

Filogenetik ağacın qurulması. MEGA: Molekulyar Təkamül

Genetika Analizi

MEGA11 ilə Filogenetik Ağac Yaratma

Molekulyar Təkamül Genetik Analizi (MEGA), molekulyar təkamülün statistik təhlilini aparmaq və filogenetik ağaclar qurmaq üçün istifadə olunan bir kompüter proqramıdır. Filogenomika və filotibbi tədqiqatlar üçün bir çox inkişaf etmiş üsul və alətləri özündə birləşdirir. Bu proqram lisenziyalı, amma pulsuz olaraq təqdim olunur.

MEGA11 proqramından istifadə edərək filogenetik ağacınızı qura bilərsiniz.

Filogenetik ağac (təkamül ağacı), bioloji ardıcılıqların təkamül tarixinin qrafik təsviridir və onlar arasındakı təkamül əlaqələrini vizuallaşdırmağa imkan verir.

Təkamül Yer üzündə həyatın müxtəlifliyini izah edir və təkamül əlaqələrini anlamaq, müxtəlif orqanizmlər arasındakı mənşə və əlaqələri başa düşməyimizə kömək edir. Molekulyar filogeniya, DNT və ya zülal ardıcılıqları kimi molekulyar məlumatlardan istifadə edərək filogenetik ağaclar qurmaqla təkamül tarixini və əlaqələri anlamağımıza kömək edən bioinformatikanın mühüm bir sahəsidir.

Filogenetik ağac üçün homoloq DNA dizilərinin tapılması

Homoloq (oxşar) DNA dizilərinin əldə edilməsi:

Filogenetik ağac qurmaq üçün, sorğu dizinizlə müqayisə edəcəyiniz homolog, yeni genetik cəhətdən oxşar olan digər diziləri əldə etməlisiniz. Bunu etmək üçün NCBI BLAST vasitəsilə GenBank-da bənzər diziləri tapmalısınız.

NCBI BLAST istifadə qaydası:

1.NCBI BLAST veb saytına daxil olun:

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

2.Nükleotid dizilərin müqayisəsi üçün "Nucleotide BLAST" (blastn) seçin:

- BLAST səhifəsində "Nucleotide BLAST" və ya "blastn" variantını tapıb seçin.
- Bu, sorğu nükleotid dizinizin GenBank-da olan digər nükleotid dizilərlə müqayisəsini təmin edir.

3.Sorğu dizinizi daxil edin:

- Sizin dizinizin FASTA formatında olan ardıcillığını BLAST-a yapışdırın.
- Parametrləri lazım olduqda tənzimləyin (məsələn, hansı verilənlər bazasında axtarış edəcəyinizi seçin).

4.Axtarışı başladın və nəticələri gözləyin:

Basic Local Alignment Search Tool

BLAST finds regions of similarity between biological sequences. The program compares nucleotide or protein sequences to sequence databases and calculates the statistical significance. [Learn more](#)

NEWS

BLAST+ 2.13.0 is here!

Starting with this release, we are including the blastn_vdb and tblastn_vdb executables in the BLAST+ distribution.

Thu, 17 Mar 2022 12:00:00 EST

[More BLAST news...](#)

Web BLAST



blastx
translated nucleotide > protein

tblastn
protein > translated nucleotide



BLAST Genomes

[Human](#)[Mouse](#)[Rat](#)[Microbes](#)

Sorğu sətirinizi "Qoşulma nömrələrini, GI(lərini) və ya FASTA sətirlərini daxil edin" altındakı mətn qutusuna daxil edin.

blastn

blastp

blastx

tblastn

tblastx

BLASTN programs search nucleotide databases using a nuc

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) ? Clear

```
GCAGATGCCGAAGACCGGAATTCGGTTCCAGCACTTCCTGATGGCCT
TGATTGCGTAGTCGCAAGGCTCCGGGTCACCAGGGCCGTTGGACAGGA
ACACGCCGTCCGGCTTCAGAGCCAGCACGTCCGGCAGCCGGGGTTTGGC
CCGGAACCAACGGTCACCCGGCAACCGCGCTCGACCAGCATGCCGAGG
```

Query subrange ?

From

To

Or, upload file

Browse... No file selected. ?

Job Title

carA

Enter a descriptive title for your BLAST search ?

☐ Align two or more sequences ?

Choose Search Set

Database

☒ Standard databases (nr etc.): ☐ rRNA/ITS databases ☐ Genomic + transcript databases ☐ Betacoronavirus

Nucleotide collection (nr/nt) ?

Organism

Optional

 ☐ exclude [Add organism](#)

Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown ?

Exclude

Optional

☐ Models (XM/XP) ☐ Uncultured/environmental sample sequences

Limit to

Optional

☐ Sequences from type material

Entrez Query

Optional

 [YouTube](#) [Create custom database](#)

Enter an Entrez query to limit search ?

Program Selection

Optimize for

☐ Highly similar sequences (megablast)
☒ More dissimilar sequences (discontiguous megablast)
☐ Somewhat similar sequences (blastn)

Choose a BLAST algorithm ?

BLAST

Search database Nucleotide collection (nr/nt) using Discontiguous megablast (Optimize for more dissimilar sequences)

☒ Show results in a new window

Note: Parameter values that differ from the default are highlighted in yellow and

Verilənlər bazanızı seçin

Çoxlu genlər üçün **Standart verilənlər bazası – Nükleotid kolleksiyası** ən uyğundur.

