ПОБУДОВА ФІЛОГЕНЕТИЧНОГО ДЕРЕВА

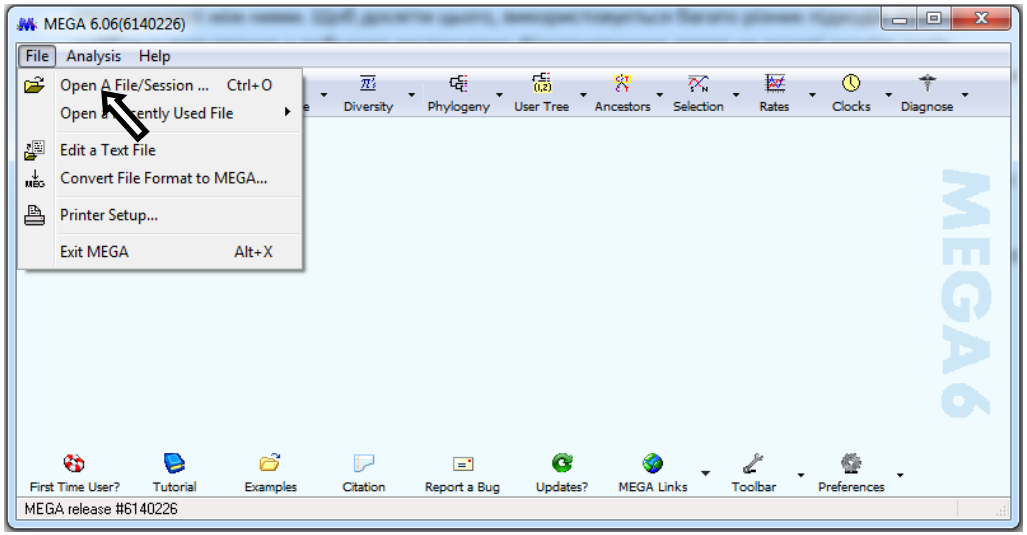
Людина протягом свого існування постійно прагнула створювати системи класифікації для всього, що її оточувало. Такий підхід не оминув і живі організми. З часом принципи таких систем змінювалися, одні уявлення трансформувалися в інші. Метою побудови сучасних філогенетичних систем є визначення найбільш вірогідного розвитку сценарію еволюції різних таксонів та встановлення ступеня спорідненості між ними. Щоб досягти цього, використовується багато різних підходів. Одним з найпоширеніших є побудова молекулярно-філогенетичних дерев на основі аналізу генів, некодуючих ділянок ДНК, білкових послідовностей або навіть цілих геномів. Для цього з дослідних організмів спочатку виділяють ДНК, потім ампліфікують (отримують багато копій) потрібні фрагменти, секвенують (встановлюють нуклеотидну послідовність) та аналізують отримані дані.

Для побудови філогенетичних дерев, переважно, враховуються лише заміни в послідовності. Наразі для різних задач розроблено кілька математичних алгоритмів розрахунку на базі різноманітного програмного забезпечення.

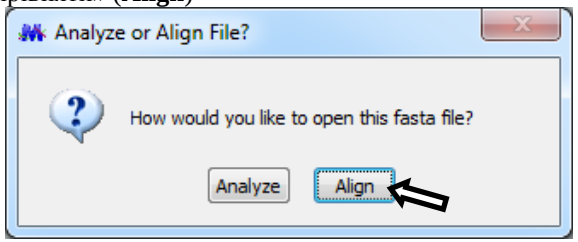
Мета роботи: побудувати молекулярно-філогенетичне дерево на основі наданих послідовностей ДНК рослин та програмного забезпечення.

