

Rencontres ALPHY-GTGC  
Montpellier– 27/01/2009

*Reconstruction  
de réseaux phylogénétiques  
à structure arborée  
depuis un ensemble de clusters*

Daniel Huson, Regula Rupp,  
Vincent Berry, **Philippe Gambette**, Christophe Paul



EBERHARD KARLS  
UNIVERSITÄT  
TÜBINGEN



um2  
UNIVERSITÉ MONTPELLIER 2  
SCIENCES ET TECHNIQUES



ANR

# Plan

---

- **Les réseaux phylogénétiques à structure arborée**
- **Reconstruction depuis des clusters**
- **Une approche en deux étapes**
- **L'ensemble minimum de conflits**
- **L'attachement minimum**
- **L'implémentation dans Dendroscope**

# Plan

---

- **Les réseaux phylogénétiques à structure arborée**
- Reconstruction depuis des clusters
- Une approche en deux étapes
- L'ensemble minimum de conflits
- L'attachement minimum
- L'implémentation dans Dendroscope

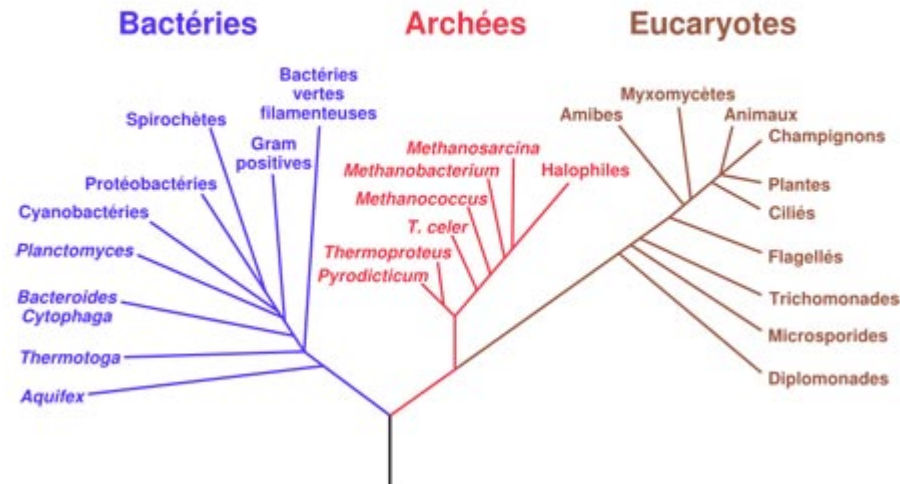
# Les arbres phylogénétiques

## Arbre phylogénétique



Un **arbre phylogénétique** est un **arbre** schématique qui montre les relations de parentés entre des entités supposées avoir un ancêtre commun.

### Arbre phylogénétique de la vie



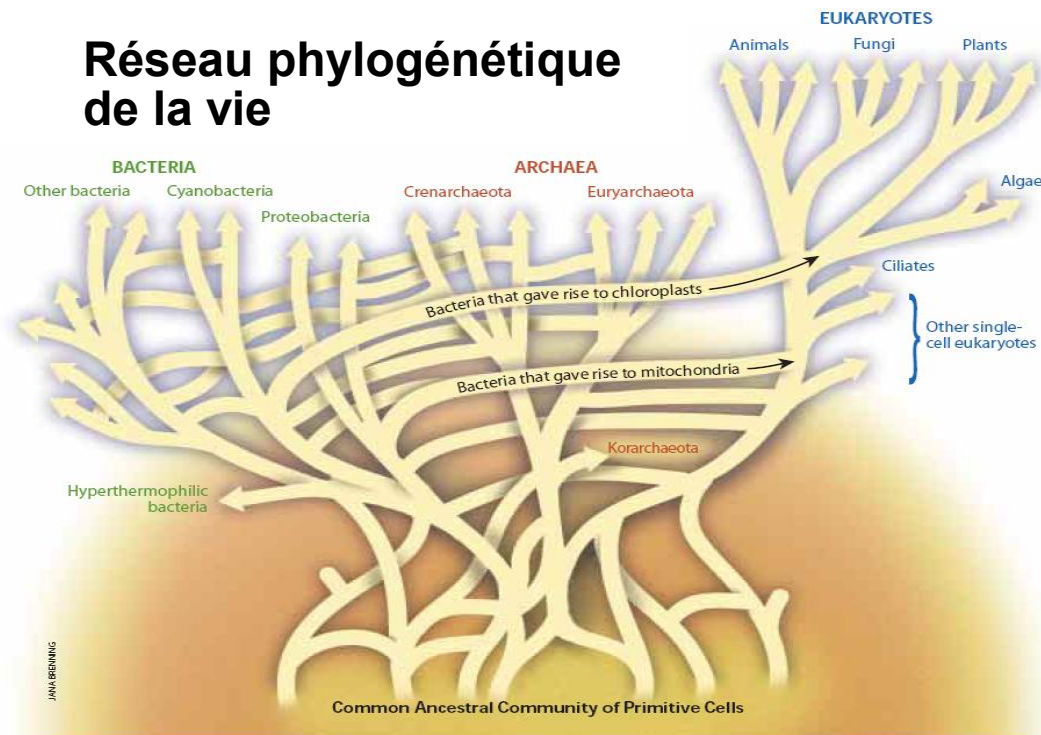
*D'après Woese, Kandler, Wheelis : Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya, Proceedings of the National Academy of Sciences, 87(12), 4576–4579 (1990)*

# Les réseaux phylogénétiques

## Réseau phylogénétique



Un réseau phylogénétique désigne un **graphe** utilisé pour visualiser les relations liées à l'évolution entre des espèces ou des organismes. Il doit être employé quand interviennent des événements d'**hybridations**, de transferts horizontaux de gènes, ou de **recombinaisons génétiques**.



# Les réseaux phylogénétiques

## Réseau phylogénétique



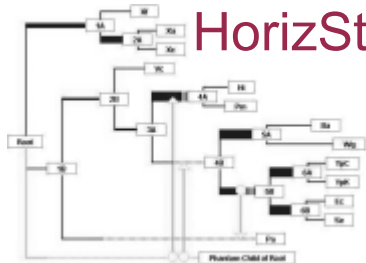
Un réseau phylogénétique désigne un **graphe** utilisé pour visualiser les relations liées à l'évolution entre des espèces ou des organismes. Il doit être employé quand interviennent des événements d'**hybridations**, de transferts horizontaux de gènes, ou de **recombinaisons génétiques**.



réseau de niveau 2

Level-2

diagramme de synthèse

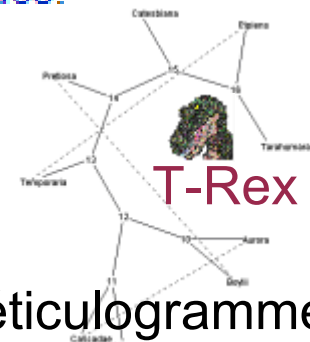
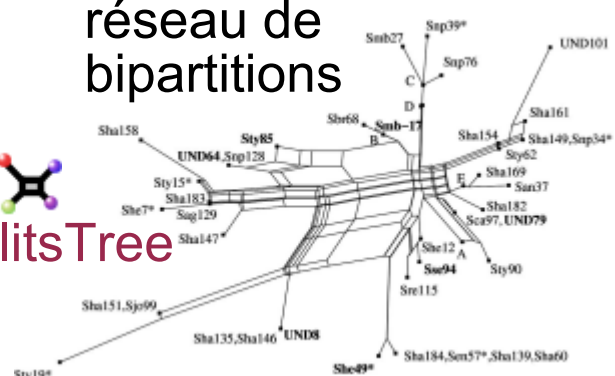


HorizStory

réseau de bipartitions

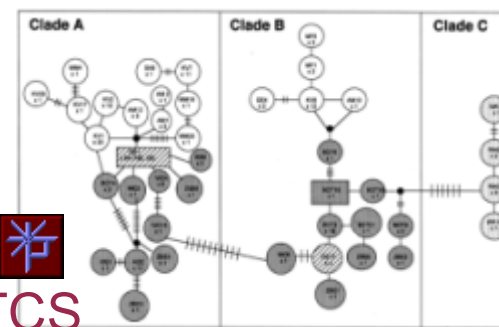


SplitsTree



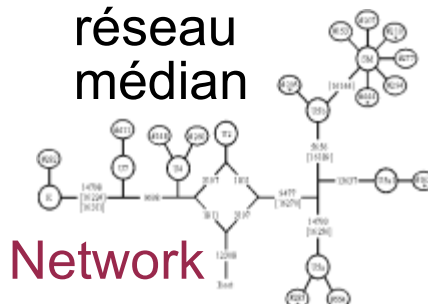
réticulogramme

réseau couvrant minimum



TCS

réseau médian



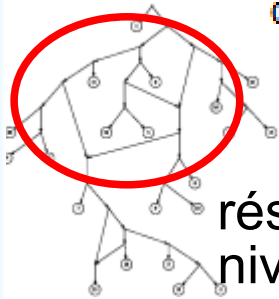
Network

# Les réseaux phylogénétiques

## Réseau phylogénétique



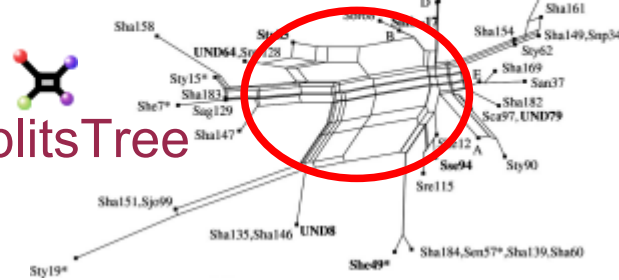
Un réseau phylogénétique désigne un **graphe** utilisé pour visualiser les relations liées à l'évolution entre des espèces ou des organismes. Il doit être employé quand interviennent des événements d'**hybridations**, de transferts horizontaux de gènes, ou de **recombinaisons génétiques**.



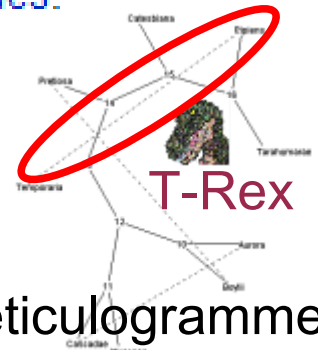
réseau de niveau 2

Level-2

réseau de bipartitions



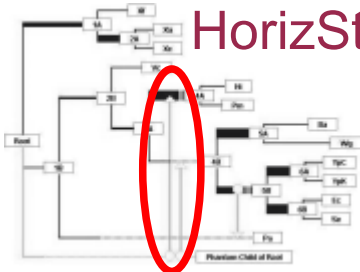
SplitsTree



T-Rex

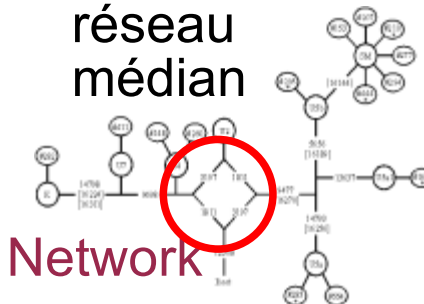
réticulogramme

diagramme de synthèse



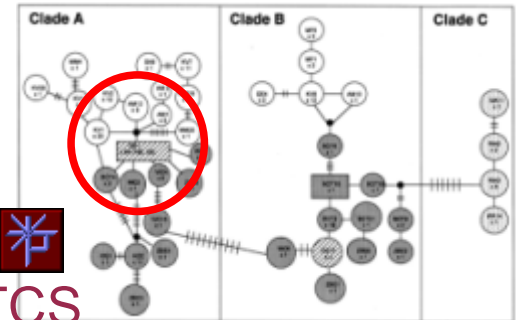
HorizStory

réseau médian



Network

réseau couvrant minimum



TCS

# Réseaux abstraits ou explicites

Un **réseau phylogénétique explicite** est un réseau phylogénétique dont tous les noeuds correspondent à des événements biologiques précis.

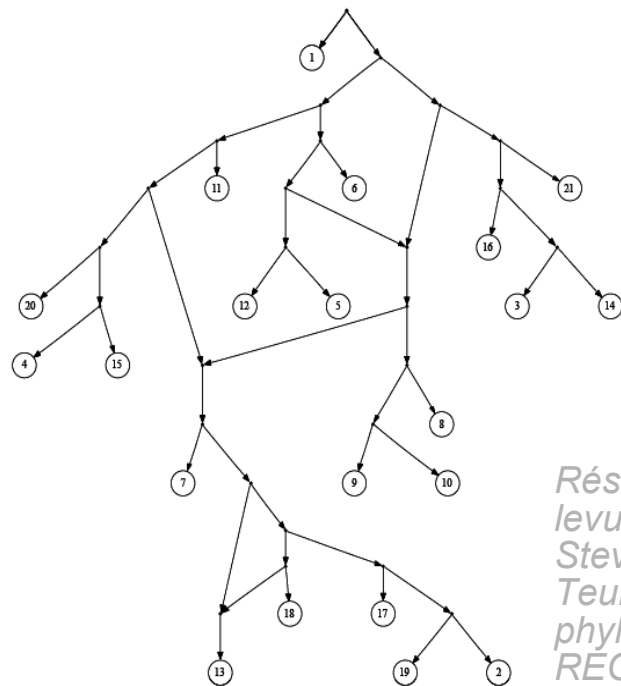
Un **réseau phylogénétique abstrait** reflète des signaux phylogénétiques sans nécessairement représenter explicitement des événements biologiques.



# Réseaux abstraits ou explicites

Un **réseau phylogénétique explicite** est un réseau phylogénétique dont tous les noeuds correspondent à des événements biologiques précis.

Un **réseau phylogénétique abstrait** reflète des signaux phylogénétiques sans nécessairement représenter explicitement des événements biologiques.