Ancaq **16S rRNA/ITS diziləri** üçün isə **rRNA/ITS verilənlər bazası** və ya **Standart verilənlər bazası – Referans RNA dizilərini** seçə bilərsiniz.

Bu verilənlər bazaları müəyyən bir növün 16S rRNA və ya ITS gen(ler)i üçün nümunəvi diziləri ehtiva edir.

rch Set

☐ Standard databases (nr etc.): ☒ rRNA/ITS databases ☐ Genomic + transcript databases ☐ Betacoronavirus

16S ribosomal RNA sequences (Bacteria and Archaea) ▼ Targeted Loci Project Information

16S ribosomal RNA sequences (Bacteria and Archaea)

18S ribosomal RNA sequences (SSU) from Fungi type and reference material

28S ribosomal RNA sequences (LSU) from Fungi type and reference material

Internal transcribed spacer region (ITS) from Fungi type and reference material

☐ Sequences from type material

☒ Standard databases (nr etc.): ☐ rRNA/ITS databases ☐ Genomic + tra

Nucleotide collection (nr/nt) ▼

Nucleotide collection (nr/nt)

RefSeq Select RNA sequences (refseq_select)

* Reference RNA sequences (refseq_rna)

RefSeq Representative genomes (refseq_representative_genomes)

RefSeq Genome Database (refseq_genomes)

Whole-genome shotgun contigs (wgs)

Expressed sequence tags (est)

Sequence Read Archive (SRA)

Transcriptome Shotgun Assembly (TSA)

Targeted Loci(TLS)

High throughput genomic sequences (HTGS)

Patent sequences(pat)

PDB nucleotide database (pdb)

Human RefSeqGene sequences(RefSeq_Gene)

Genomic survey sequences (gss)

Sequence tagged sites (dbsts)

Note: Parameter values tha

BLAST proqramınızı seçin

“Çox yüksək oxşar dizilər” sizin sorgu dizinizə ən yaxın əlaqəli diziləri verəcəkdir (bir növü sürətlə tanımaq üçün yaxşıdır, adətən yalnız %95-dən yuxarı oxşarlığa malik çoxlu uyğunluqlar olur, buna görə cins səviyyəsində identifikasiya üçün faydalıdır).

“Daha fərqli dizilər” isə sorgu dizinizə o qədər bənzəməyən diziləri verəcəkdir (daha az yüksək oxşarlığa malik uyğunluqlar olur, bu isə müxtəlif növləri və hədəf suşunuzun bu növlərlə necə əlaqəli olduğunu göstərən bir ağac qurmaq üçün yaxşıdır).

%95-dən yuxarı oxşarlığa malik çoxlu uyğunluq verən cinslər/növlər üçün istəyə bağlıdır (məsələn, *Pseudomonas*):

“Alqoritm Parametrləri”nə klikləyin və “Maksimum hədəf dizilər” sayını dəyişdirin.

Cinsinizin/növünüzün nə qədər yaxın əlaqəli uyğunluq tapacağına bağlı olaraq, bu sayı 100-dən 500-1000-ə dəyişdirə bilərsiniz.

— Algorithm parameters

General Parameters

Max target sequences

1000 ▼

Select the maximum number of aligned sequences to display ?

Short queries

☒ Automatically adjust parameters for short input sequences ?

Expect threshold

0.05 ?

Word size

11 ▼ ?

Max matches in a query range

0 ?

Scoring Parameters

Match/Mismatch Scores

2,-3 ▼ ?

Gap Costs

Existence: 5 Extension: 2 ▼ ?

Filters and Masking

Filter

☒ Low complexity regions ?

☐ Species-specific repeats for: Homo sapiens (Human) ▼ ?

Mask

☒ Mask for lookup table only ?

☐ Mask lower case letters ?

Discontiguous Word Options

Template length

18 ▼ ?

Template type

Coding ▼ ?

BLAST

Search database Nucleotide collection (nr/nt) using Discontiguous megablast (Optimize for more dissimilar sequences)

☒ Show results in a new window

Nəticələrinizi əldə etmək üçün BLAST düyməsini

BLAST® » **blastn suite** » results for RID-KH9RUMJV013

[Home](#) [Recent Results](#) [Saved Strategies](#) [Help](#)

[< Edit Search](#) [Save Search](#) [Search Summary](#) ▾

[? How to read this report?](#) [BLAST Help Videos](#) [Back to Traditional Results Page](#)

Job Title **carA**

RID [KH9RUMJV013](#) Search expires on 10-03 04:45 am
[Download All](#) ▾

Program BLASTN [?](#) [Citation](#) ▾

Database nt [See details](#) ▾

Query ID lc|Query_60327

Description None

Molecule type dna

Query Length 704

Other reports [Distance tree of results](#) [MSA viewer](#) [?](#)

Filter Results

Organism only top 20 will appear ☐ exclude

[+ Add organism](#)

Percent Identity
 to

E value
 to

Query Coverage
 to

[Filter](#) [Reset](#)

Descriptions [Graphic Summary](#) [Alignments](#) [Taxonomy](#)

Sequences producing significant alignments [Download](#) ▾ [Select columns](#) ▾ [Show](#) [?](#)

☒ **select all** 1000 sequences selected

[GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#) [MSA Viewer](#)

