER OPTIMALITY

Wagner'in 1961'edki çalışması temel alınarak, 1970 yılında Ferris tarafından formülize edilmiş olup, en basitlerinden biridir, buna göre:

1. **Karakterlerin geri dönüşümüne izin verilir:** Yani $0 \rightarrow 1$ dönüşüm $1 \rightarrow 0$ dönüşüm ile aynı adım maliyetine sahiptir
2. **Karakterler eklemelidir:** Yani $0 \rightarrow 1$ dönüşüm 1 adım ise, $1 \rightarrow 2$ dönüşüm 1 adım ise, $0 \rightarrow 2$ dönüşüm 2 adımdır.

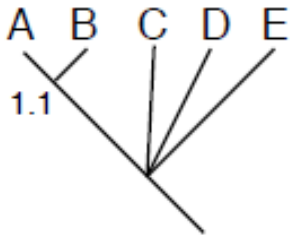
$$0 \rightarrow 1 \rightarrow 2$$

WAGNER OPTIMALITY

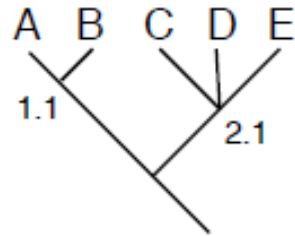
Bu durumun nasıl işlediğini anlamak için şu örneği inceleyelim:

Karakterler

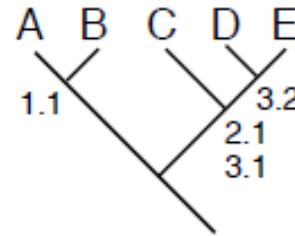
Out	0 0 0 0
A	1 0 0 1
B	1 0 0 0
C	0 1 1 0
D	0 1 2 0
E	0 1 2 1



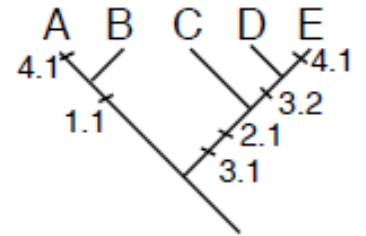
Karakter 1 A ve B'yi birleştirir



Karakter 2 C, D ve E'yi birleştirir



Karakter 3 eklemelidir, 0 durumundan 2 durumuna gitmek için 1 durumunu geçmek zorundadır. Bu nedenle, durum 1 C, D ve E'yi birleştirirken durum 2 D ve E'yi birleştirir.



Karakter 4 hem A hem de E'de 1 durumundadır. Bu durumun bir konvergentlik olduğunu varsaymak 'parsimonious'tur.

FITCH OPTIMALITY

Fitch (1971) tarafından geliştirilmiş olup, karakter durumlarının geri dönüşümlü olması açısından Wagner metoduna benzer, ancak ondan farklı olarak karakter durumları arasındaki değişimin **eklemeli olmadığını** söyler, buna göre:

- 1. Karakterlerin geri dönüşümüne izin verilir:** Yani $0 \rightarrow 1$ dönüşüm $1 \rightarrow 0$ dönüşüm ile aynı adım maliyetine sahiptir
- 2. Karakterler eklemeli değildir:** Yani $0 \rightarrow 1$ dönüşüm 1 adım ise, $1 \rightarrow 2$ dönüşüm 1 adım ise, $0 \rightarrow 2$ dönüşüm yine 1 adımdır.

$0 \rightarrow 1$

$1 \rightarrow 2$

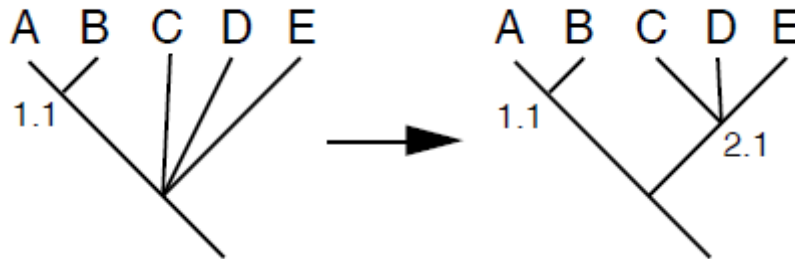
$0 \rightarrow 2$

FITCH OPTIMALITY

Bu durumun nasıl işlediğini anlamak için şu örneği inceleyelim:

	Karakterler
Out	0 0 0 0
A	1 0 0 1
B	1 0 0 0
C	0 1 1 0
D	0 1 2 0
E	0 1 2 1

İki durumlu bir karakterin analizi Wagner ve Fitch metodunda aynıdır. Dolayısı ile ilk iki karakterin analizi yukarıda anlatılanla aynıdır.



Karakter 1, A ve B'yi birleştirir

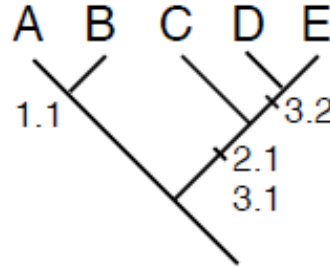
Karakter 2, C, D ve E'yi birleştirir

FITCH OPTIMALITY

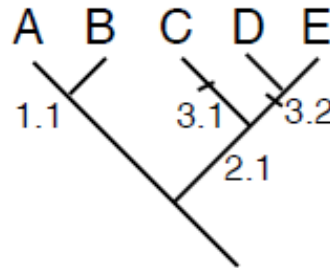
Karakterler

Out	0 0 0 0
A	1 0 0 1
B	1 0 0 0
C	0 1 1 0
D	0 1 2 0
E	0 1 2 1

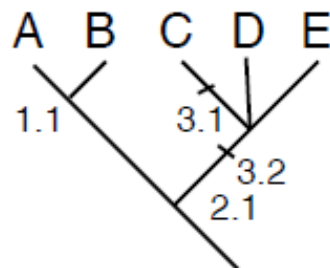
Karakter 3 Wagner ve Fitch metodu arasındaki farklı gösterir: Fitch metodunda durumların değişimi 'eklemeli değildir', dolayısı ile aşağıdaki değişimlerin hepsi 2 adım gerektirir, bu da daha fazla ağaç demektir



Durum 0 durum 1'e dönüşür (1 adım) ve durum 1 durum 2'ye dönüşür (1 adım). Toplam 2 adım



Durum 0 durum 1'e dönüşür (1 adım) ve durum 0 durum 2'ye dönüşür (yine 1 adım). Toplam 2 adım