Хід роботи:

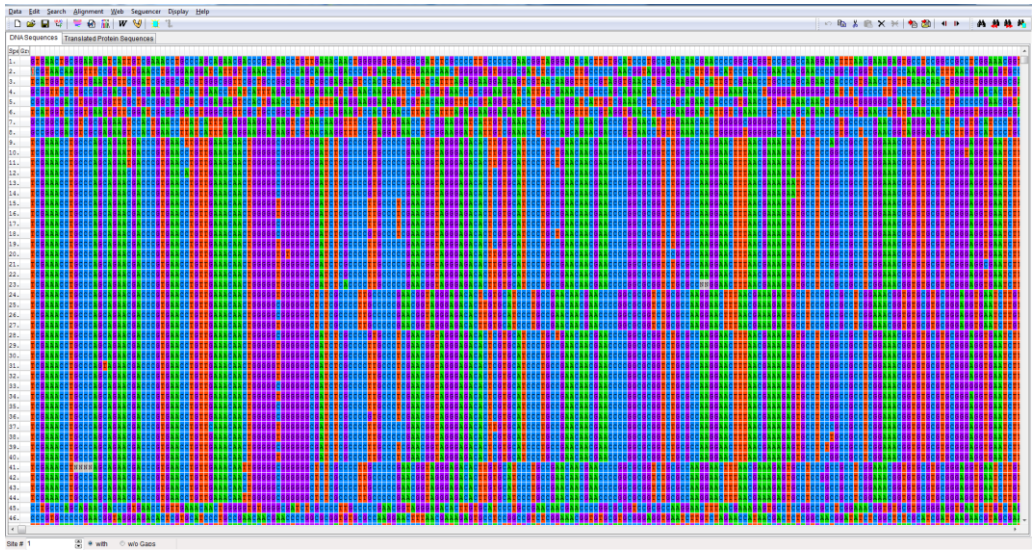
1. Відкрийте файл sequences.fas з набором послідовностей в програмі MEGA.



2. Оберіть пункт «вирівняти» (**Align**)



В результаті цих маніпуляцій відкриється вікно подібного вигляду:

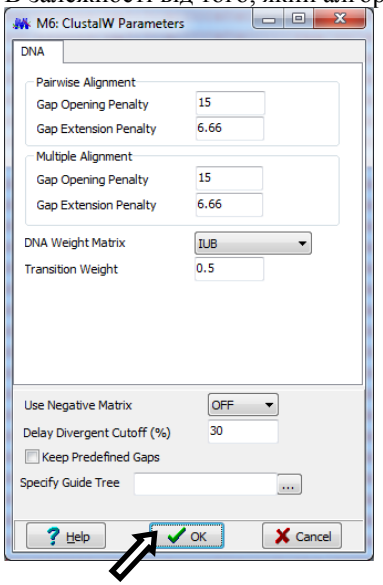


3. Послідовності необхідно вирівняти, використовуючи будь-який з 2-х наявних алгоритмів – ClustalW або MUSCLE, вибрати опцію “align DNA”, інші опції – за замовчуванням. Цей етап необхідний для коректного створення матриці замін та її подальшого аналізу. Без нього побудувати філогенетичне дерево неможливо.

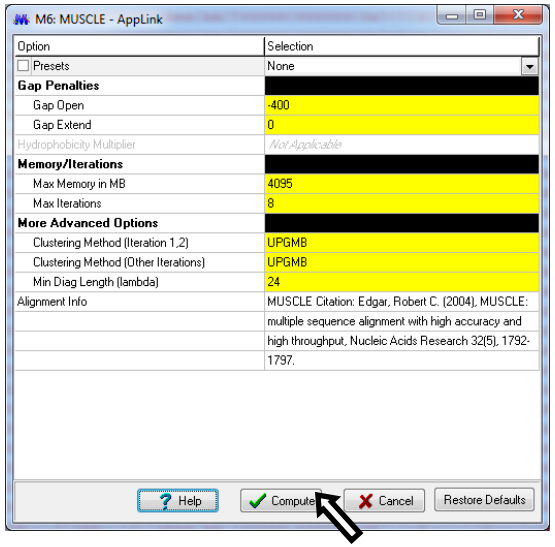
Або

БАЖАЄМО УСПІХУ!