	Description ▾	Scientific Name ▾	Total Score ▾	Query Cover ▾	E value ▾	Per. Ident ▾	Acc. Len ▾	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudomonas fluorescens strain DR397 chromosome complete genome	Pseudomonas flu...	1249	99%	0.0	99.43%	6418441	CP048408.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudomonas sp. DR 5-09 chromosome complete genome	Pseudomonas sp...	1217	99%	0.0	98.43%	6427864	CP011566.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudomonas sp. 3-2 chromosome complete genome	Pseudomonas sp...	1195	99%	0.0	97.72%	6441476	CP081200.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudomonas glycinae strain MS586 chromosome complete genome	Pseudomonas gly...	1186	99%	0.0	97.44%	6396728	CP014205.2
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudomonas sp. HS6 chromosome complete genome	Pseudomonas sp...	1186	99%	0.0	97.44%	6547752	CP067412.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudomonas knibbensis strain 46-2 chromosome complete genome	Pseudomonas kn...	1181	99%	0.0	97.29%	6324282	CP029608.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudomonas sp. lzPS59 chromosome complete genome	Pseudomonas sp...	1181	99%	0.0	97.29%	6381635	CP062251.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudomonas syringae isolate int918 chromosome complete genome	Pseudomonas sys...	1177	99%	0.0	97.15%	6381237	CP024646.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudomonas fluorescens strain NEP1 genome	Pseudomonas flu...	1177	99%	0.0	97.15%	6313875	CP022313.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudomonas fluorescens strain MS82 chromosome complete genome	Pseudomonas flu...	1172	99%	0.0	97.01%	6207556	CP028826.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudomonas sp. B21-021 chromosome complete genome	Pseudomonas sp...	1172	99%	0.0	97.01%	6494068	CP087192.1

Filogenetik ağacınızı yaratmaq üçün təxminən 20-30 seçim (dosya) etməlisiniz.

Bütün dizilərin seçimini ləğv edin və diziləri əl ilə seçin — bu hissə ən vacibdir!

Yalnız ən yüksək oxşarlığa (90-100% arasında) malik diziləri seçməyin, həmçinin 90%-dən aşağı oxşarlığa malik bəzi xarici qruplara (outgroup) da ehtiyacınız olacaq.

Ən yaxşı ağacı əldə etmək üçün dizilərin yaxşı yayılmış olduğundan əmin olun.

[Descriptions](#)
[Graphic Summary](#)
[Alignments](#)
[Taxonomy](#)

Sequences producing significant alignments

[Download](#)
[Select columns](#)
[Show](#)

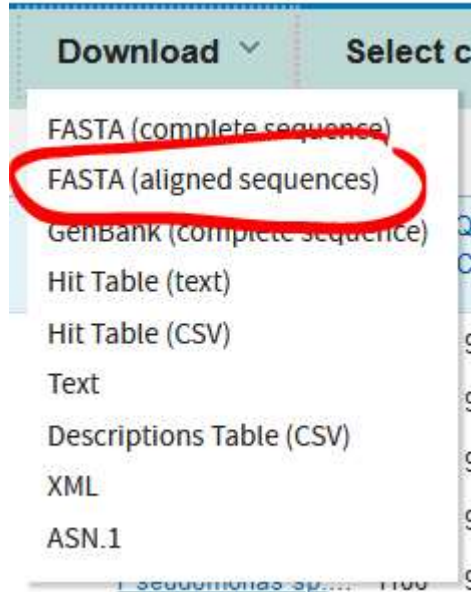

☒ select all 21 sequences selected

[GenBank](#)
[Graphics](#)
[Distance tree of results](#)
[MSA Viewer](#)

	Description	Scientific Name	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudomonas fluorescens strain DR397 chromosome, complete genome	Pseudomonas flu...	1249	99%	0.0	99.43%	6418441	CP048408.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas sp. DR 5-09 chromosome, complete genome	Pseudomonas sp...	1217	99%	0.0	98.43%	6427864	CP011566.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas sp. 3-2 chromosome, complete genome	Pseudomonas sp...	1195	99%	0.0	97.72%	6441476	CP081200.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudomonas glycinae strain MS586 chromosome, complete genome	Pseudomonas gly...	1186	99%	0.0	97.44%	6396728	CP014205.2
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas sp. HS6 chromosome, complete genome	Pseudomonas sp...	1186	99%	0.0	97.44%	6547752	CP067412.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Pseudomonas kribbensis strain 46-2 chromosome, complete genome	Pseudomonas kri...	1181	99%	0.0	97.29%	6324282	CP029608.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas sp. IzPS59 chromosome, complete genome	Pseudomonas sp...	1181	99%	0.0	97.29%	6381635	CP062251.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas syringae isolate inb918 chromosome, complete genome	Pseudomonas syr...	1177	99%	0.0	97.15%	6381237	CP024646.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas fluorescens strain NEP1 genome	Pseudomonas flu...	1177	99%	0.0	97.15%	6313875	CP022313.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas fluorescens strain MS82 chromosome, complete genome	Pseudomonas flu...	1172	99%	0.0	97.01%	6207556	CP028826.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas sp. B21-021 chromosome, complete genome	Pseudomonas sp...	1172	99%	0.0	97.01%	6494068	CP087192.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas gozinkensis strain IzPS32d chromosome, complete genome	Pseudomonas go...	1172	99%	0.0	97.01%	6563527	CP062253.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas sp. FIT81 chromosome, complete genome	Pseudomonas sp...	1170	99%	0.0	97.00%	6492796	CP075567.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas fluorescens Pf0-1, complete genome	Pseudomonas flu...	1168	99%	0.0	96.87%	6438405	CP000094.2
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas fluorescens strain YK-310 chromosome, complete genome	Pseudomonas flu...	1159	99%	0.0	96.58%	6498941	CP071797.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas kribbensis strain H38E-23 chromosome, complete genome	Pseudomonas kri...	1154	99%	0.0	96.44%	6164383	CP090355.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas fluorescens strain G7 chromosome, complete genome	Pseudomonas flu...	1150	99%	0.0	96.30%	6336169	CP027561.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas sp. IAC-BECa141 chromosome, complete genome	Pseudomonas sp...	1150	99%	0.0	96.30%	6221060	CP065410.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas allokribbensis strain IzPS23 chromosome, complete genome	Pseudomonas ali...	1150	99%	0.0	96.30%	6565027	CP062252.1
<input type="checkbox"/>	Pseudomonas sp. BW7P1 chromosome	Pseudomonas sp...	1131	99%	0.0	95.73%	6113052	CP103374.1

