

Mega programı, Filogenetik ağac tapşırıqlar. 19.05.2025

Tapşırıq 1: FASTA formatında verilmiş DNT ardıcılıqlarını MEGA11 proqramına daxil edin və Multiple Sequence Alignment (ClustalW ya da MUSCLE) tətbiq edin.

Tapşırıqın məqsədi: Ardıcılıqların uyğunluğunu təyin etmək.

Tapşırıq 2: Protein ardıcılıqları üçün Multiple Sequence Alignment aparın və konservativ bölgələri müəyyən edin.

Tapşırıqın məqsədi: Funksional cəhətdən mühüm olan bölgələri təhlil etmək.

Tapşırıq 3: Codon-based alignment yaradın və synonymous (dS) və nonsynonymous (dN) dəyişikliklərin nisbətini (dN/dS) hesablayın.

Tapşırıqın məqsədi: Seleksiya təzyiqlərini qiymətləndirmək.

Tapşırıq 4: İki fərqli gen ardıcılığı arasında p-distance və Kimura-2-parameter məsafəsini müqayisə edin.

Tapşırıqın məqsədi: DNT ardıcılıqları arasındakı təkamül məsafəsini təhlil etmək.

Tapşırıq 5: Aligned ardıcılıqlardan istifadə edərək Neighbor-Joining metoduna əsaslanan filogenetik ağac qurun.

Tapşırıqın məqsədi: Nümunələrin təkamül əlaqələrini göstərmək.

Tapşırıq 6: Maximum Likelihood metodu ilə filogenetik ağac yaradın və Bootstrap təhlili (100 dəfə) tətbiq edin.

Tapşırıqın məqsədi: Ağacın etibarlılığını qiymətləndirmək.

Tapşırıq 7: Filogenetik ağacda taxonomik sinifləri rənglə kodlaşdırın.

Tapşırıqın məqsədi: Vizual analiz bacarığını inkişaf etdirmək.

Tapşırıq 8: Mitochondrial DNT ardıcılıqlarından filogenetik ağac quraraq populyasiya fərqlərini təhlil edin.

Tapşırıqın məqsədi: Populyasiya genetikasına giriş.

Tapşırıq 9: Sequence Data Explorer istifadə edərək ardıcılıqlardakı baz tərkibini (A/T/G/C faizləri) təhlil edin.

Tapşırıqın məqsədi: Genetik tərkibi anlamaq.

Tapşırıq 10: MEGA11 vasitəsilə ardıcılıqlar arasındakı genetik müxtəlifliyi (π və haplotype diversity) hesablayın.

Tapşırıqın məqsədi: Genetik variasiyanın statistik qiymətləndirilməsi.

Tapşırıq 11: NCBI-dən 5 fərqli heyvan növünə aid COI geninin FASTA formatında ardıcılığını yükləyin.

1. MEGA11 proqramında **MUSCLE ilə Multiple Sequence Alignment** aparın.
2. Alignment faylını .meg formatında yadda saxlayın.
3. Baz tərkibi analizini apar (A/T/G/C faizləri) və cədvəl halında hazırlayın.

Tapşırıq 12: Tələbə 11-in hazırladığı hizalanmış faylı MEGA11-də açın.

1. **Neighbor-Joining metodu ilə filogenetik ağac qurun.**
2. 100 bootstrap təkrarı ilə ağacın etibarlılığını yoxlayın.
3. Ağacı rənglə kodlaşdıraraq PDF və ya şəkil formatında saxlayın.