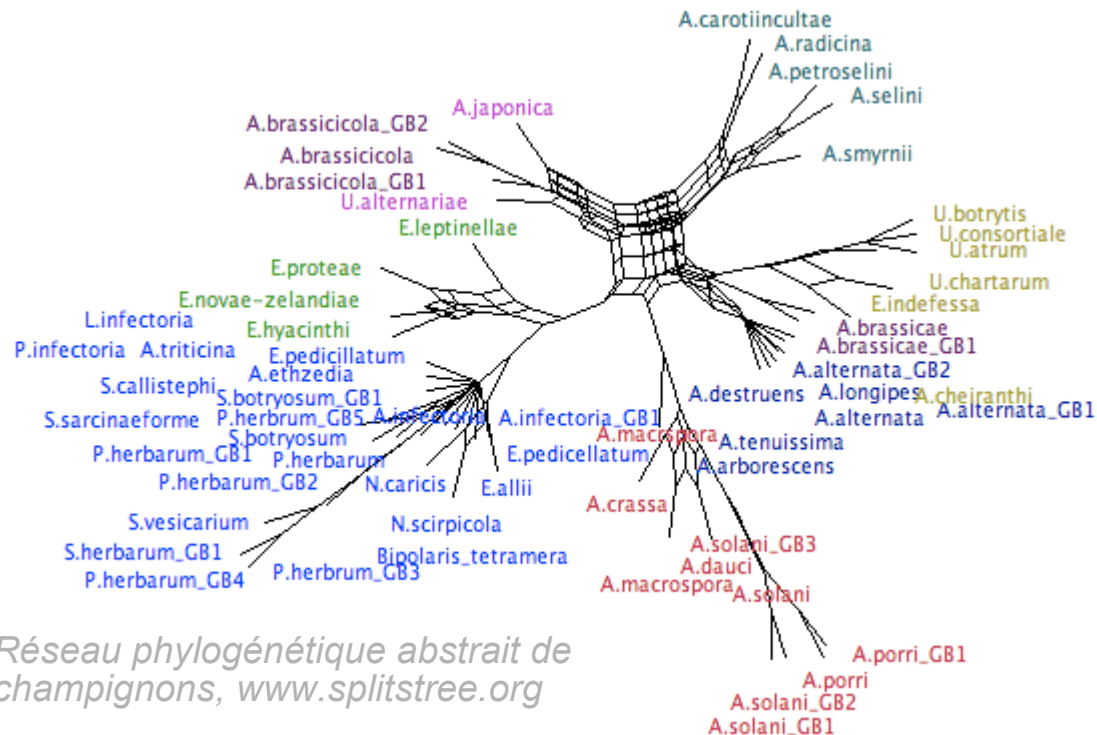


*Réseau phylogénétique explicite de levures, Leo van Iersel, Judith Keijsper, Steven Kelk, Leen Stougie, Ferry Hagen, Teun Boekhout : Constructing level-2 phylogenetic networks from triplets. RECOMB'08*

# Réseaux abstraits ou explicites

Un réseau phylogénétique explicite est un réseau phylogénétique dont tous les noeuds correspondent à des événements biologiques précis.

Un **réseau phylogénétique abstrait** reflète des signaux phylogénétiques sans nécessairement représenter explicitement des événements biologiques.

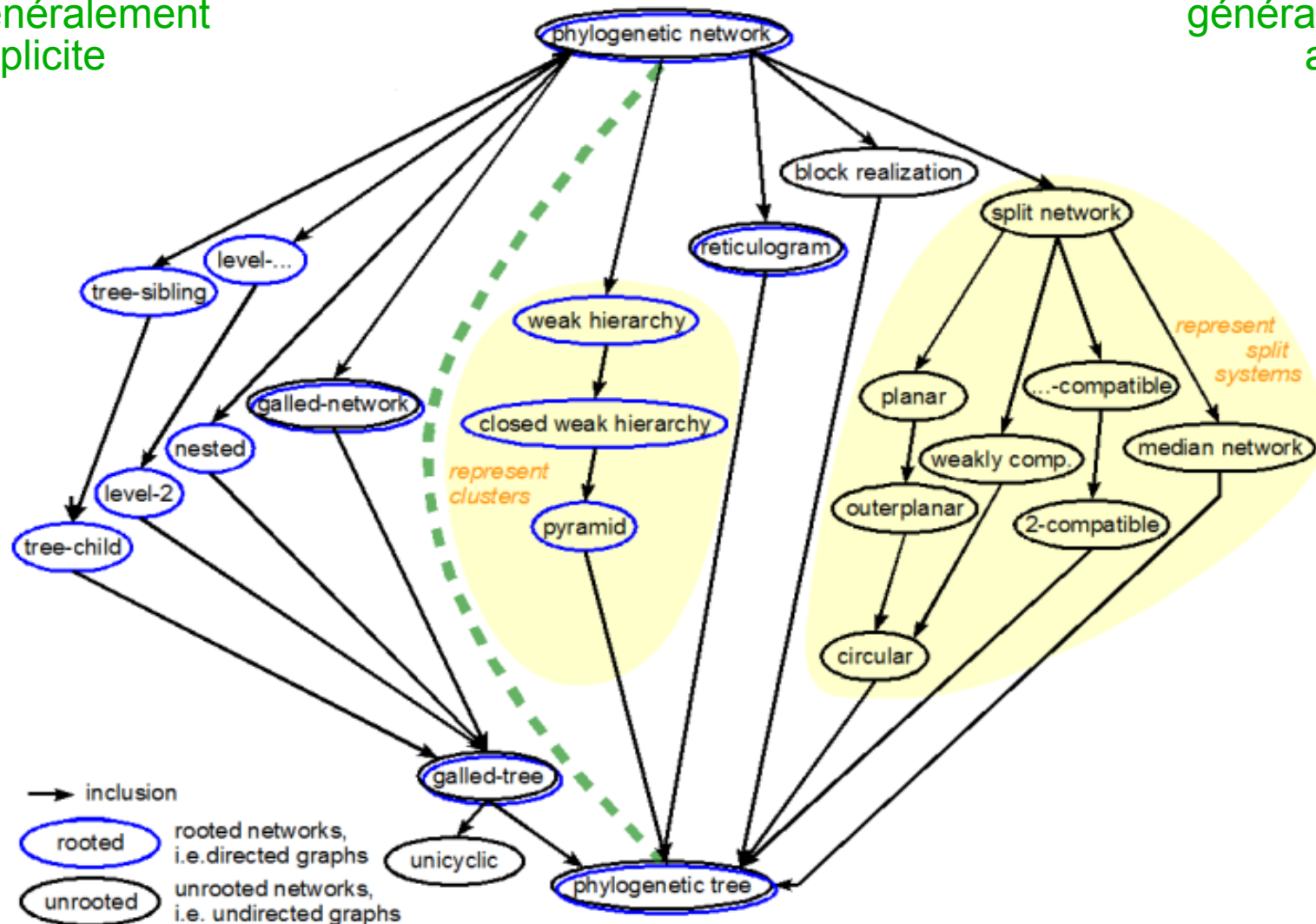


# Hiérarchie de sous-classes de réseaux

Des restrictions pour obtenir des algorithmes efficaces :

généralement  
explicite

généralement  
abstrait

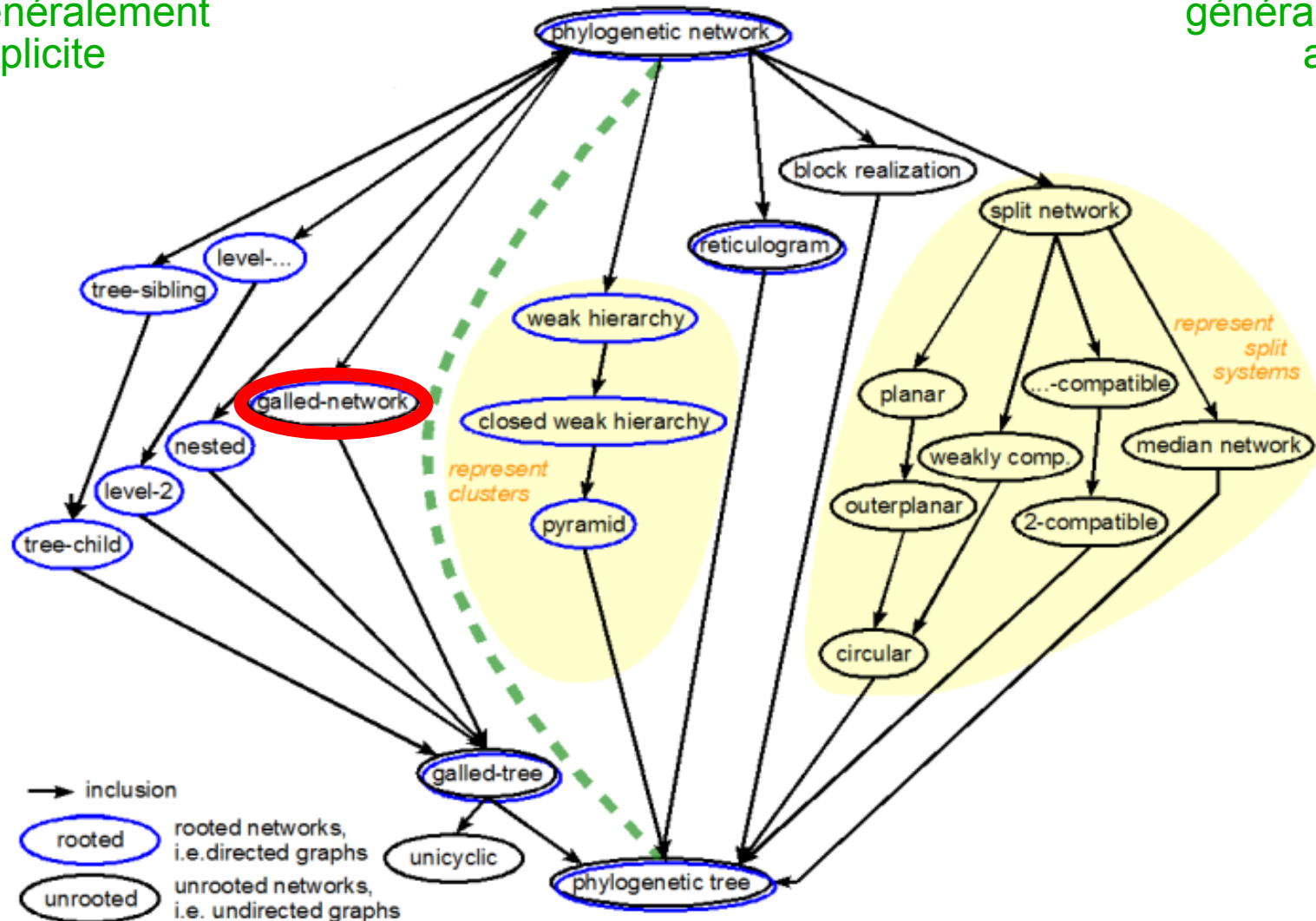


# Les réseaux à structure arborée

réseau à structure arborée = *galled network*

généralement  
explicite

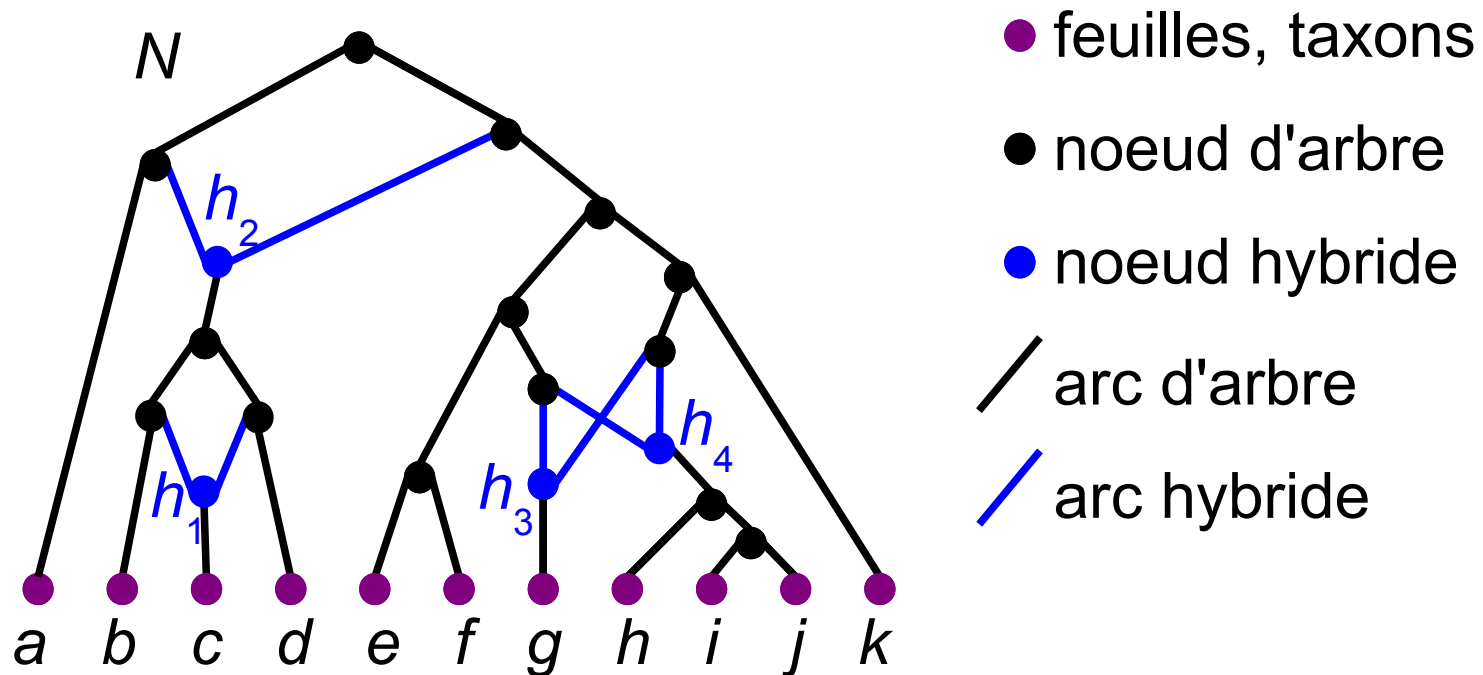
généralement  
abstrait



# Les réseaux à structure arborée

Définition d'un *réseau à structure arborée*  
“galled network” :

réseau phylogénétique tel que  
pour tout noeud hybride, sa suppression  
déconnecte le graphe.