Ardıcılıqları seçməyi bitirdikdən sonra endirməyə keçin və FASTA (düzləşdirilmiş ardıcılıqlar) üzərinə klikləyin; Bu, .txt faylını endirəcək.

Massivləri FASTA formatında göstərəcək .txt



File Edit View Help

>CP048408.1:1165683-1166384 *Pseudomonas fluorescens* strain DR397 chromosome, complete genome

ATGACCGGCTATCAGGAAATCCTTACCGATCCTTCTACGCCAACAGATCGTTACCCTGACTTACCCGCACATCGGCAA
CACCGGCAGCAGCCGGAAGACGCCGAGTCCGACCGCGTCTGGTCCGCTGGTCTGGTCATCCGTGACCTGCCGCTGGTAG
CGAGCAACTGGCGTAACACGATGTCCCTGTCCGATTACCTGAAAGCCAACAATGTTGTGGCAATCGCCGGTATCGACACC
CGCCGCTGACCCGCATCCTGCGTGAAAAAGGCGCACAGAACGGCTGCATCATGGCCGGCGACAACATCTCCGAAGAGGC
GGCCATCGCCGCTGCGCAAGGCTTCCCGGGCTGAAGGGCATGGATCTGGCGAAAGTCGTAGCACCACCAAGACCAATACG
AATGGCGCTCCACTGTCTGGGATCTGAAACCGACAGCCACGCGACCATCGAAGCTCCGAGCTGCCATACCACGTGGTT
GCCTACGACTACGGCGTCAAGGTCAACATCCTGCGCATGCTGGTCGAGCGCGGTTGCCGCGTGACCGTGGTTCCGGCGCA
AACCCCGGCTGCCGACGTGCTGGCTGTGAAGCCGAGACGGCGTGTCTGTCACAGGCCCTGGTGACCCGGAGCCTTGCG
ACTACGCAATCAAGGCCATCAAGGAAGTGCTGGAACCGAAATTCGGTCTTCGGCATCTGC

>CP014205.2:4250167-4250868 *Pseudomonas glyciniae* strain M586 chromosome, complete genome

GCAGATGCCGAAGACCGGAATTTCCGTTTCCAGCACTTCTTGATCGCTTTGATCGCGTAGTCGAAGGCTCTGGATCAC
CAGGACCGTTGGACAGGAACACGCCGCTCCGGCTTCAAGGCCAGCACATCGGCCGCCGAGTTTGCGCCGGCACCACGGTC
ACGCGGCAACCGCGCTCGACCAGCATGCGCAGGATGTTGACCTTGACGCCGTAGTCGTAGGCAACCACGTGGTAAGGCAG
CTCGGACGCTTCGATGGTGCCTGGCTGTGCGTTTTAGATCCAGACAGTGGAGCGCCATTCTGATTGGGTCTTGGTGC
TGACGACATTTGCCAGATCCATGCCCTTACGGCCCGGAAGCCTTGCGCCGCGGCGATGGCCGCTTCTTCGGAGATGTTG
TCGCCGGCCATGATGACGCCGTTCTGTGCGCTTTTTACGCGAGGATGCGGGTCAGGCGCGGGGTGTGATACCGCGCAT
CGCCACAACATTGTTGGCTTTCAGGTAATCGGACAGGGACATCGTGTTACGCCAGTTGCTCGCTACCAGCGCGAGGTCAC
GGATGACCAGGCCAGCGGACCAGACCGCATCGGACTCGGCGTCTTCGGCGTGGTGCCGGTGTGCGGATGTGCGGGTAA
GTCAGGGTAACGATCTGTTGGGCGTAGGAAGGATCGGTAAGGATTTCTGATAGCCGGTCA

>CP029608.1:929257-929958 *Pseudomonas kribbensis* strain 46-2 chromosome, complete genome