В залежності від того, який алгоритм ви обрали, відкриється відповідне вікно:

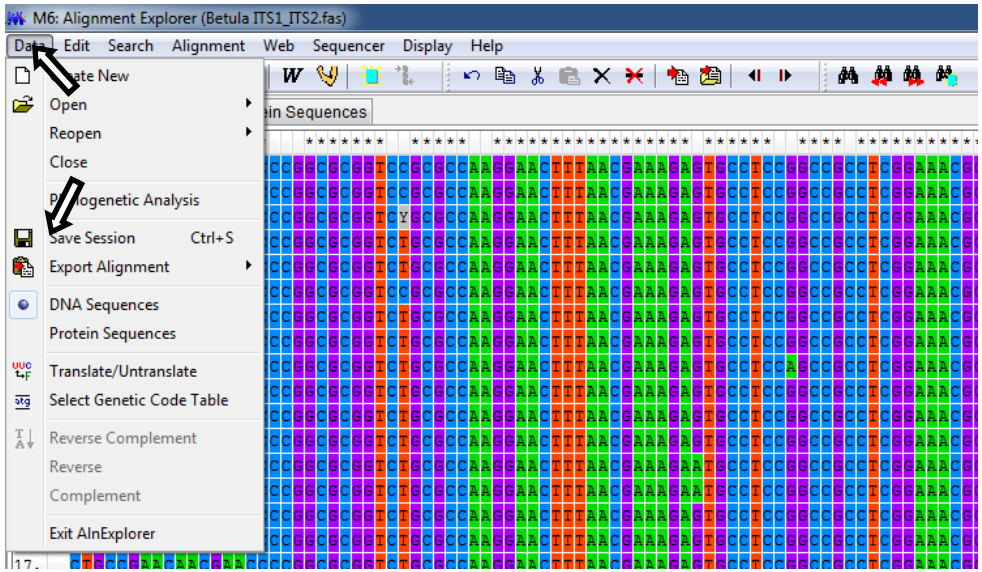


або

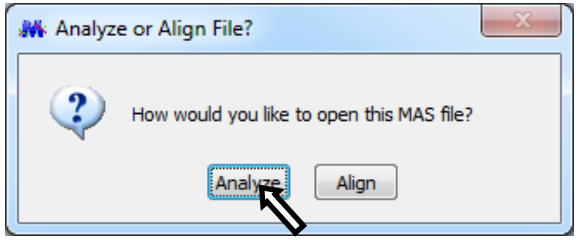


4. Натисніть відповідно «ОК» або «Compute». Після вирівнювання картина буде виглядати набагато більш впорядкованою:

5. Збережіть вирівнювання як «**alignment.mas**» (***Data -> Save session***)