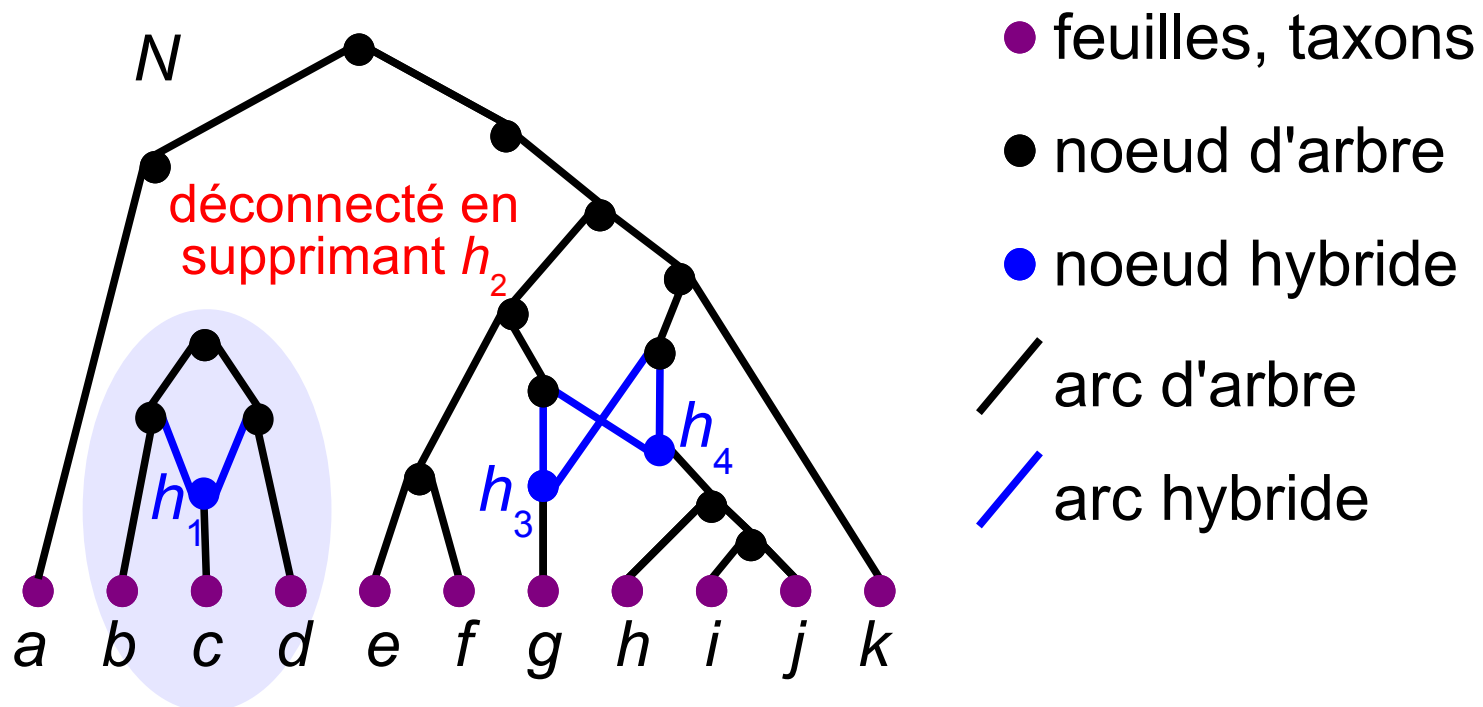


Réseau *enraciné* : arcs orientés vers le bas

# Les réseaux à structure arborée

## Définition d'un *réseau à structure arborée* “galled network” :

réseau phylogénétique tel que  
pour tout noeud hybride, sa suppression  
déconnecte le graphe.

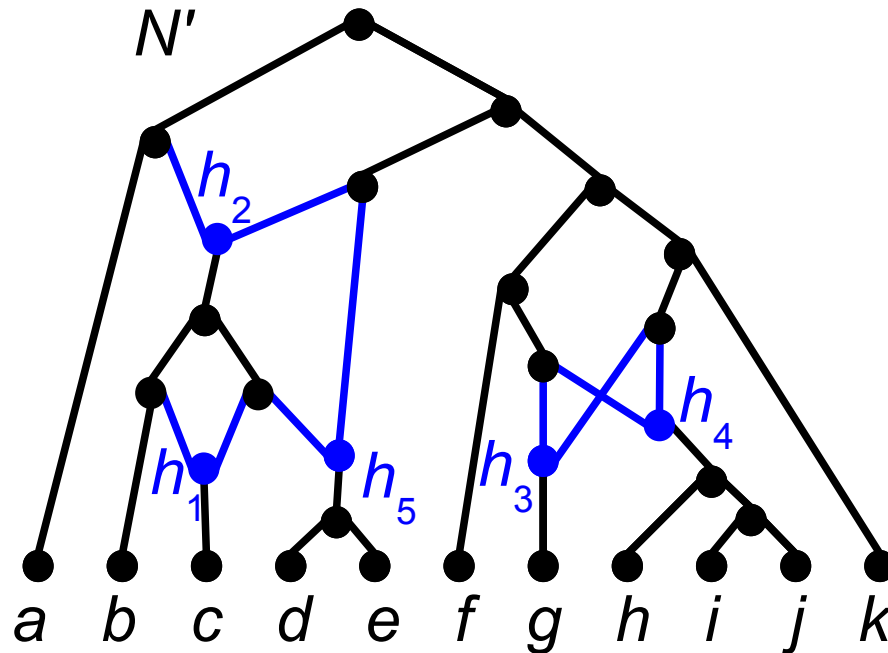


Réseau *enraciné* : arcs orientés vers le bas

# Les réseaux à structure arborée

Définition d'un *réseau à structure arborée*  
“galled network” :

réseau phylogénétique tel que  
pour tout noeud hybride, sa suppression  
déconnecte le graphe.

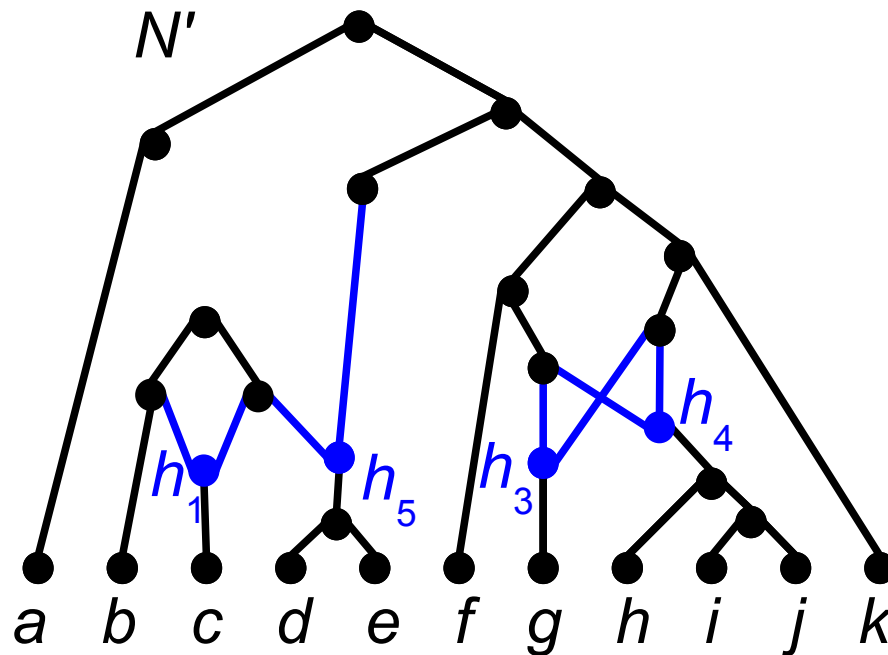


$N'$  n'est pas un réseau  
à structure arborée.

# Les réseaux à structure arborée

Définition d'un *réseau à structure arborée*  
“galled network” :

réseau phylogénétique tel que  
pour tout noeud hybride, sa suppression  
déconnecte le graphe.



$N'$  n'est pas un réseau  
à structure arborée.

$N'$  reste connecté après  
suppression de  $h_2$



# Plan

---

- Les réseaux phylogénétiques à structure arborée
- **Reconstruction depuis des clusters**
- Une approche en deux étapes
- L'ensemble minimum de conflits
- L'attachement minimum
- L'implémentation dans Dendroscope

# Super-réseaux

## Problème :

Reconstruire le **super-réseau** d'un ensemble d'arbres avec le **minimum de réticulations** est

**difficile.**

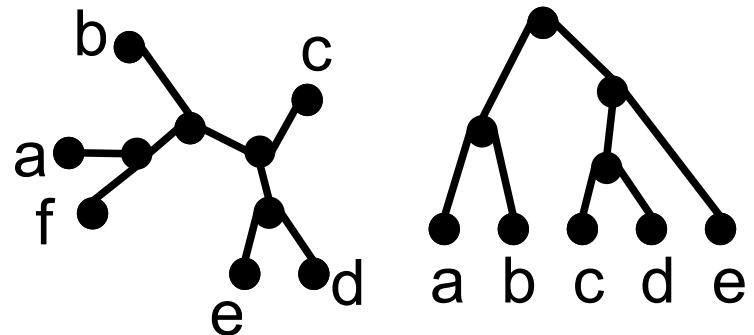
Bordewich & Semple, DAM, 2007

## Idée :

reconstituer un réseau contenant tous les :

**triplets**  
**quadruplets**  
**clusters**  
**splits**

des arbres en entrée ?

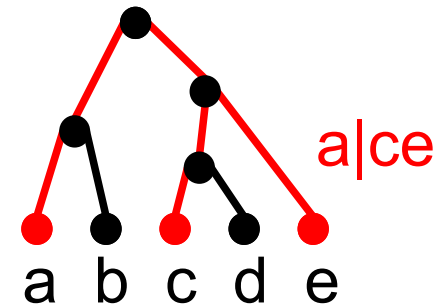


**Motivation algorithmique**

# Super-réseaux

**Idée :**  
reconstituer un réseau contenant tous les :

**triplets**



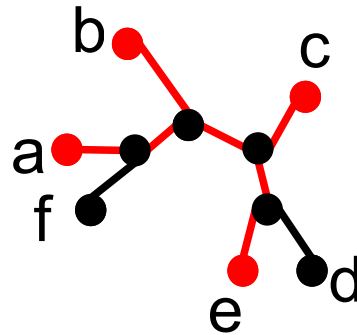
des arbres en entrée ?

# Super-réseaux

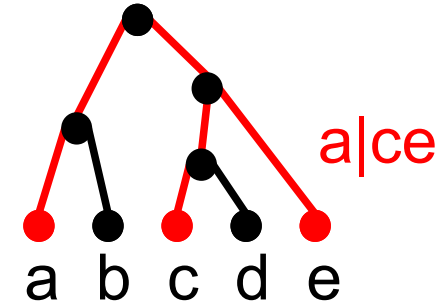
**Idée :**

reconstituer un réseau contenant tous les :

ab|ce



triplets



a|ce

quadruplets

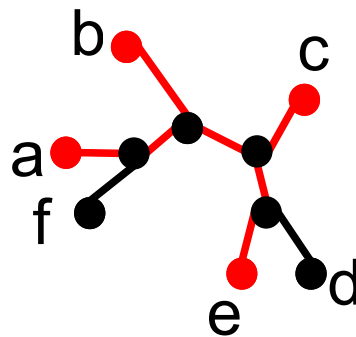
des arbres en entrée ?

# Super-réseaux

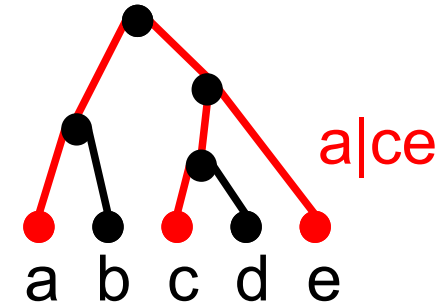
**Idée :**

reconstituer un réseau contenant tous les :

ab|ce

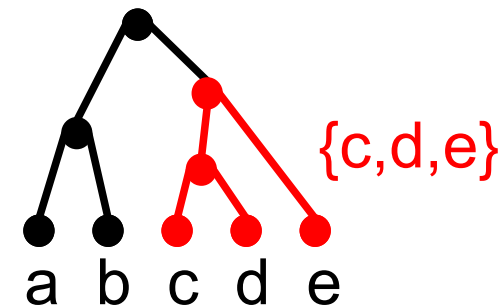


triplets



quadruplets

clusters



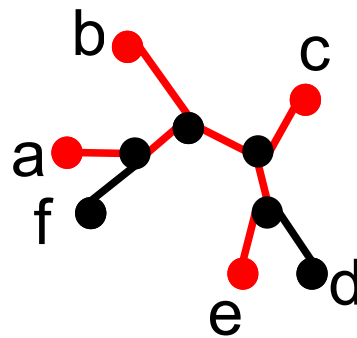
des arbres en entrée ?

# Super-réseaux

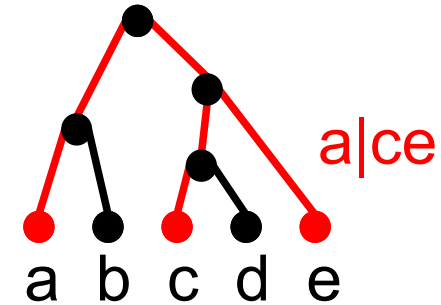
**Idée :**

reconstituer un réseau contenant tous les :

$ab|ce$

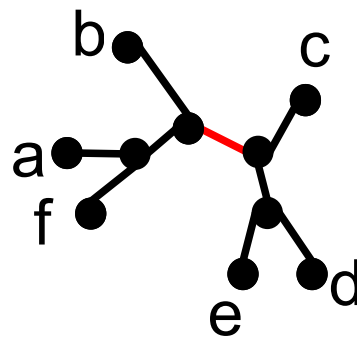


**triplets**

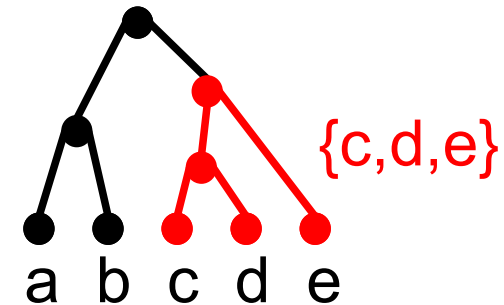


**quadruplets**

$\{a,b,f\}$   
 $\{c,d,e\}$



**clusters**



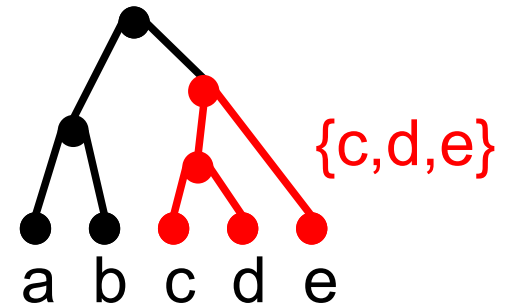
**splits**

des arbres en entrée ?