ATGACCGGCTATCAGGAAATCCTTACCGATCCTTCTACGCCAACAGATCGTTACCCTGACTTACCCGCACATCGGCAA
CACCGGCAGCAGCCGGAAGACGCCGAGTCCAATCGCGTCTGGTCCGCTGGTCTGGTCATCCGTGACCTGCCGCTGGTAG
CGAGCAACTGGCGTAACACGATGTCCCTGTCCGACTACCTGAAAGCCAACAACGTTGTGGCAATCGCCGGTATCGACACC
CGTCGCTGACCCGCATCCTGCGTGAAAAAGGCGCACAGAACGGCTGCATCATGGCCGGCGACAACATCTCCGAAGAAGC
GGCCATCGCCGCTGCGCAAGGCTTCCCGGGCTGAAGGGCATGGACTGGCGAAAGTCGTAGCACCACCAAGACCAATACG
AATGGCGCTCCACTGTCTGGGATCTGAAGACCGACAGCCACGCGACCATCGAAGCTCCGAGCTGCCATACCACGTGGTT
GCCTACGACTACGGCGTCAAGGTCAACATCCTGCGCATGCTGGTCGAGCGCGGTTGCCGCGTGACCGTAGTGCCAGCGCA
AACCCCGGCTGCCGACGTGCTGGCCCTGAATCCGGATGGCGTGTCTGTCACAGGCCCTGGTGACCCGGAGCCTTGCG
ACTACGCGATCAAGGCGATCAAGGAAGTGCTGGAACCGAAATTCGGTGTTCGGCATCTGC

>CP014947.1:1524868-1525569 *Pseudomonas koreensis* strain D26 chromosome, complete genome

ATGACCGGCTATCAGGAAATCCTTACCGATCCTTCTACGCCAACAGATCGTTACCCTGACTTACCCGCACATCGGCAA
CACCGGCAGCAGCCGGAAGACGCCGAGTCCGACCGCGTCTGGTCCGCTGGCTGGTCTCCGTGACCTGCCGCTGGTAG
CGAGCAACTGGCGCAACACGATGTCCCTGTCTGATTACCTGAAAGCCAACAATGTAGTGGCAATCGCCGGTATCGACACC
CGTCGCTGACCCGCATCCTGCGTGAAAAAGGCGCTCAGAACGGCTGCATCATGGCCGGCGACAACATCTCCGAAGAAGC
GGCCATCGCCGCTGCGCAAGGCTTCCAGGCTGAAGGGCATGGACTGGCGAAAGTCGTAGCACCACCAAGACCAATACG
AATGGCGCTCGACTGTCTGGGATCTGAAACCGACAGGTCAGCGGACCATCGAAGCTTCGAGCTGTCATACCGTGGT

Dizilərinizi FASTA formatında əlavə edin:

açıqlama (adətən “Cins növ” olur)

DİZİ

```
|
>Pseudomonas sp. strain P3AW
GCAGATGCCGAAGACCGGAATTTCCGGTTTCCAGCACTTCCTTGATGGCCTTGATTGCGTAGTCG(

>Pseudomonas sp. strain P3BW
AGATGCCGAAGACCGGAATTTCCGGTTTCCAGCACTTCCTTGATGGCCTTGATTGCGTAGTCGCA/

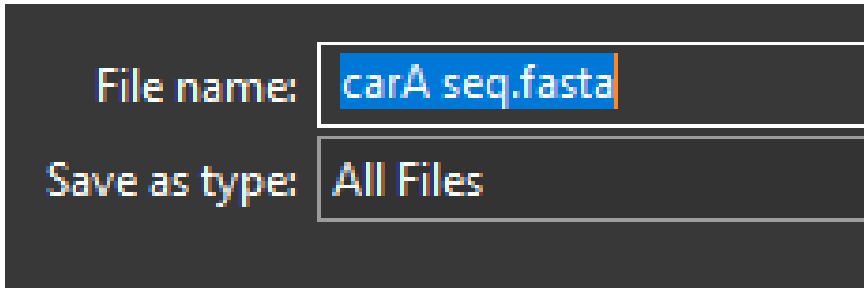
>Pseudomonas sp. strain AY2
CCCCAGGCAGATGCCGAAGACCGGAATTTCCGGTTTCCAGCACTTCCTTGATGGCCTTGATTGCG1

>Pseudomonas sp. strain WC
ATGCCGAAGACCGGAATTTCCGGTTTCCAGCACTTCCTTGATGGCCTTGATTGCGTAGTCGCAAG(

>Pseudomonas sp. strain WCY
AGGCAGATGCCGAAGACCGGAATTTCCGGTTTCCAGCACTTCCTTGATGGCCTTGATTGCGTAGTC(
```

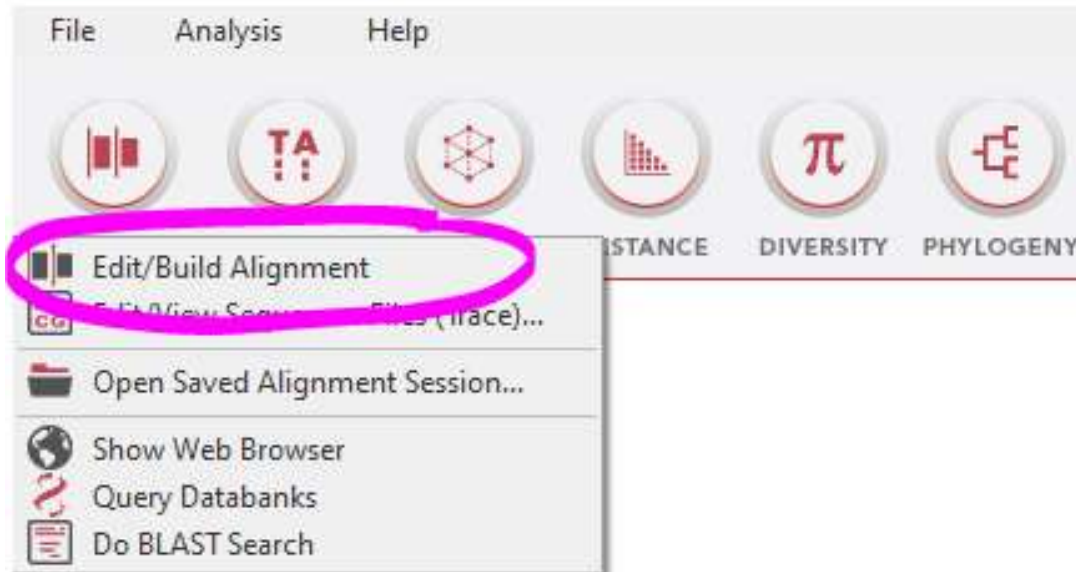
1. "Kromozom, tam genom" və ya digər təkrarlanan ad əlavələrini silin, amma dosya adlarını saxlayın.