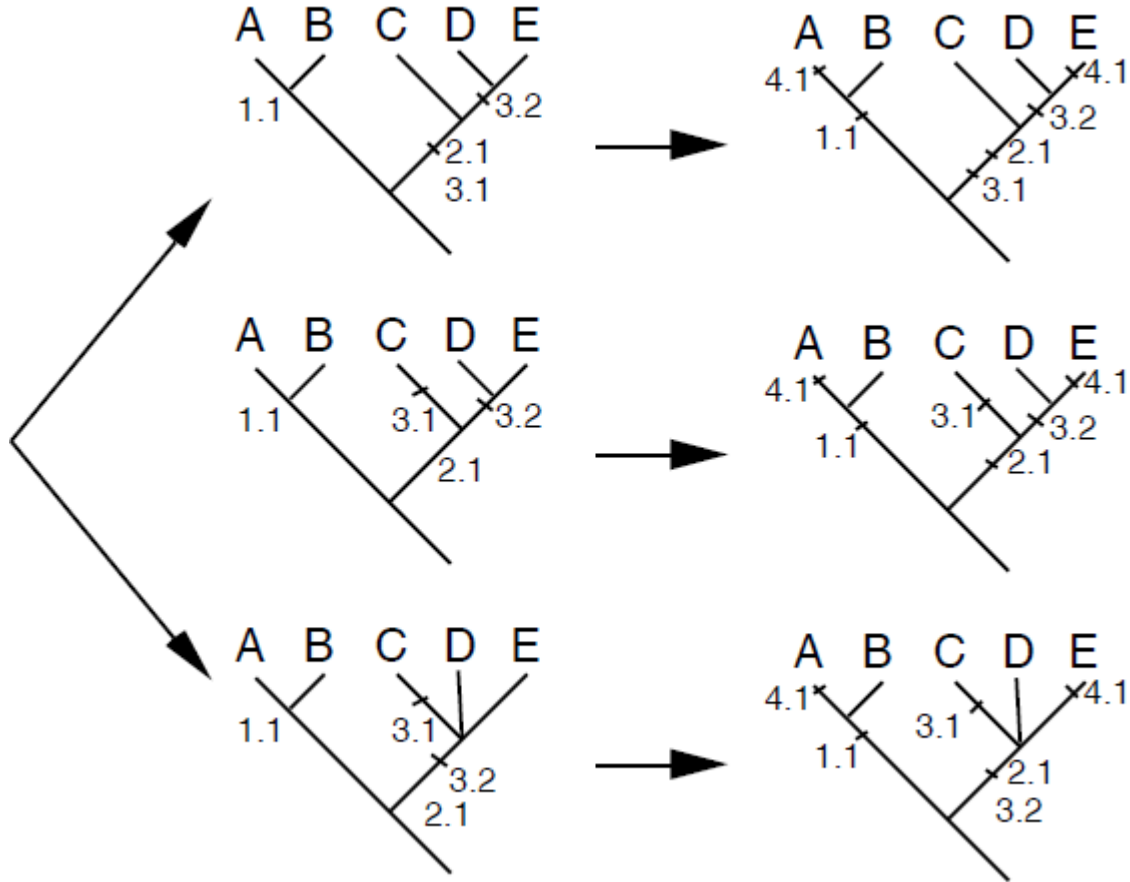
Durum 0 durum 2'ye dönüşür (1 adım) ve durum 2 durum 1'e dönüşür (yine 1 adım). Toplam 2 adım

FITCH OPTIMALITY

Karakterler

Out	0 0 0 0
A	1 0 0 1
B	1 0 0 0
C	0 1 1 0
D	0 1 2 0
E	0 1 2 1

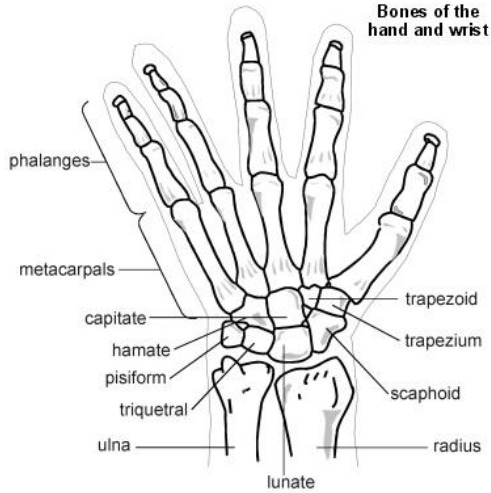
Karakter 4 için 1 durumu A ve E taksonunda bulunur ve bunun konvergentlik sonucu ortaya çıktığını kabul etmek '**parsimonious**'tur.



Fitch optimalite Wagner optimaliteye göre her zaman için daha fazla sayıda '**eşit olasılıkta parsimoni ağacı**' ile sonuçlanır !!!!!!!!!!!

DOLLO OPTIMALITY

L. Dollo (1893) evrimin 'daha önceki özelleşmiş forma' nadiren geri evrimleşeceğini vurgulamıştır. Bu durum 'Law of Phylogenetic Irreversibility= Filogenetik Geri dönüşümsüzlük kuralı' olarak adlandırılır.



Örneğin, amniyotların ön üyelerini oluşturan elemanların (humerus, radius, ulna, digit vb.) tam bir düzenlenmesi sadece bir kere evrimleşmiştir.

Böyle bir karmaşık yapının ikinci kez evrimleşmesi imkansızdır.

O halde, tüm 'homoplasiler' ikincil kayıp (atasal duruma tekrar geri dönme) olarak ele alınmalıdır.