# Super-réseaux

**Idée :**  
reconstituer un réseau contenant tous les

**clusters**

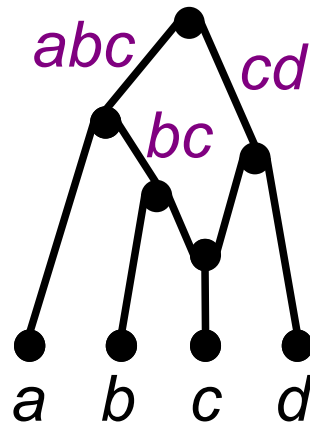


des arbres en entrée ?

# Clusters pleins / souples et réseaux

$X$  cluster **pleinement compatible** avec  $N$  (**hardwired**)  
si  $X$  est l'ensemble des feuilles sous un noeud de  $N$ .

$X$  cluster **souplement compatible** avec  $N$  (**softwired**)  
s'il existe un arbre  $T$  dans  $N$  sur les taxons  $L$  tel que  $X$  est  
l'ensemble des feuilles sous un noeud de  $T$ .

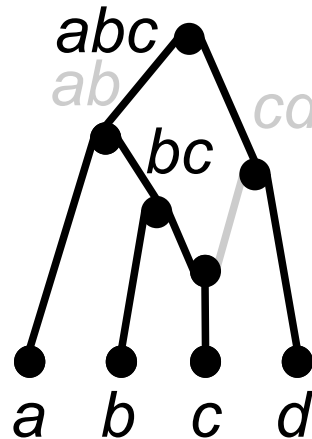




# Clusters pleins / souples et réseaux

$X$  cluster **pleinement compatible** avec  $N$  (**hardwired**)  
si  $X$  est l'ensemble des feuilles sous un noeud de  $N$ .

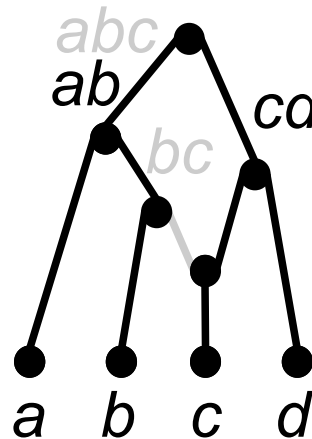
$X$  cluster **souplement compatible** avec  $N$  (**softwired**)  
s'il existe un arbre  $T$  dans  $N$  sur les taxons  $L$  tel que  $X$  est  
l'ensemble des feuilles sous un noeud de  $T$ .



# Clusters pleins / souples et réseaux

$X$  cluster **pleinement compatible** avec  $N$  (**hardwired**)  
si  $X$  est l'ensemble des feuilles sous un noeud de  $N$ .

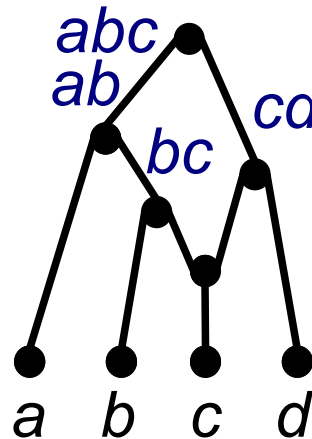
$X$  cluster **souplement compatible** avec  $N$  (**softwired**)  
s'il existe un arbre  $T$  dans  $N$  sur les taxons  $L$  tel que  $X$  est  
l'ensemble des feuilles sous un noeud de  $T$ .



# Clusters pleins / souples et réseaux

$X$  cluster **pleinement compatible** avec  $N$  (**hardwired**)  
si  $X$  est l'ensemble des feuilles sous un noeud de  $N$ .

$X$  cluster **souplement compatible** avec  $N$  (**softwired**)  
s'il existe un arbre  $T$  dans  $N$  sur les taxons  $L$  tel que  $X$  est  
l'ensemble des feuilles sous un noeud de  $T$ .

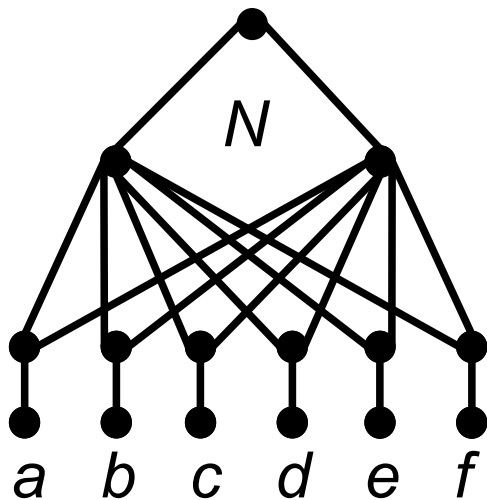


L'ensemble  $C(N)$  de **tous les clusters souplement compatibles** avec  $N$  peut être de taille **exponentielle**.  
Test de compatibilité souple **NP-complet**.

# Clusters et réseaux à structure arborée

Test de compatibilité souple **polynomial** sur les réseaux à structure arborée.

Pour tout ensemble  $C$  de clusters, il existe un **réseau à structure arborée compatible** avec  $C$ .

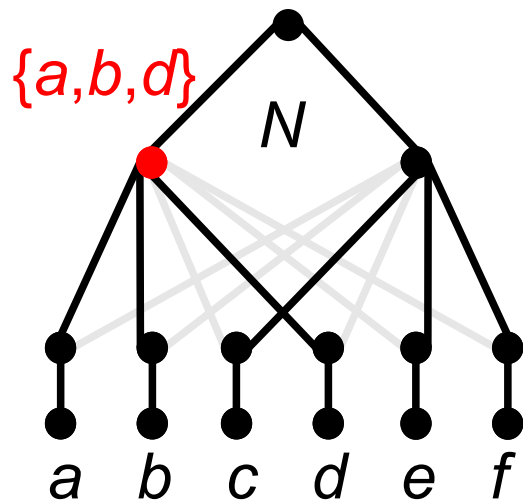


Le réseau à structure arborée  $N$  est compatible avec tout cluster sur  $\{a, b, c, d, e, f\}$ .

# Clusters et réseaux à structure arborée

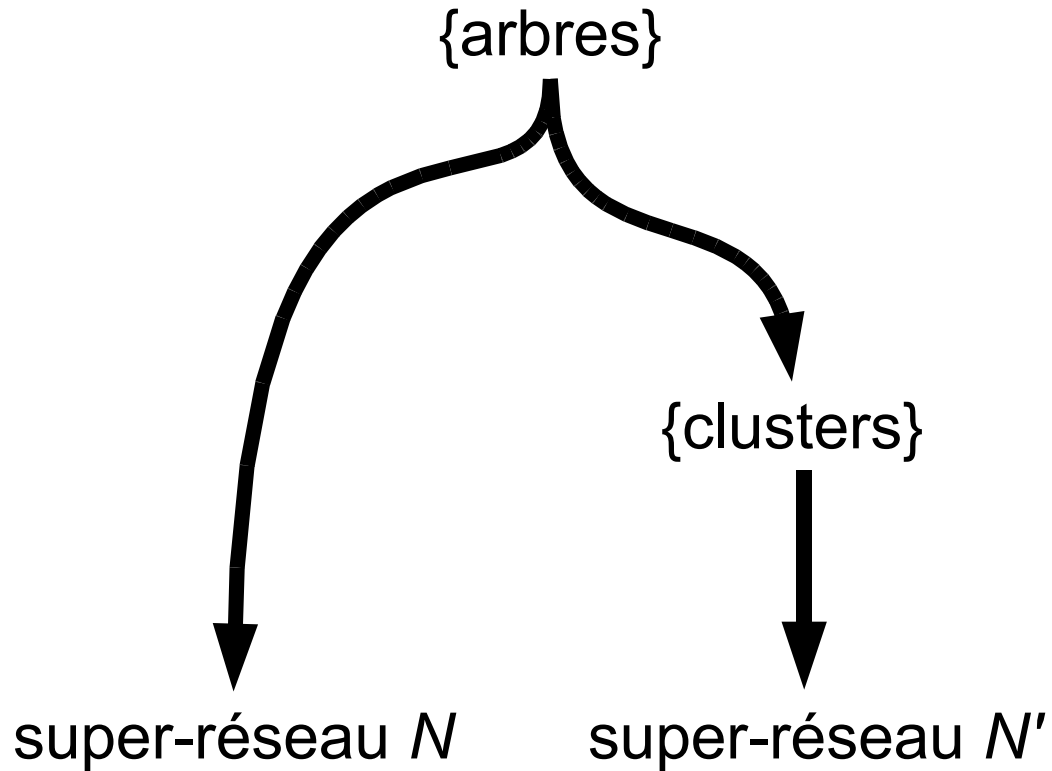
Test de compatibilité souple **polynomial** sur les réseaux à structure arborée.

Pour tout ensemble  $C$  de clusters, il existe un **réseau à structure arborée compatible** avec  $C$ .

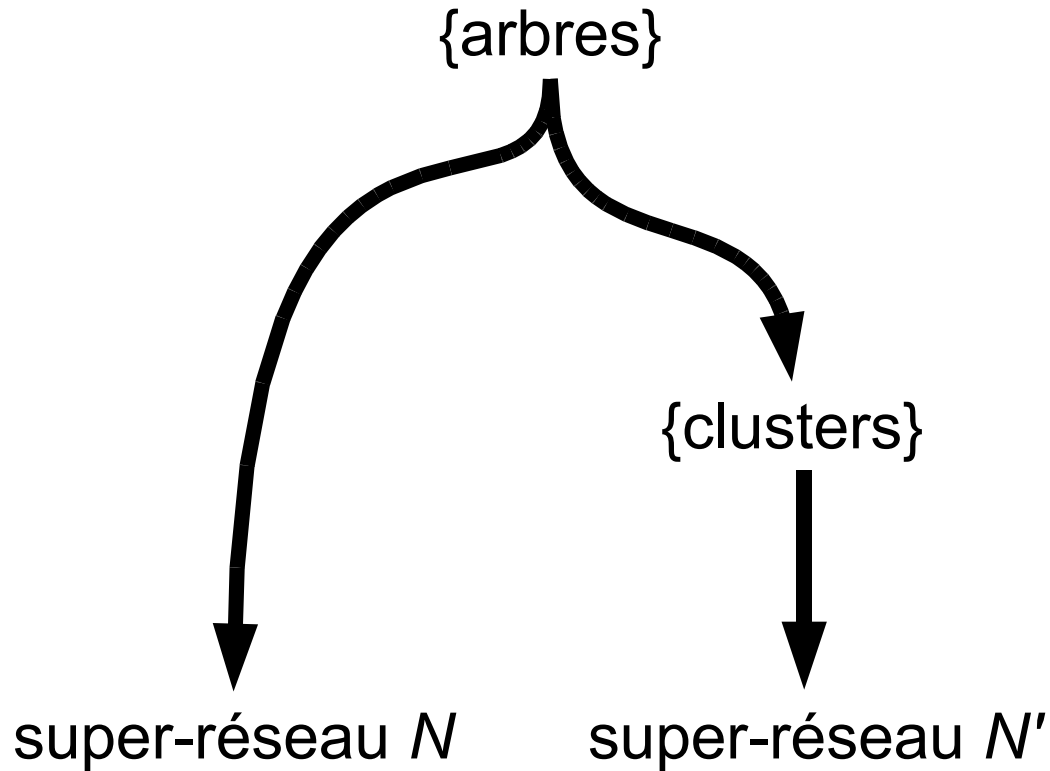


Le réseau à structure arborée  $N$  est compatible avec tout cluster sur  $\{a, b, c, d, e, f\}$ .

# Reconstruction depuis les clusters



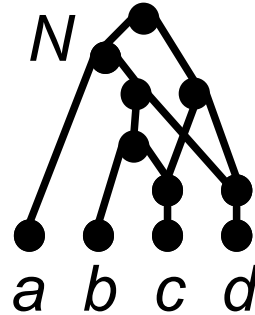
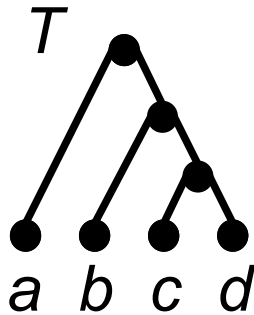
# Reconstruction depuis les clusters



**$N' = N ?$**

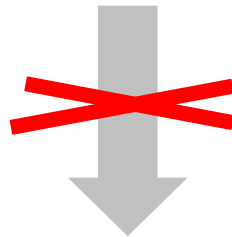
# Reconstruction depuis les clusters

Un réseau  $N$  compatible avec tous les clusters d'un arbre  $T$  n'est pas forcément compatible avec  $T$ .



pleinement/souplement compatible avec  $\{abcd, bcd, cd, a, b, c, d\}$  mais pas avec  $T$

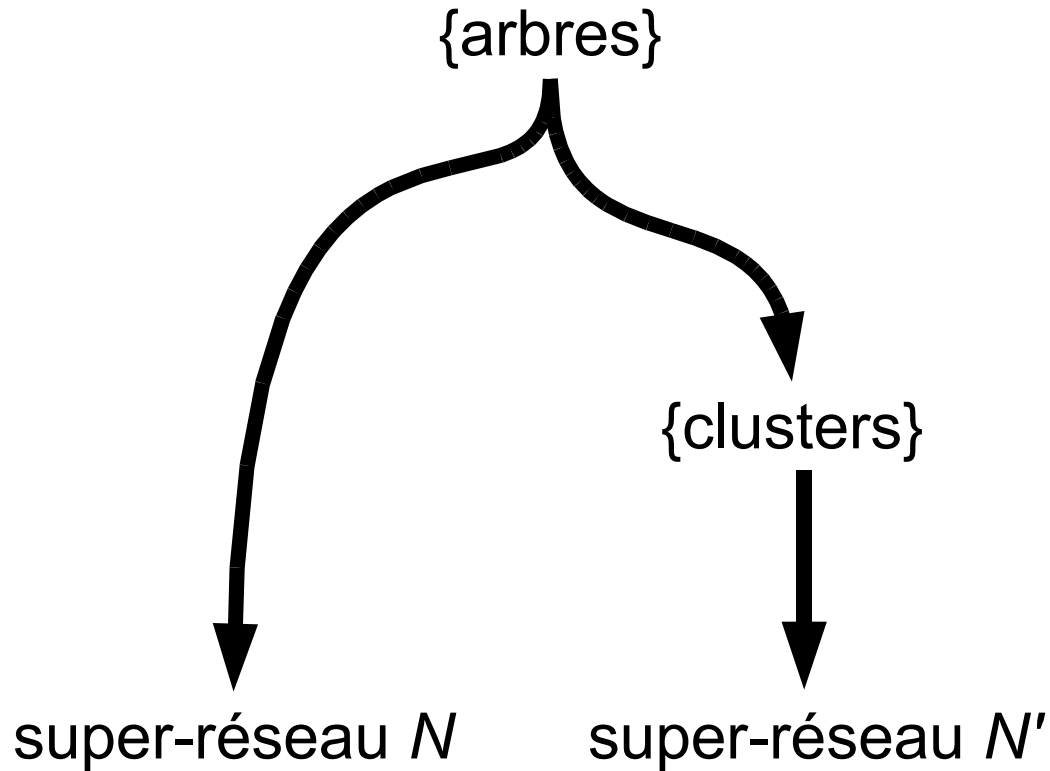
compatible avec les clusters d'un arbre  $T$



compatible avec  $T$ .