Faylı MEGA11 proqramının oxuya bilməsi üçün .fasta formatında yadda saxlayın.

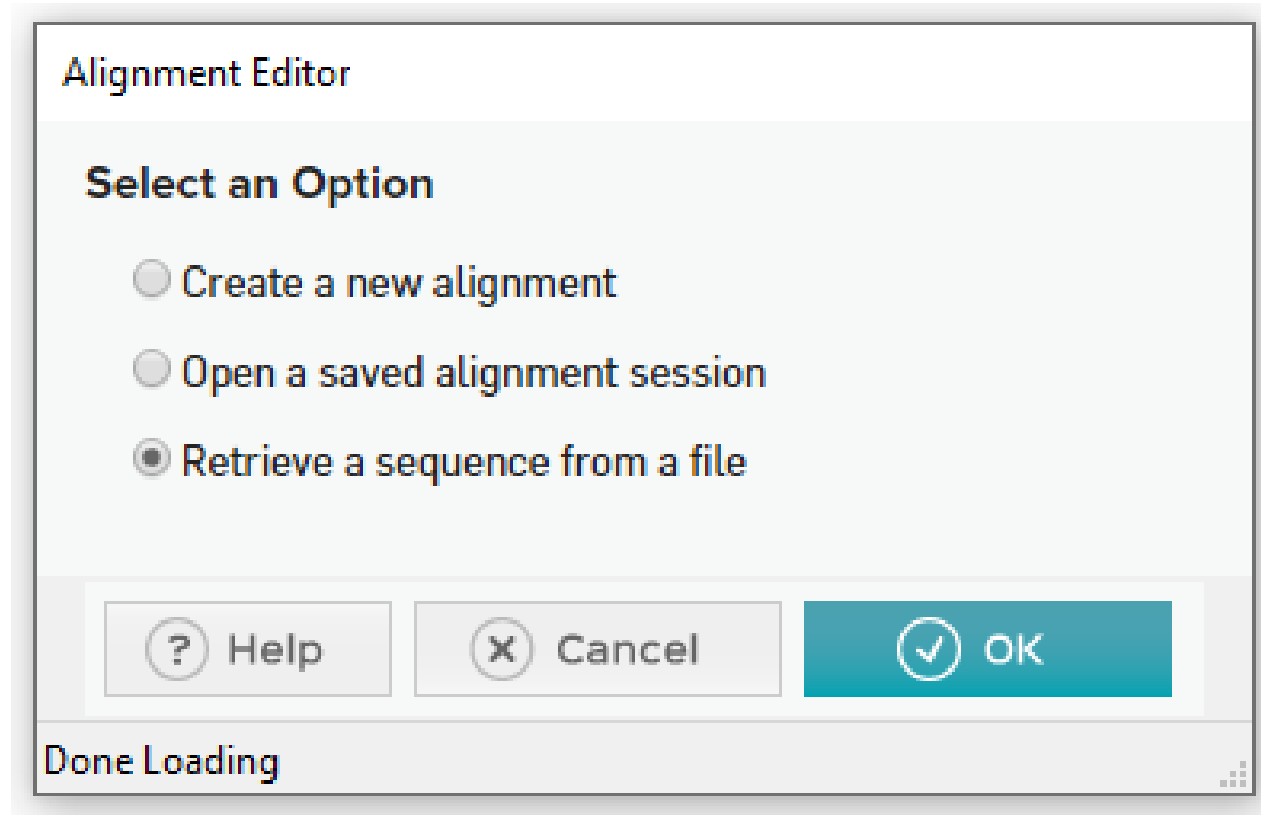


2. Dizilərinizi hizalamaq:

MEGA11 proqramını açın və "HİZALA - Hizalamayı Düzenle/Oluştur" bölməsinə daxil olun.



"Bir fayldan sıra al" seçimini seçin və daha əvvəl hazırladığınız .fasta faylını seçin.



“Hizalama - KAS ilə hizala” seçiminə klikləyin və ya qırmızı  emojişinə toxunun.