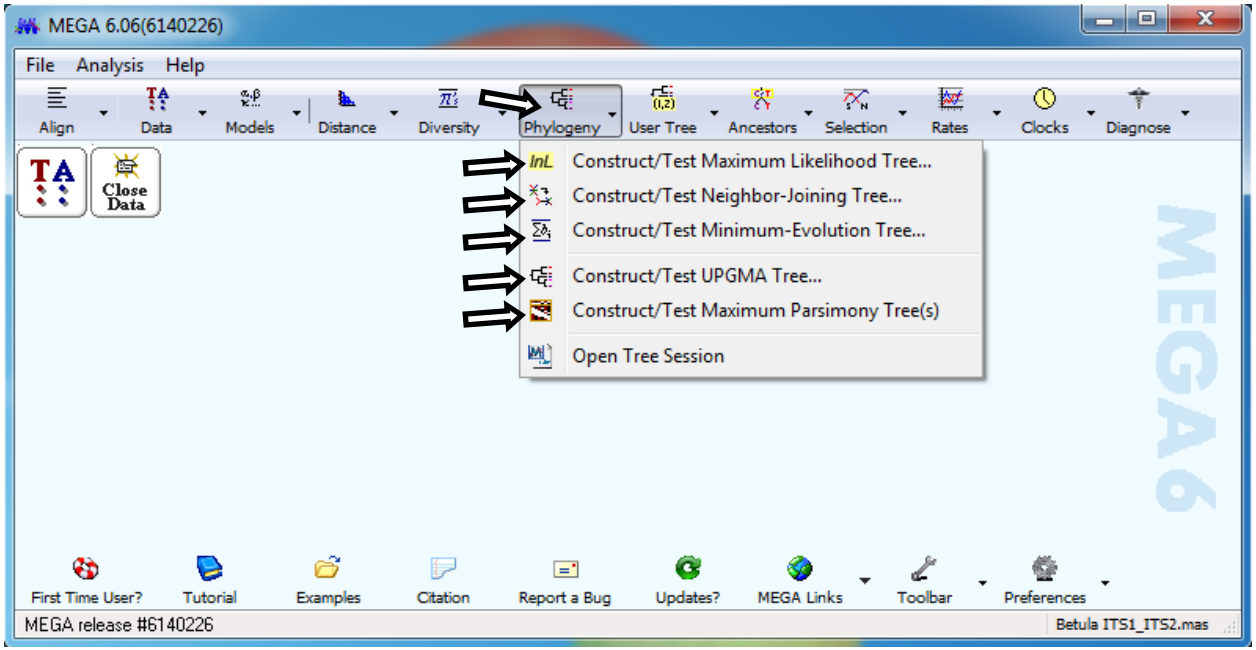


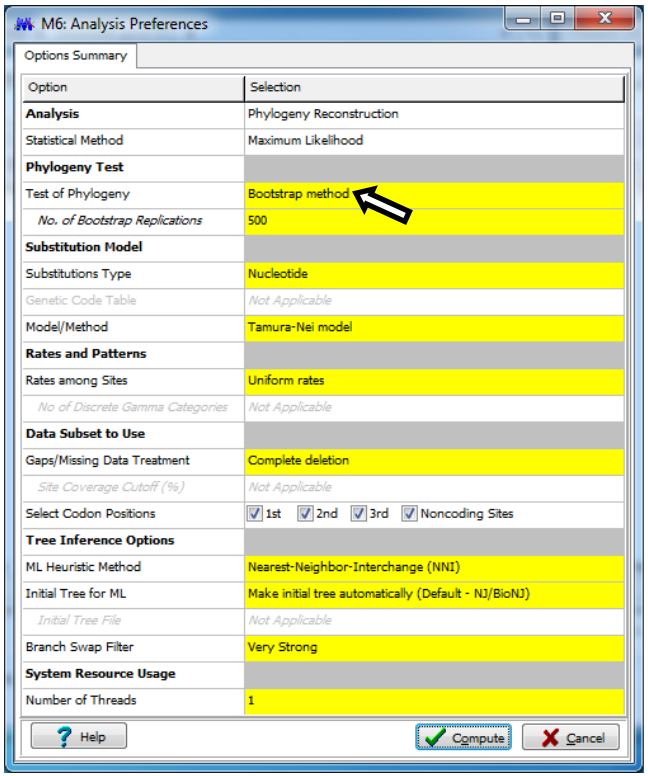
6. Закрийте вікно і відкрийте новостворений файл в програмі MEGA та оберіть «проаналізувати»:



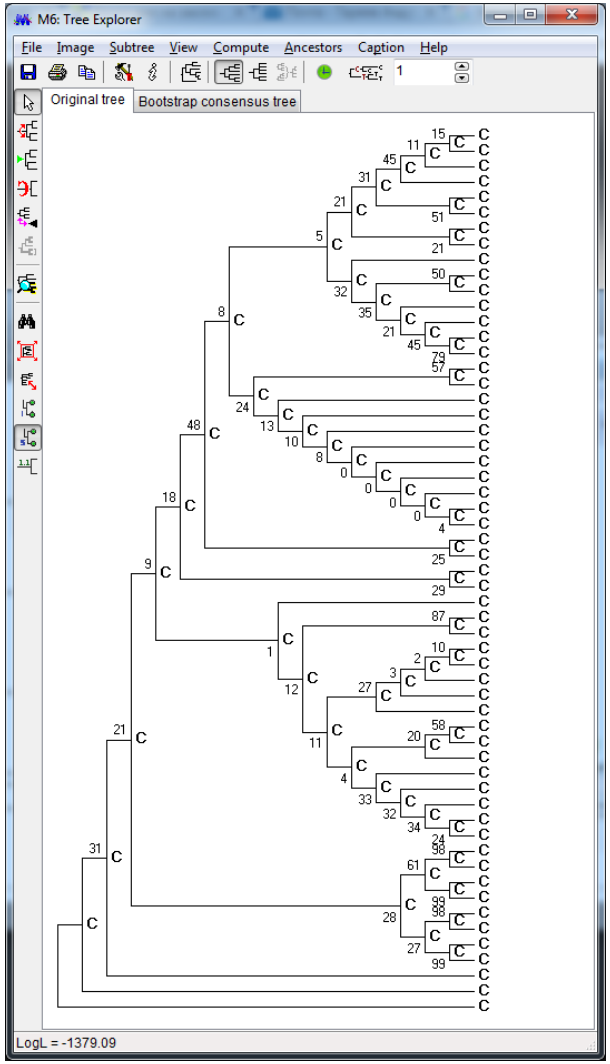
7. Після того оберіть вкладку Phylogeny та послідовно спробуйте побудувати дерева всіма запропонованими методами *(максимальної правдоподібності* - ***Maximum Likelihood***, *найближчого сусідства* - ***Neighbor-Join***, *мінімальної еволюції* - ***Minimum Evolution***, *попарного незваженого кластерування* - ***UPGMA***, *максимальної парсимонії (економії)* - ***Maximum Parsimony***), обравши тестування за методом підтримки «Bootstrap» у пункті «Test of Phylogeny» (для вибору натискайте одразу на жовте поле).