# Reconstruction depuis les clusters



**$N$  plus complexe que  $N'$**

# Plan

---

- Les réseaux phylogénétiques à structure arborée
- Reconstruction depuis des clusters
- **Une approche en deux étapes**
- L'ensemble minimum de réticulations
- L'attachement minimum
- L'implémentation dans Dendroscope

# Une approche en deux étapes

- 1- Trouver un **ensemble minimum de conflits** parmi les clusters :
  - partie sans conflits ➡ arbre,
  - taxons impliqués dans des conflits ➡ sous les réticulations.

MAXIMUM COMPATIBLE SUBSET

- 2- Attacher les taxons impliqués dans des conflits à l'arbre avec un **nombre minimal d'arcs**.

MINIMUM ATTACHMENT PROBLEM

# Une approche en deux étapes

- 1- Trouver un **ensemble minimum de conflits** parmi les clusters :
  - partie sans conflits ➡ arbre,
  - taxons impliqués dans des conflits ➡ sous les réticulations.

MAXIMUM COMPATIBLE SUBSET

- 2- Attacher les taxons impliqués dans des conflits à l'arbre avec un **nombre minimal d'arcs**.

MINIMUM ATTACHMENT PROBLEM

# Plan

---

- Les réseaux phylogénétiques à structure arborée
- Reconstruction depuis des clusters
- Une approche en deux étapes
- **L'ensemble minimum de conflits**
- L'attachement minimum
- L'implémentation dans Dendroscope

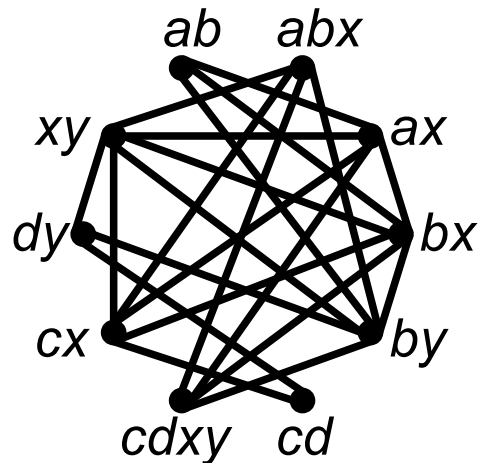
# L'ensemble minimum de conflits

Clusters *incompatibles* si ni inclus ni disjoints : 

**Graphe d'incompatibilité** d'un ensemble de clusters :

- un cluster par sommet,
- une arête entre deux clusters incompatibles.

Exemple :  $\{\{a,b\},\{a,b,x\},\{a,x\},\{b,x\},\{b,y\},\{c,d\},\{c,d,x,y\},\{c,x\},\{d,y\},\{x,y\}\}$

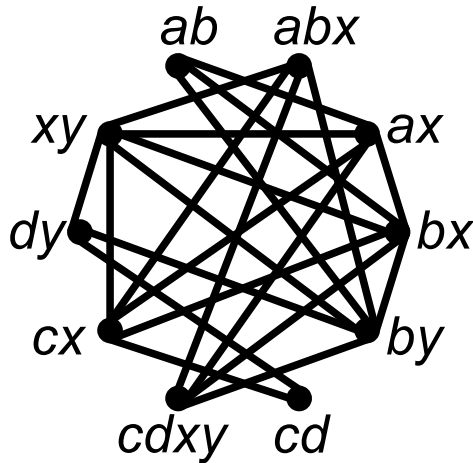


**Problème :**

pour chaque composante connexe du graphe, enlever le nombre minimum de taxons pour supprimer toutes les arêtes.

# L'ensemble minimum de conflits

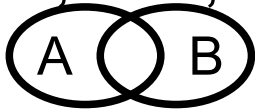
Exemple :  $\{\{a,b\},\{a,b,x\},\{a,x\},\{b,x\},\{b,y\},\{c,d\},\{c,d,x,y\},\{c,x\},\{d,y\},\{x,y\}\}$



## Problème :

pour chaque composante connexe du graphe, enlever un nombre minimum de taxons pour supprimer toutes les arêtes.

**Déclaration d'incompatibilités :**  
 $(A \setminus B, A \cap B, B \setminus A)$

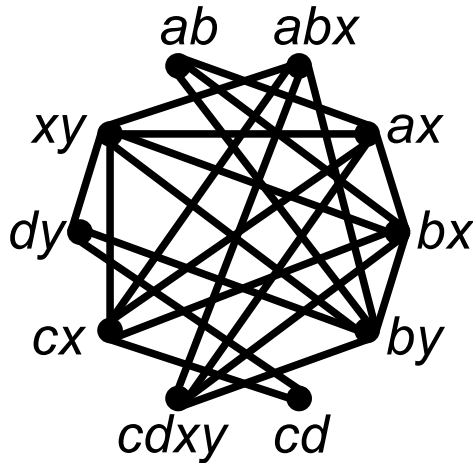


pour tous clusters A et B incompatibles

- |                                  |                               |
|----------------------------------|-------------------------------|
| $(\{b\}, \{a\}, \{x\})$          | $(\{x\}, \{b\}, \{y\})$       |
| $(\{a\}, \{b\}, \{x\})$          | $(\{b\}, \{x\}, \{c, d, y\})$ |
| $(\{a\}, \{b\}, \{y\})$          | $(\{b\}, \{x\}, \{c\})$       |
| $(\{a, x\}, \{b\}, \{y\})$       | $(\{b\}, \{x\}, \{y\})$       |
| $(\{a, b\}, \{x\}, \{c, d, y\})$ | $(\{b\}, \{y\}, \{c, d, x\})$ |
| $(\{a, b\}, \{x\}, \{c\})$       | $(\{b\}, \{y\}, \{d\})$       |
| $(\{a, b\}, \{x\}, \{y\})$       | $(\{b\}, \{y\}, \{x\})$       |
| $(\{a\}, \{x\}, \{b\})$          | $(\{d\}, \{c\}, \{x\})$       |
| $(\{a\}, \{x\}, \{c, d, y\})$    | $(\{c\}, \{d\}, \{y\})$       |
| $(\{a\}, \{x\}, \{c\})$          | $(\{c\}, \{x\}, \{y\})$       |
| $(\{a\}, \{x\}, \{y\})$          | $(\{d\}, \{y\}, \{x\})$       |

# L'ensemble minimum de conflits

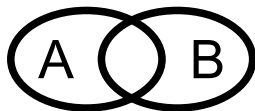
Exemple :  $\{\{a,b\},\{a,b,x\},\{a,x\},\{b,x\},\{b,y\},\{c,d\},\{c,d,x,y\},\{c,x\},\{d,y\},\{x,y\}\}$



## Problème :

pour chaque composante connexe du graphe, enlever un nombre minimum de taxons pour supprimer toutes les arêtes.

Choisir un nombre minimum de taxons pour supprimer un élément dans chaque déclaration d'incompatibilité

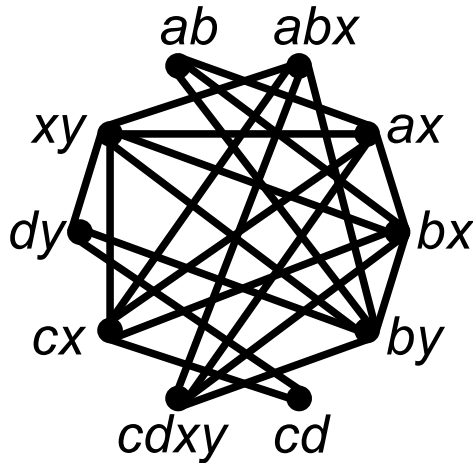


- |                             |                           |
|-----------------------------|---------------------------|
| $(\{b\},\{a\},\{x\})$       | $(\{x\},\{b\},\{y\})$     |
| $(\{a\},\{b\},\{x\})$       | $(\{b\},\{x\},\{c,d,y\})$ |
| $(\{a\},\{b\},\{y\})$       | $(\{b\},\{x\},\{c\})$     |
| $(\{a,x\},\{b\},\{y\})$     | $(\{b\},\{x\},\{y\})$     |
| $(\{a,b\},\{x\},\{c,d,y\})$ | $(\{b\},\{y\},\{c,d,x\})$ |
| $(\{a,b\},\{x\},\{c\})$     | $(\{b\},\{y\},\{d\})$     |
| $(\{a,b\},\{x\},\{y\})$     | $(\{b\},\{y\},\{x\})$     |
| $(\{a\},\{x\},\{b\})$       | $(\{d\},\{c\},\{x\})$     |
| $(\{a\},\{x\},\{c,d,y\})$   | $(\{c\},\{d\},\{y\})$     |
| $(\{a\},\{x\},\{c\})$       | $(\{c\},\{x\},\{y\})$     |
| $(\{a\},\{x\},\{y\})$       | $(\{d\},\{y\},\{x\})$     |



# L'ensemble minimum de conflits

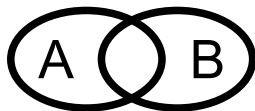
Exemple :  $\{\{a,b\},\{a,b,x\},\{a,x\},\{b,x\},\{b,y\},\{c,d\},\{c,d,x,y\},\{c,x\},\{d,y\},\{x,y\}\}$



## Problème :

pour chaque composante connexe du graphe, enlever un nombre minimum de taxons pour supprimer toutes les arêtes.

Choisir un nombre minimum de taxons (**x** et **y**) pour supprimer un élément dans chaque déclaration d'incompatibilité



- |                             |                           |
|-----------------------------|---------------------------|
| $(\{b\},\{a\},\{x\})$       | $(\{x\},\{b\},\{y\})$     |
| $(\{a\},\{b\},\{x\})$       | $(\{b\},\{x\},\{c,d,y\})$ |
| $(\{a\},\{b\},\{y\})$       | $(\{b\},\{x\},\{c\})$     |
| $(\{a,x\},\{b\},\{y\})$     | $(\{b\},\{x\},\{y\})$     |
| $(\{a,b\},\{x\},\{c,d,y\})$ | $(\{b\},\{y\},\{c,d,x\})$ |
| $(\{a,b\},\{x\},\{c\})$     | $(\{b\},\{y\},\{d\})$     |
| $(\{a,b\},\{x\},\{y\})$     | $(\{b\},\{y\},\{x\})$     |
| $(\{a\},\{x\},\{b\})$       | $(\{d\},\{c\},\{x\})$     |
| $(\{a\},\{x\},\{c,d,y\})$   | $(\{c\},\{d\},\{y\})$     |
| $(\{a\},\{x\},\{c\})$       | $(\{c\},\{x\},\{y\})$     |
| $(\{a\},\{x\},\{y\})$       | $(\{d\},\{y\},\{x\})$     |

# L'ensemble minimum de conflits

## *Problème :*

enlever un nombre minimum  $k$  de taxons pour supprimer toutes les incompatibilités pour un ensemble  $H$  de déclarations d'incompatibilité.

**NP-complet** dans le cas général

Steel & Hamel, AML, 1996

**NP-complet** sur un graphe connexe, sans taxons “jumeaux”  
réduction depuis le cas général

**Algorithme FPT en  $O(3^k k |H|)$**  sur un graphe connexe, sans taxons “jumeaux”

algorithme incrémental basé sur le choix du candidat de taille minimale qui résout le plus d'incompatibilités pour tenter de lui faire résoudre l'incompatibilité suivante (implémenté dans Dendroscope 2).

# Plan

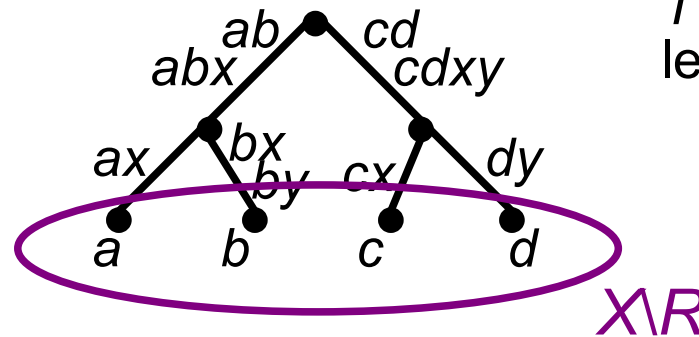
---

- Les réseaux phylogénétiques à structure arborée
- Reconstruction depuis des clusters
- Une approche en deux étapes
- L'ensemble minimum de conflits
- **L'attachement minimum**
- L'implémentation dans Dendroscope

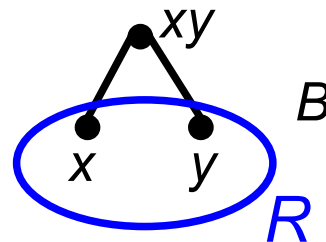
# L'attachement minimum

## *Etape précédente :*

ensemble minimum de taxons  $R$  tels que les clusters sur  $X \setminus R$  sont compatibles (avec un arbre  $T$ ).



$T$  : arbre représentant les clusters sur  $X \setminus R$

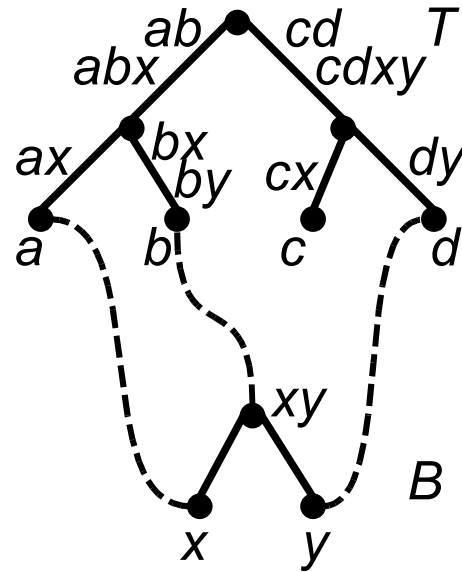


$B$  : réseau représentant les clusters maximaux sur  $R$  et les singletons de  $R$ .