M11: Alignment Explorer (carA seq.fasta)

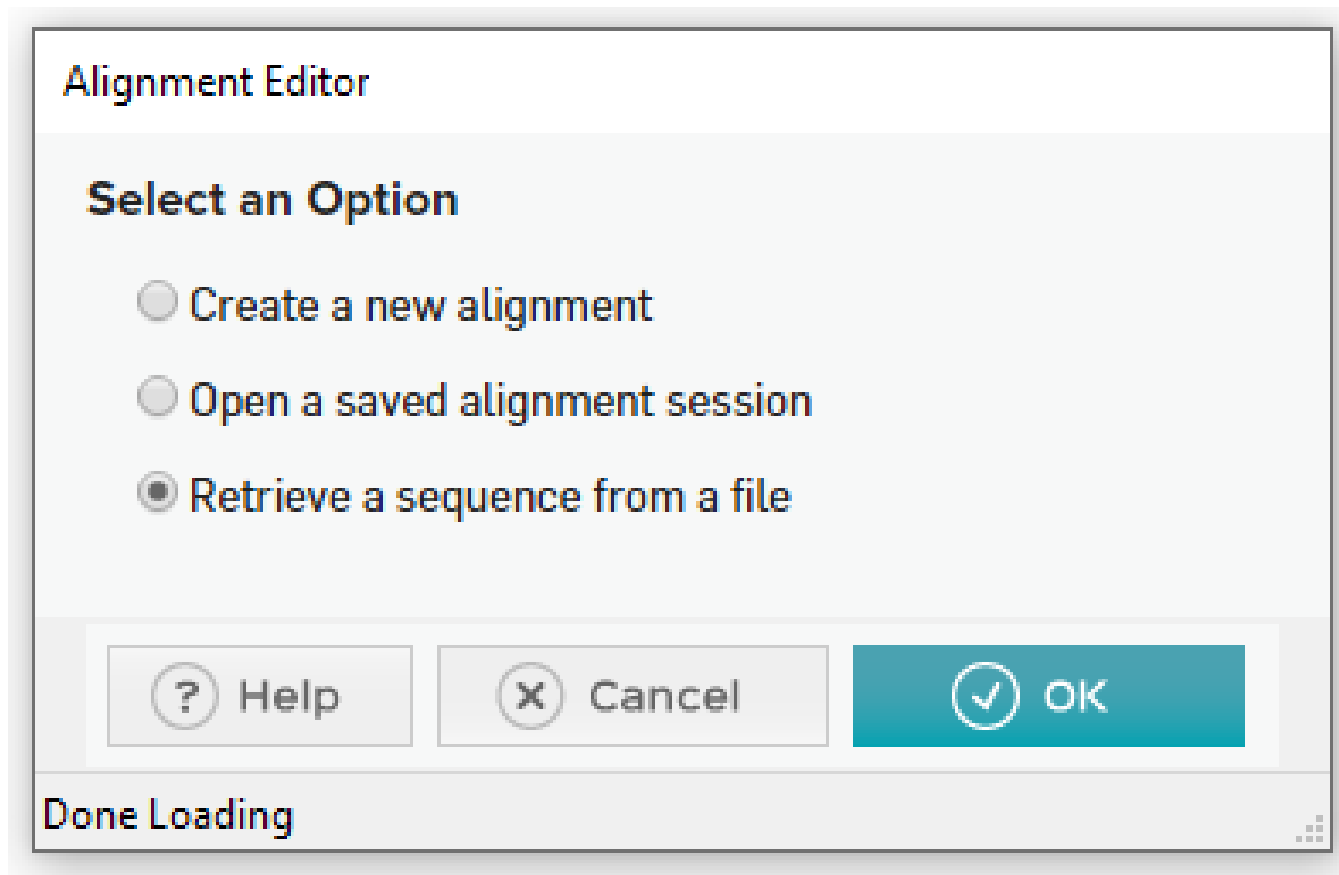
Data Edit Search Alignment Web Sequencer Display Help