БАЖАЄМО УСПІХУ!





8. Покажіть **кожне з отриманих дерев** членам журі.



9. Дайте відповідь на запитання, наведену у бланку для відповіді.

БАЖАЄМО УСПІХУ!

ПОБУДОВА ФІЛОГЕНЕТИЧНОГО ДЕРЕВА

(бланк для відповіді)

Оцінювання побудованих дерев

Метод побудови:	Позначка члена журі:
максимальної правдоподібності - ***Maximum Likelihood***	
найближчого сусідства - ***Neighbor-Join***	
мінімальної еволюції - ***Minimum Evolution***	
попарного незваженого кластерування - ***UPGMA***	
максимальної парсимонії (економії) - ***Maximum Parsimony***	

З перелічених нижче тез, що стосуються методу побудови філогенетичних дерев, оберіть його переваги та недоліки. Результати занотуйте до наступної таблиці.

Тези:

а) філогенетичні дерева можуть бути описані за допомогою математичних засобів та моделей;

б) філогенетичні дерева не враховують індели, тому не є повністю репрезентативними;

в) філогенетичні дерева - наочна форма, яка дозволяє показати можливе розділення таксонів, інколи навіть у часі;

г) дендрит, побудований на основі одного маркеру, відображає еволюцію маркера, а не організму;

д) кількість замін у послідовності не впливає на топологію побудованого філогенетичного дерева;

е) філогенетичні дерева можуть бути протестовані на стійкість статистично.

Позначте вірні відповіді, закресливши відповідні літери:

Перевагами методу є:	а	б	в	г	д	е
Недоліками методу є:	а	б	в	г	д	е

ПОБУДОВА ФІЛОГЕНЕТИЧНОГО ДЕРЕВА

(бланк для відповіді)

Оцінювання побудованих дерев

Метод побудови:	Позначка члена журі:
максимальної правдоподібності - ***Maximum Likelihood***	
найближчого сусідства - ***Neighbor-Join***	
мінімальної еволюції - ***Minimum Evolution***	
попарного незваженого кластерування - ***UPGMA***	
максимальної парсимонії (економії) - ***Maximum Parsimony***	

З перелічених нижче тез, що стосуються методу побудови філогенетичних дерев, оберіть його переваги та недоліки. Результати занотуйте до наступної таблиці.

Тези:

а) філогенетичні дерева можуть бути описані за допомогою математичних засобів та моделей;

б) філогенетичні дерева не враховують індели, тому не є повністю репрезентативними;

в) філогенетичні дерева - наочна форма, яка дозволяє показати можливе розділення таксонів, інколи навіть у часі;

г) дендрит, побудований на основі одного маркеру, відображає еволюцію маркера, а не організму;

д) кількість замін у послідовності не впливає на топологію побудованого філогенетичного дерева;

е) філогенетичні дерева можуть бути протестовані на стійкість статистично.

Позначте вірні відповіді, закресливши відповідні літери:

Перевагами методу є:	а	б	в	г	д	е
Недоліками методу є:	а	б	в	г	д	е