## *Problème :*

Attacher  $T$  à  $B$  avec le **minimum de liens**.

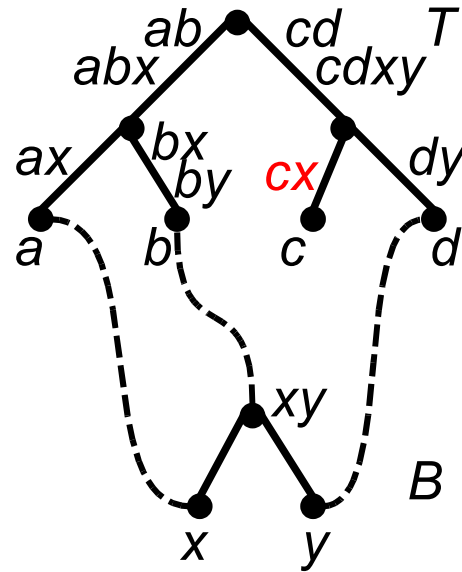
# L'attachement minimum



## C1 - Satisfaction des clusters de $T$ :

Pour tout arc  $e$  de l'arbre  $T$  et tout taxon  $r$  de  $R$  contenu dans un cluster de  $e$ , il existe un lien depuis un des descendants de  $e$  dans  $T$  vers le noeud correspondant à  $r$  dans  $B$ , ou un noeud de  $B$  correspondant à un cluster maximal qui contient  $r$ .

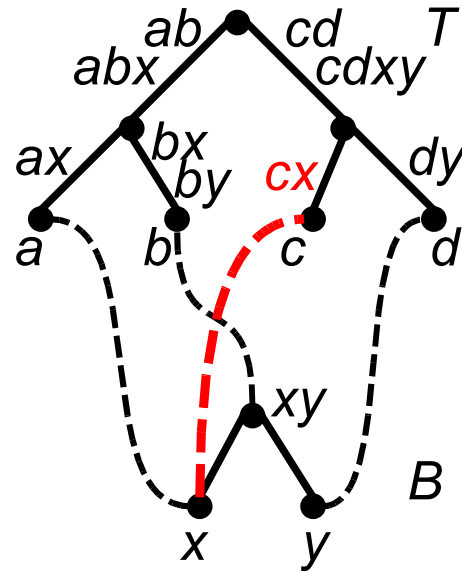
# L'attachement minimum



## **C1 - Satisfaction des clusters de $T$ :**

Pour tout arc  $e$  de l'arbre  $T$  et tout taxon  $r$  de  $R$  contenu dans un cluster de  $e$ , il existe un lien depuis un des descendants de  $e$  dans  $T$  vers le noeud correspondant à  $r$  dans  $B$ , ou un noeud de  $B$  correspondant à un cluster maximal qui contient  $r$ .

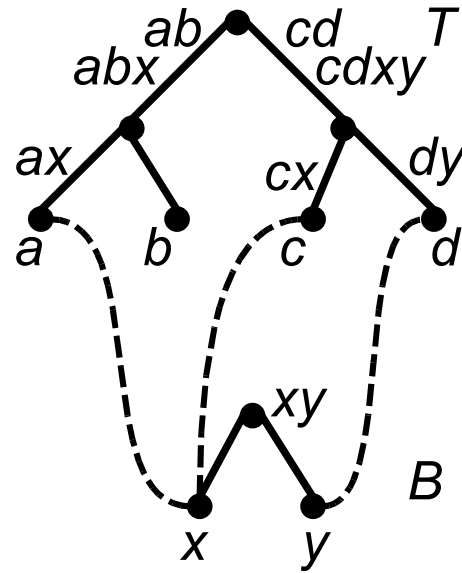
# L'attachement minimum



## **C1 - Satisfaction des clusters de $T$ :**

Pour tout arc  $e$  de l'arbre  $T$  et tout taxon  $r$  de  $R$  contenu dans un cluster de  $e$ , il existe un lien depuis un des descendants de  $e$  dans  $T$  vers le noeud correspondant à  $r$  dans  $B$ , ou un noeud de  $B$  correspondant à un cluster maximal qui contient  $r$ .

# L'attachement minimum

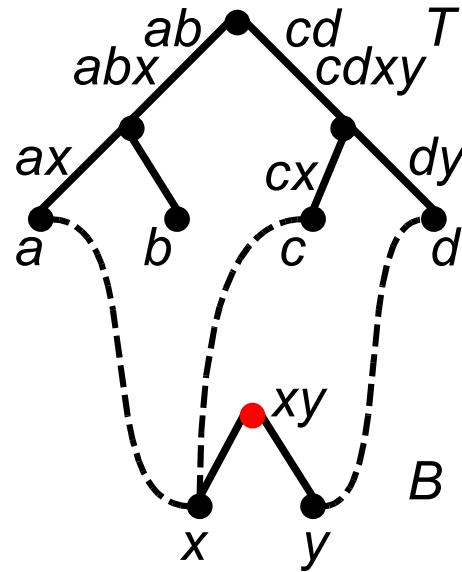


## **C2 - Satisfaction de la paternité des noeuds de $B$ :**

Tout noeud de  $B$  correspondant à plus d'un taxon est relié à un noeud de  $T$  par un lien exactement.



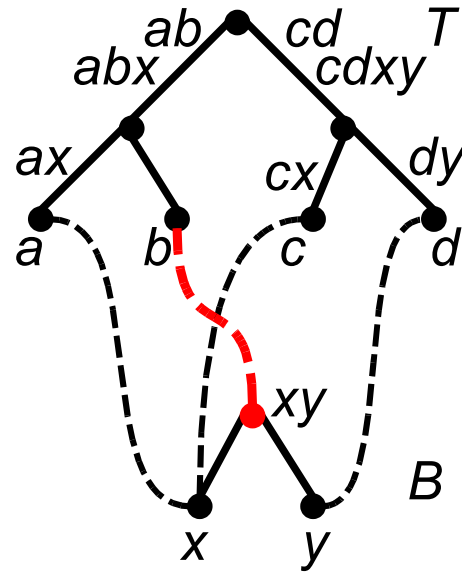
# L'attachement minimum



## C2 - Satisfaction de la paternité des noeuds de $B$ :

Tout noeud de  $B$  correspondant à plus d'un taxon est relié à un noeud de  $T$  par un lien exactement.

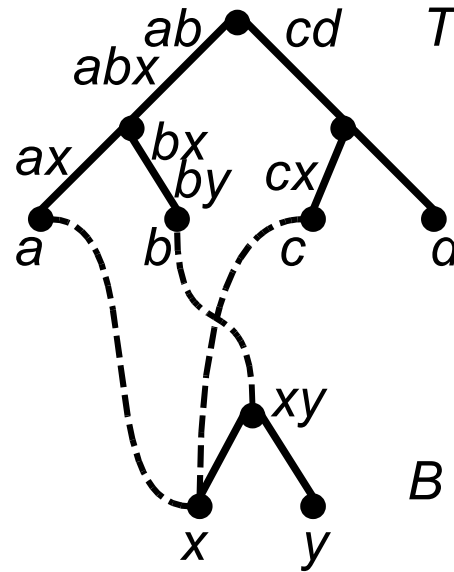
# L'attachement minimum



## **C2 - Satisfaction de la paternité des noeuds de $B$ :**

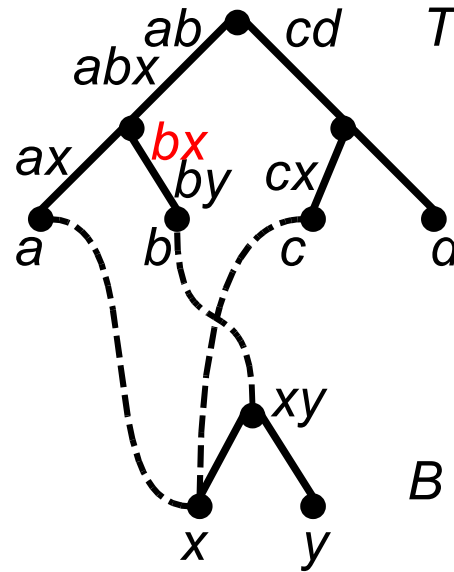
Tout noeud de  $B$  correspondant à plus d'un taxon est relié à un noeud de  $T$  par un lien exactement.

# L'attachement minimum



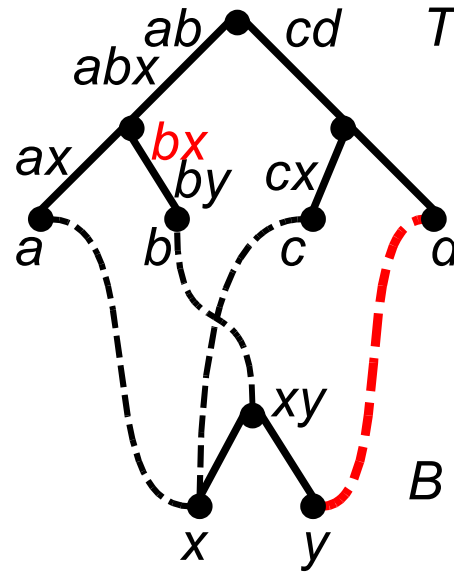
**C3 – Absence de parasites des clusters de  $T$  dans  $B$  :**  
Pour tout arc  $e$  de  $T$ , si un cluster correspondant à  $e$  ne contient pas un taxon  $r$  de  $R$ , il existe un chemin d'un noeud qui ne descend pas de  $e$  vers le noeud associé à  $r$ .

# L'attachement minimum



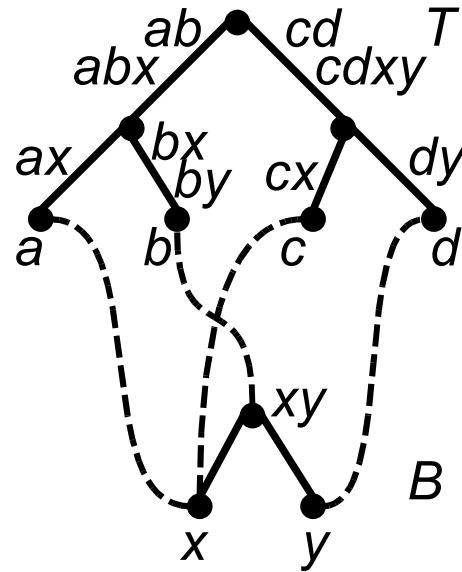
**C3 – Absence de parasites des clusters de  $T$  dans  $B$  :**  
Pour tout arc  $e$  de  $T$ , si un cluster correspondant à  $e$  ne contient pas un taxon  $r$  de  $R$ , il existe un chemin d'un noeud qui ne descend pas de  $e$  vers le noeud associé à  $r$ .

# L'attachement minimum



**C3 – Absence de parasites des clusters de  $T$  dans  $B$  :**  
Pour tout arc  $e$  de  $T$ , si un cluster correspondant à  $e$  ne contient pas un taxon  $r$  de  $R$ , il existe un chemin d'un noeud qui ne descend pas de  $e$  vers le noeud associé à  $r$ .

# L'attachement minimum



## Problème :

Trouver un attachement respectant les contraintes C1, C2, et C3 et de taille minimale.

# L'attachement minimum

## ***Problème :***

Trouver un attachement respectant les contraintes C1, C2, et C3, et de taille minimale.

## **NP-complet**

réduction depuis SetCover

**W[2]-dur**, paramétré par le nombre de liens à ajouter.

réduction depuis SetCover

## **Algorithmes :**

- Séparation et évaluation

(branch-and-bound, implémenté dans Dendroscope 2)

- Programme linéaire en nombres entiers

# Plan

---

- Les réseaux phylogénétiques à structure arborée
- Reconstruction depuis des clusters
- Une approche en deux étapes
- L'ensemble minimum de conflits
- L'attachement minimum
- **L'implémentation dans Dendroscope**



# L'implémentation dans Dendroscope

Who is Who in Phylogenetic Networks - Articles, Authors & Programs [RSS](#)

Index Browse

[Contribute!](#) [My selection](#)

Search:  in [All](#)  (word length  $\geq$  3)

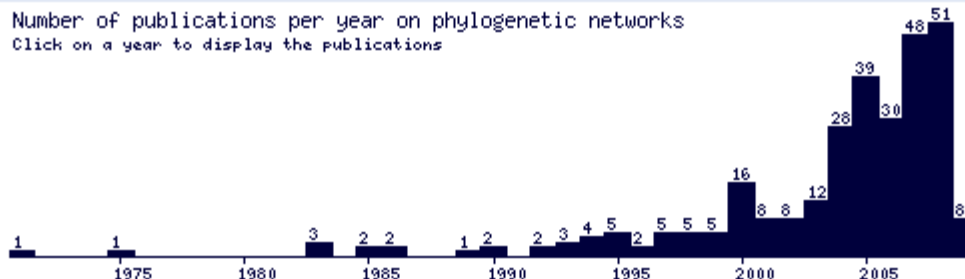
[Login](#)

Publications - Index [\(All 291 publications\)](#)

Selection by: [Year](#) | [Category](#) | [Keyword](#) | [Author](#)

## Selection by Year

Number of publications per year on phylogenetic networks  
Click on a year to display the publications



## Selection by Category

[Article \(Journal\)](#) (165) [InProceedings](#) (82) [InBook](#) (14)  
[PhdThesis](#) (14) [Misc](#) (16) [Programs](#) (37)

## Selection by Keyword

[abstract-network](#)(21) [approximation](#)(8) [APX-hard](#)(1) [ARG](#)(5) [block-realization](#)(1) [bootstrap](#)(1) [bound](#)(3) [branch-and-bound](#)(1) [cactus-graph](#)(1) [characterization](#)(4) [clustering](#)(2) [coalescent](#)(6) [consensus](#)(8) [consistency](#)(2) [construction](#)(2) [cophylogeny](#)(1) [distance-between-networks](#)(19) [diversity](#)(1) [duplication](#)(6) [enumeration](#)(4) [evaluation](#)(24) [explicit-network](#)(49) [exponential-algorithm](#)(2) [FPT](#)(9) [from-clusters](#)(3) [from-distances](#)(18) [from-multilabeled-tree](#)(2) [from-network](#)(7) [from-quartets](#)(5) [from-rooted-trees](#)(37) [from-sequences](#)(29) [from-species-tree](#)(12) [from-splits](#)(10) [from-trees](#)(7) [from-triplets](#)(12) [from-unrooted-trees](#)(7) [galled-network](#)(2) [galled-tree](#)(29) [generation](#)(6) [haplotype-network](#)(2) [haplotyping](#)(1) [heuristic](#)(5) [HMM](#)(2) [hybridization](#)(17) [inapproximability](#)(5) [labeling](#)(3) [lateral-gene-transfer](#)(25) [level-f-phylogenetic-network](#)(11) [likelihood](#)(8) [lineage-sorting](#)(1) [MASN](#)(4) [median-network](#)(14) [MedianJoining](#)(2) [minimum-number](#)(9) [minimum-spanning-network](#)(2) [mu-distance](#)(2) [NeighborNet](#)(9) [nested-network](#)(2) [netting](#)(3) [normal-network](#)(1) [NP-complete](#)(22) [optimal-realization](#)(2) [parsimony](#)(18) [perfect](#)(5) [phylogenetic-network](#)(172) [phylogeny](#)(173) [polynomial](#)(36) [Program-Arlequin](#)(5) [Program-Beagle](#)(3) [Program-Bio-PhyloNetwork](#)(4) [Program-CombineTrees](#)(2) [Program-Dendroscope](#)(5) [Program-EEEP](#)(2) [Program-GalledTree](#)(1) [Program-HapBound](#)(1) [Program-HorizStory](#)(2)

# L'implémentation dans Dendroscope

Who is Who in Phylogenetic Networks - Articles, Authors & Programs [RSS](#)

Index: **Browse**

[Contribute!](#) [My selection](#)

Search:  in **All**  (word length  $\geq$  3)

[Login](#)

Publications related to '**Program Dendroscope**': *Dendroscope* is an interactive viewer for large phylogenetic trees and networks. Available at [www.dendroscope.org](http://www.dendroscope.org).

Order by: [Type](#)  
[Year](#)



Only  And  Or related to:

2008



1



[Regula Rupp](#) and [Daniel H. Huson](#). Summarizing Multiple Gene Trees Using Cluster Networks. In *WABI08*, Vol. 5251:296–305 of *LNCS*, springer, 2008. [\[Comment\]](#) [BIBTeX](#)

**Keywords:** abstract network, from clusters, from rooted trees, phylogenetic network, phylogeny, polynomial, Program Dendroscope.

**Note:** [http://dx.doi.org/10.1007/978-3-540-87361-7\\_25](http://dx.doi.org/10.1007/978-3-540-87361-7_25), slides from the MIEP Conference available at [http://www.lirmm.fr/MIEP08/slides/11\\_13\\_rupp.pdf](http://www.lirmm.fr/MIEP08/slides/11_13_rupp.pdf). [\[Annote\]](#)

2



[Daniel H. Huson](#). Drawing Rooted Phylogenetic Networks. In *TCBB*, 2008. [\[Comment\]](#)

[BIBTeX](#)

**Keywords:** phylogenetic network, phylogeny, Program Dendroscope, Program SplitsTree, visualization. **Note:** To appear.

[\[Annote\]](#)

3



# L'implémentation dans Dendroscope



You are here: [Home](#) → [Software](#) → [Dendroscope](#)

## Home

- People
- Research
- Publications
- Software
  - CGViz
  - Copycat
  - Crosslink
  - Dendroscope**
  - MEGAN
  - Metasim
  - microHARVESTER
  - NRPSpredictor
  - OSLay
  - PAT
  - ReadSim

## Dendroscope

### [Download](#)



# Dendroscope

by Daniel H. Huson

with contributions from Tobias Dezulian,  
Markus Franz, Christian Rausch,  
Daniel C. Richter and Regula Rupp

[www-ab.informatik.uni-tuebingen.de/software/dendroscope](http://www-ab.informatik.uni-tuebingen.de/software/dendroscope)

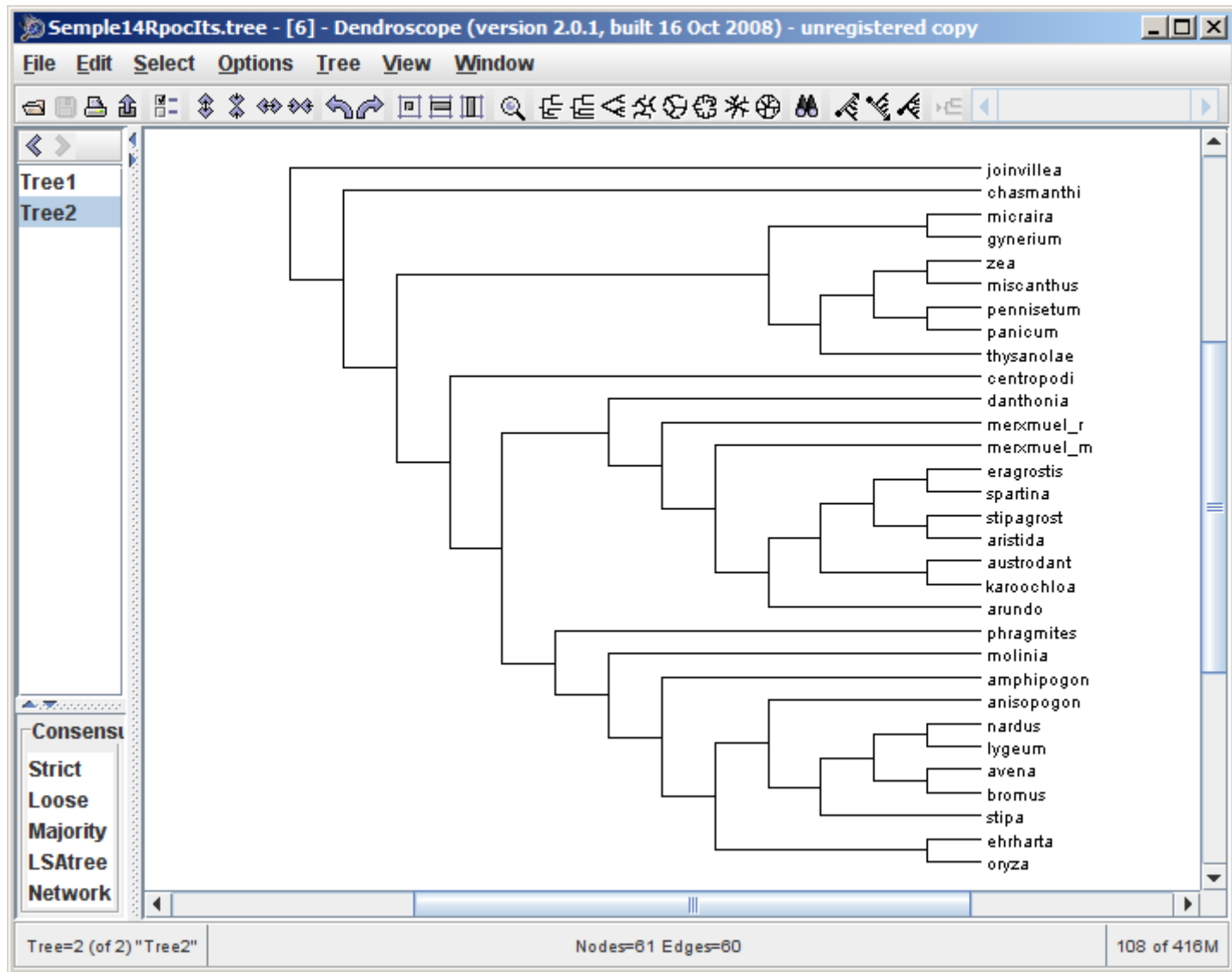
### **Dendroscope 2 - An interactive viewer for large phylogenetic trees and networks**

Researchers studying phylogenetic relationships need software that is able to visualize rooted phylogenetic trees efficiently, increasingly of large datasets involving hundreds of thousands of taxa. The program should be user friendly (all popular operating systems), facilitate interactive browsing and editing the trees and allow one to export the re formats in publication quality.

We have developed the platform independent tree and rooted network viewer *Dendroscope* that addresses these

### **Feature List:**

# L'implémentation dans Dendroscope



# L'implémentation dans Dendroscope

The screenshot displays the Dendroscope software interface. The main window shows a phylogenetic tree with 61 nodes and 60 edges. The tree is rooted and shows a complex branching structure. The species names listed on the right side of the tree are: joinvillea, chasmanthi, micraira, gynेरium, zea, miscanthus, pennisetum, panicum, thysanolaе, centropodi, danthonia, mexmuel\_r, mexmuel\_m, eragrostis, spartina, stipagrost, aristida, austrodant, karoochloa, arundo, phragmites, molinia, amphipogon, anisopogon, nardus, lygeum, avena, bromus, stipa, ehrharta, and oryza.

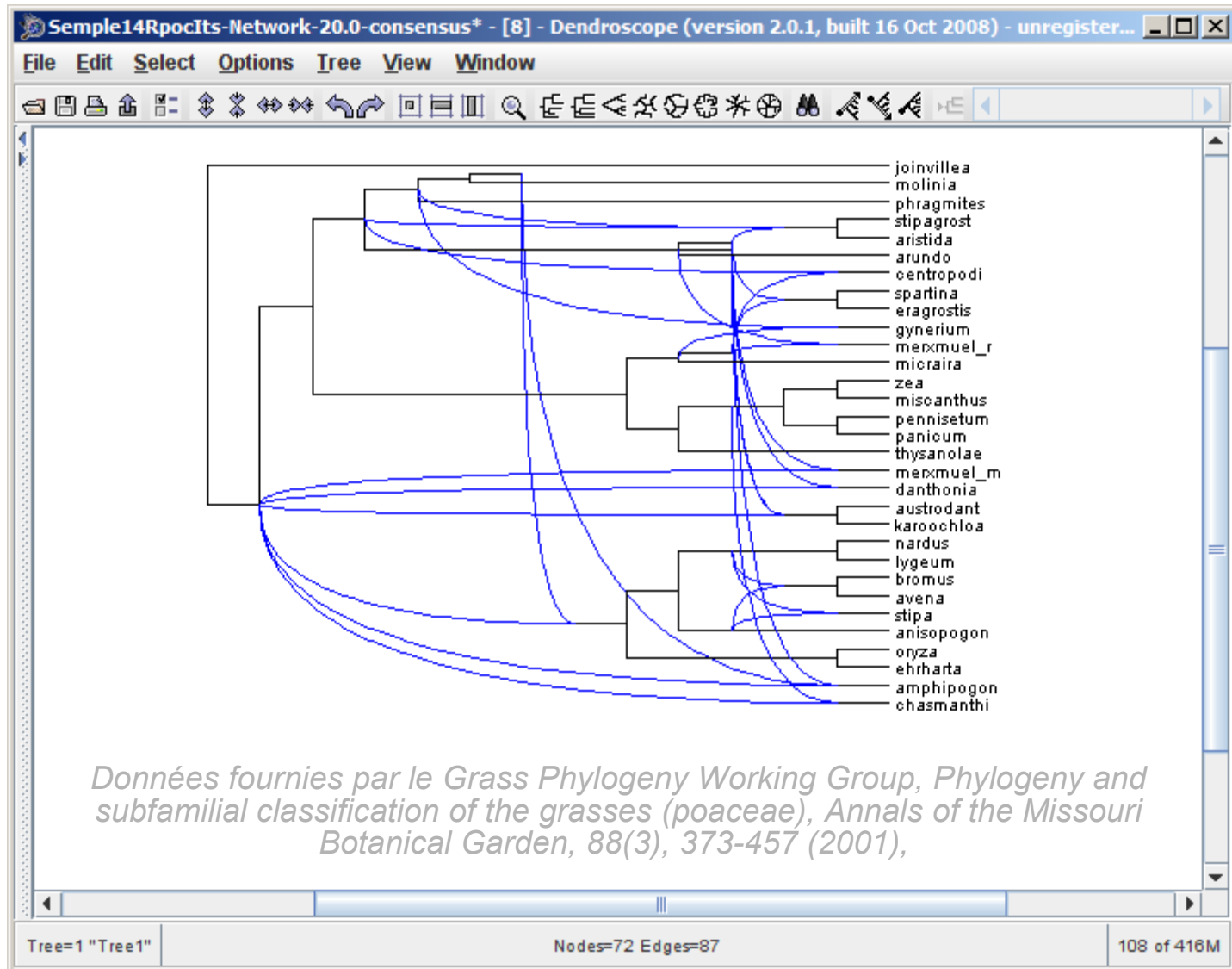
An "Input" dialog box is overlaid on the tree, prompting the user to "Enter percent threshold for network consensus construction". The input field contains the value "20". The dialog box has "OK" and "Cancel" buttons.

The software window title is "Semple14RpoIts.tree - [6] - Dendroscope (version 2.0.1, built 16 Oct 2008) - unregistered copy". The menu bar includes "File", "Edit", "Select", "Options", "Tree", "View", and "Window". The status bar at the bottom indicates "Tree=2 (of 2) 'Tree2'", "Nodes=61 Edges=60", and "108 of 416M".

# L'implémentation dans Dendroscope

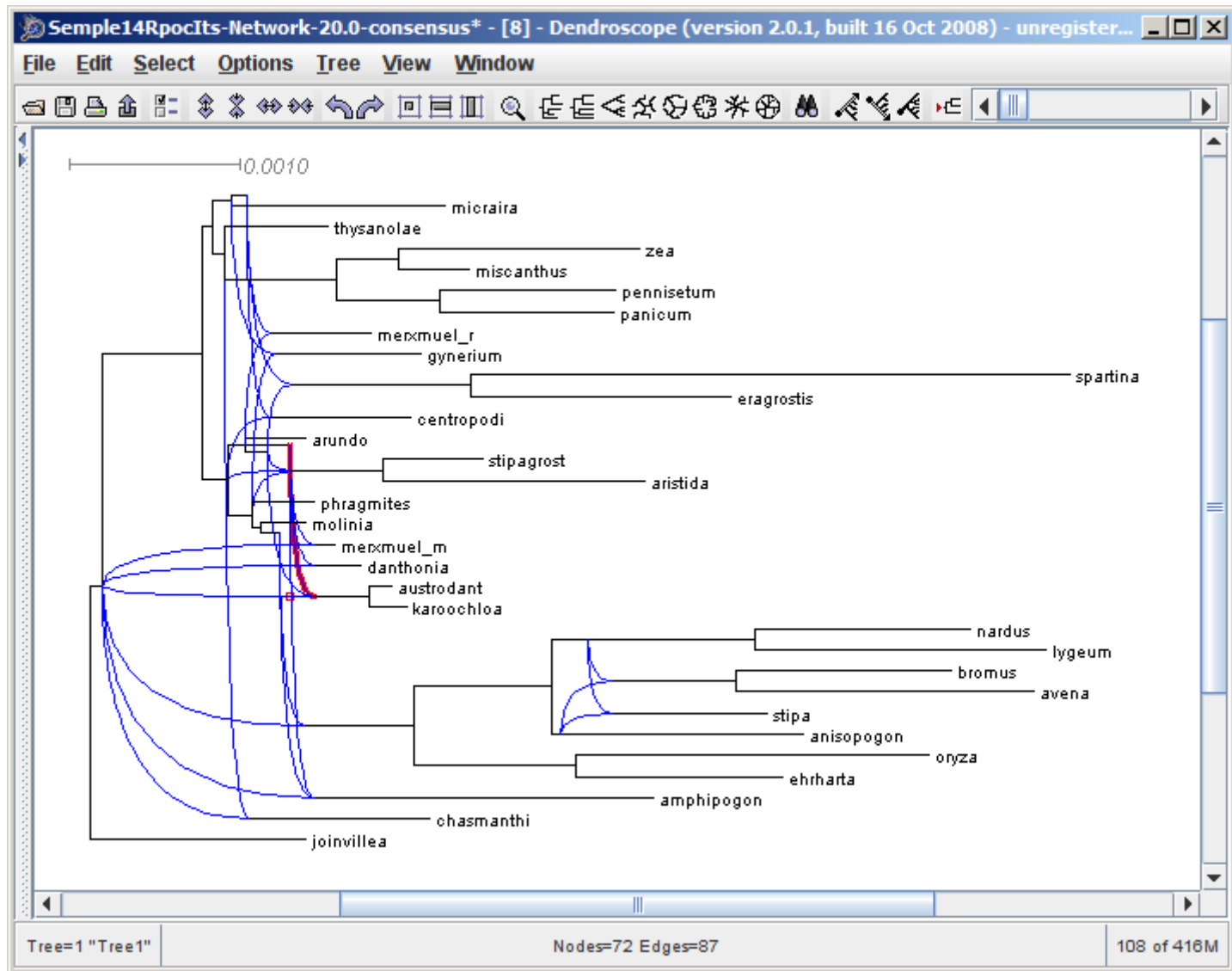
The screenshot displays the Dendroscope software interface. The main window title is "Semple14RpoIts.tree - [6] - Dendroscope (version 2.0.1, built 16 Oct 2008) - unregistered copy". The menu bar includes "File", "Edit", "Select", "Options", "Tree", "View", and "Window". A toolbar with various icons is located below the menu bar. On the left, a sidebar shows "Tree1" and "Tree2" selected. Below this, a "Consensu" section lists options: "Strict", "Loose", "Majority", "LSA tree", and "Network". The main area shows a phylogenetic tree with 61 nodes and 60 edges. A dialog box titled "Choose network type - Dendroscope" is overlaid on the tree, containing a magnifying glass icon and the text "Choose network type". Two buttons, "Cluster Network" and "Galled Network", are visible in the dialog. The tree labels on the right include: joinvillea, chasmanthi, micraira, gynarium, zea, miscanthus, pennisetum, panicum, thysanola, centropodi, danthonia, mexmuel\_r, mexmuel\_m, eragrostis, spartina, stipagrost, aristida, austrodant, karoochloa, arundo, phragmites, molinia, amphipogon, anisopogon, nardus, lygeum, avena, bromus, stipa, ehrharta, and oryza. The status bar at the bottom indicates "Tree=2 (of 2) 'Tree2'", "Nodes=61 Edges=60", and "108 of 416M".

# L'implémentation dans Dendroscope



Données utilisées également par Bordewich, Linz, St John et Semple dans *A reduction algorithm for computing the hybridization number of two trees*, *Evolutionary Bioinformatics*, 3, 86-98, 2007.

# L'implémentation dans Dendroscope

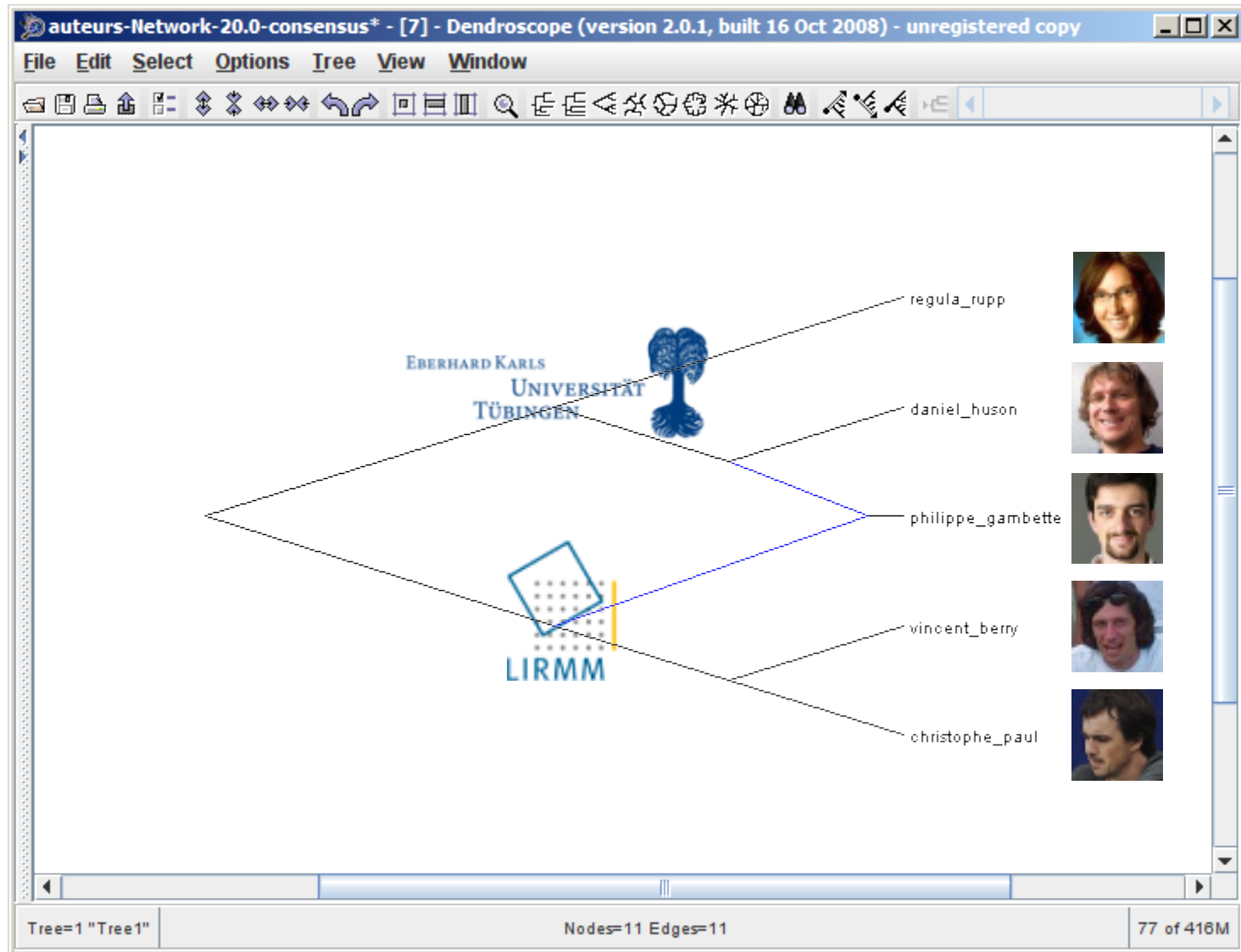




# Merci pour votre attention !

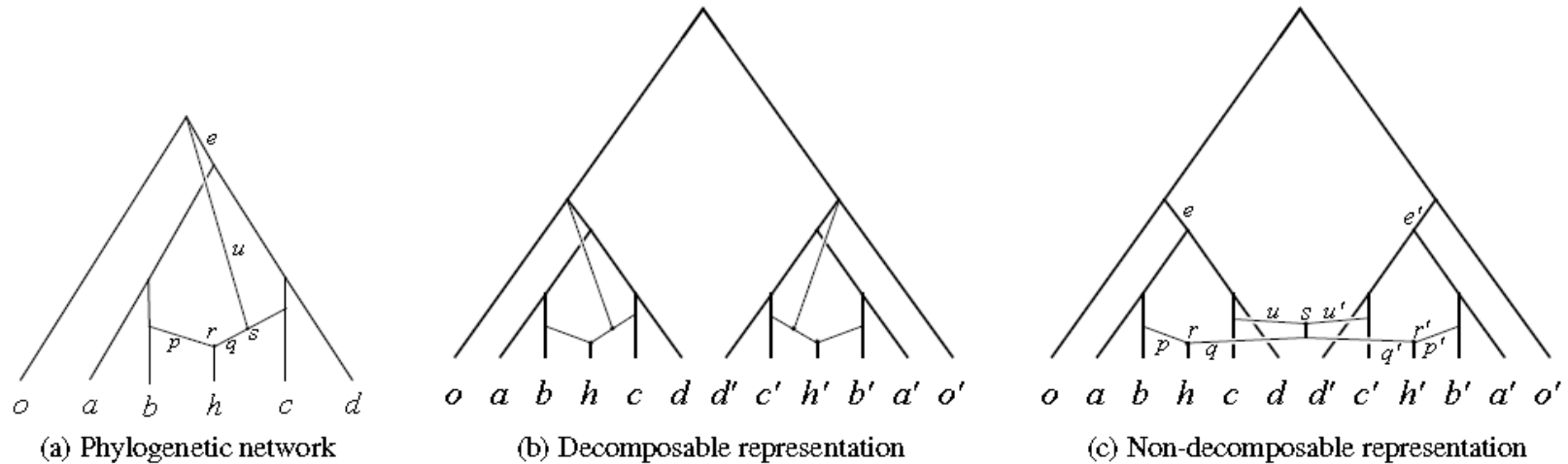
---

# Merci pour votre attention !

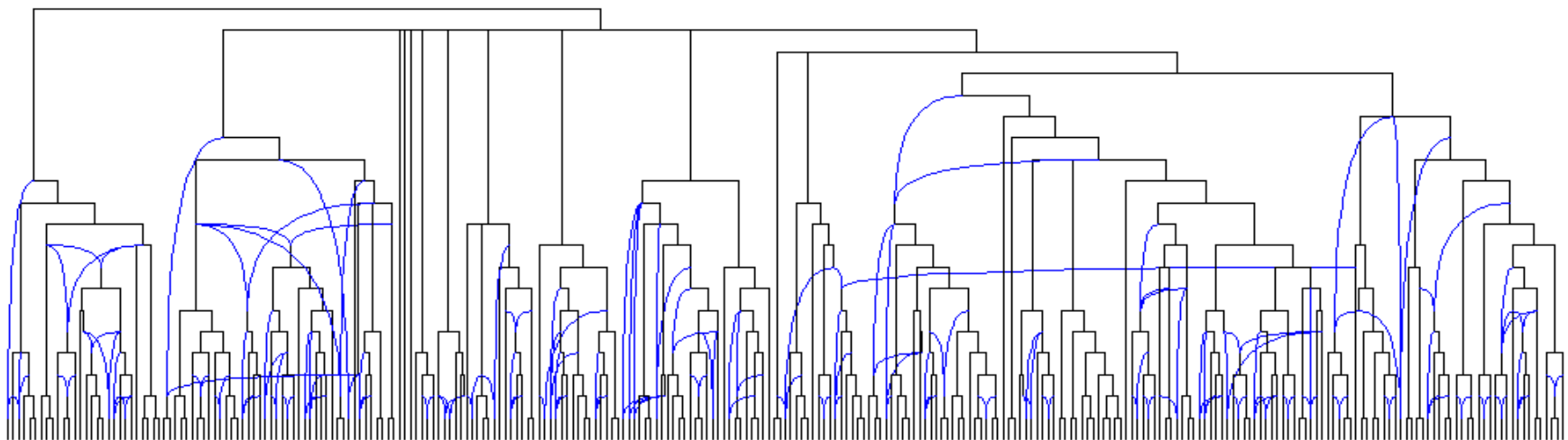


*Réseau phylogénétique à structure arborée des clusters de co-publication*

# Annexe : figures (éventuellement) utiles



**Fig. 2.** (a) A minimum rooted network  $N$  that represents the clusters  $C = \{ \{a\}, \{b\}, \{c\}, \{d\}, \{o\}, \{h\}, \{a, b\}, \{a, b, h\}, \{c, d\}, \{c, d, h\}, \{a, b, c, d, h\}, \{a, b, c, d\} \}$  using two reticulate nodes  $r$  and  $s$ . Note the role of the edge labeled  $u$  is to switch off the taxon  $h$  so that the cluster  $\{a, b, c, d\}$  can be represented by edge  $e$ . (b) Two copies of  $N$  embedded into a decomposable network requiring 4 reticulations to represent all clusters in  $C$  and a second set  $C'$  of corresponding ones on  $\{a', a', b', c', d', h'\}$ . (c) This network also represents all described clusters, but uses only 3 reticulations. However, we clearly see that this improvement is gained at an undesirable price: decomposability is abandoned and two completely unrelated parts of the phylogeny are linked together via reticulation edges.



Données de : Auch, Steigele, Huson, Henz – Horizontal gene transfer in a common set of prokariotic genes, in preparation.

# Annexe : tableau (éventuellement) utile

First tree	Second tree	Common taxa	Hybrid nodes	time	Reticulate nodes	time
ndhF	phyB	40	14	11h	9	< 2s
ndhF	rbcL	36	13	11.8h	8	< 2s
ndhF	rpoC2	34	12	26.3h	10	< 2s
ndhF	waxy	19	9	320s	6	< 2s
ndhF	ITS	46	> 15	2d	23	< 2s
phyB	rbcL	21	4	1s	6	< 2s
phyB	rpoC2	21	7	180s	4	< 2s
phyB	waxy	14	3	1s	3	< 2s
phyB	ITS	30	8	19s	9	< 2s
rbcL	rpoC2	26	13	29.5h	9	< 2s
rbcL	waxy	12	7	230s	4	< 2s
rbcL	ITS	29	> 9	2d	15	< 2s
rpoC2	waxy	10	1	1s	2	< 2s
rpoC2	ITS	31	> 10	2d	14	< 2s
waxy	ITS	15	8	620s	5	< 2s

**Table 1.** For all possible pairs of five trees on grasses [33], we report the number of taxa shared by both trees, the number of hybridization nodes and run-time reported in [11], and the number of reticulate nodes and run-time obtained using the algorithm described in this paper.