DNA Sequences Translated Protein Sequences

Species/Abbrev	
1. CP048408.1:1165683-1166384 Pseudomonas fluorescens strain DR397	A T G A C C G G C T A T C A G G A A A T C C T T A C C G A T C C T T C C T A C G C C C
2. CP014205.2:4250167-4250868 Pseudomonas glycinae strain MS586	G C A G A T G C C G A A G A C C G G A A T T T C G G T T T C C A G C A C T T C C T T G
3. CP029608.1:929257-929958 Pseudomonas kribbensis strain 46-2	A T G A C C G G C T A T C A G G A A A T C C T T A C C G A T C C T T C C T A C G C C C
4. CP014947.1:1524868-1525569 Pseudomonas koreensis strain D26	A T G A C C G G C T A T C A G G A A A T C C T T A C C G A T C C T T C C T A C G C C C
5. CP083988.1:940285-940986 Pseudomonas putida strain PgBE89	A T G A C C G G C T A T C A G G A A A T C C T T A C C G A T C C T T C C T A C G C C C
6. CP087177.1:913864-914565 Pseudomonas moraviensis strain B21-039	A T G A C C G G C T A T C A G G A A A T C C T T A C C G A T C C T T C C T A C G C C C
7. CP087171.1:850444-851145 Pseudomonas atacamensis strain B21-045	A T G A C C G G C T A T C A G G A A A T C C T T A C C G A T C C T T C C T A C G C C C
8. CP018050.1:5715962-5716663 Stutzerimonas stutzeri strain KGS-2	G C A G A T A C C G A A G A C C G G G A T C T C G G T T T C C A G C A C G T C C T T G
9. LT629803.1:4709051-4709752 Pseudomonas vancouverensis strain BS3656	G C A G A T G C C G A A C A C A G G A A T T T C G G T T T C C A G C A C T T C C T T G
10. LT629709.1:1918061-1918762 Pseudomonas reinekei strain BS3776	G C A G A T A C C G A A G A C C G G G A T C T C G G T T T C C A G C A C T T C C T T G
11. CP029693.1:5025190-5025891 Pseudomonas putida strain JBC17	A T G A C C G G C T A T C A G G A A A T C C T T A C C G A T C C T T C C T A C G C C C
12. CP050510.1:937992-938693 Pseudomonas chlororaphis subsp. aurantiaca strain B-162 chromosome	A T G A C C G G C T A T C A G G A A A T C C T T A C C G A T C C T T C C T A C G C C C
13. CP019856.1:5616156-5616859 Pseudomonas azotoformans strain F77 complete genome	G C A G A T A C C G A A T A C T G G A A T C T C G G T T T C C A G C A C G T C C T T G
14. KX186814.1:104-807 Pseudomonas extremorientalis culture DSM:15824	C C A T G A C C G G C T A T C A G G A A A T C C T T A C C G A T C C T T C C T A C G C C
15. DQ178197.1:1-617 Pseudomonas fluorescens strain PC17	C A A C A G A T C G T T A C C C T G A C T T A C C C G C A C A T C G G C A A T A C C G C
16. CP047267.1:4904676-4905377 Pseudomonas syringae UB303	G C A G A T G C C G A A C A C C G G A A T G T C G G T T T C C A G C A C T T C C C T G
17. CP046035.1:996683-997384 Pseudomonas coronafaciens pv. oryzae str. 1 6	A T G A C A G G C T A T C A G G A A A T T C T T A C C G A T C C T T C C T A C G C C C
18. CP101910.1:5357676-5358377 Pseudomonas putida strain ATCC 12633	G C A G A T G C C G A A T A C C G G A A T C T C G G T T T C G A G G A T T T C C T T G
19. CP031641.1:715276-715977 Pseudomonas parafulva strain JBSC1880	A T G A C C G G C T A C C A G G A A A T C C T T A C A G A C C C T T C C T A C G C C C
20. AJ414209.1:1-623 Pseudomonas agarici	C A G C A G A T C G T T A C C C T G A C C T A T C C G C A C A T C G G C A A T A C C G C
21. CP041354.1:5571004-5571707 Pseudomonas aeruginosa strain AZPAE15042	G C A G A T G C C G A A C A C C G G G A T C T C G G T A T C G A G G A A C T C G C G G
22. Pseudomonas sp. strain P3AW	G C A G A T G C C G A A G A C C G G A A T T T C G G T T T C C A G C A C T T C C T T G
23. Pseudomonas sp. strain P3BW	A G A T G C C G A A G A C C G G A A T T T C G G T T T C C A G C A C T T C C T T G A T
24. Pseudomonas sp. strain AY2	C C C C A G G C A G A T G C C G A A G A C C G G A A T T T C G G T T T C C A G C A C T
25. Pseudomonas sp. strain WC	A T G C C G A A G A C C G G A A T T T C G G T T T C C A G C A C T T C C T T G A T G G
26. Pseudomonas sp. strain WCY	A G G C A G A T G C C G A A G A C C G G A A T T T C G G T T T C C A G C A C T T C C T

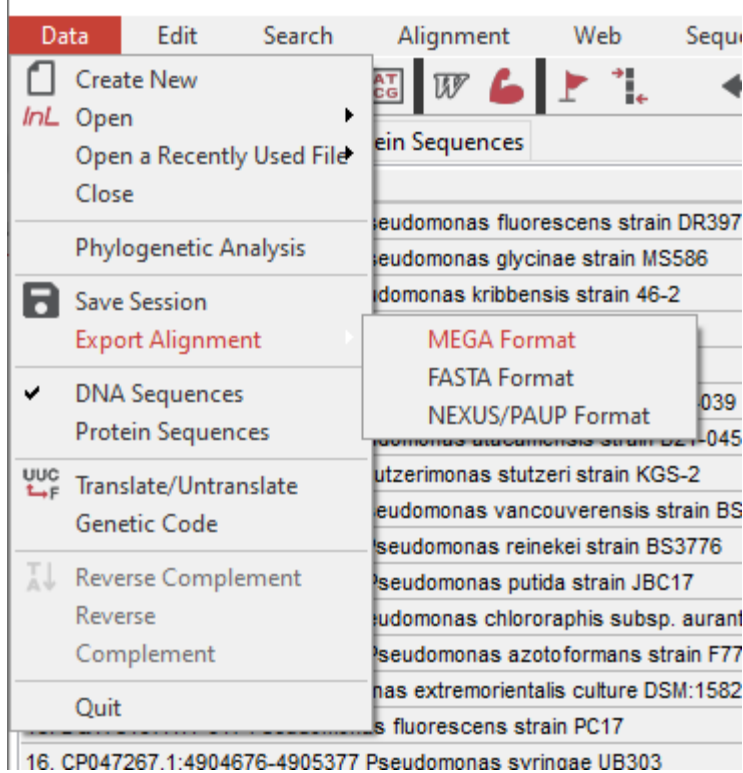
Site # 1 ☐ with ☐ w/o gaps

Selected genetic code: Standard

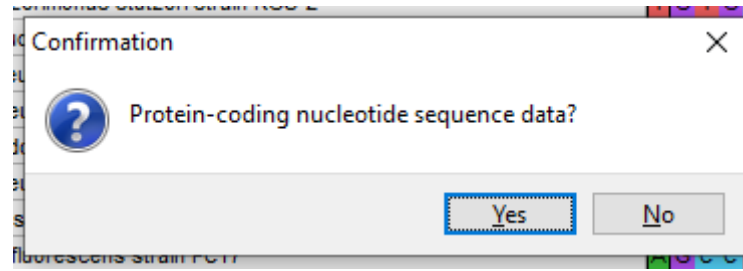


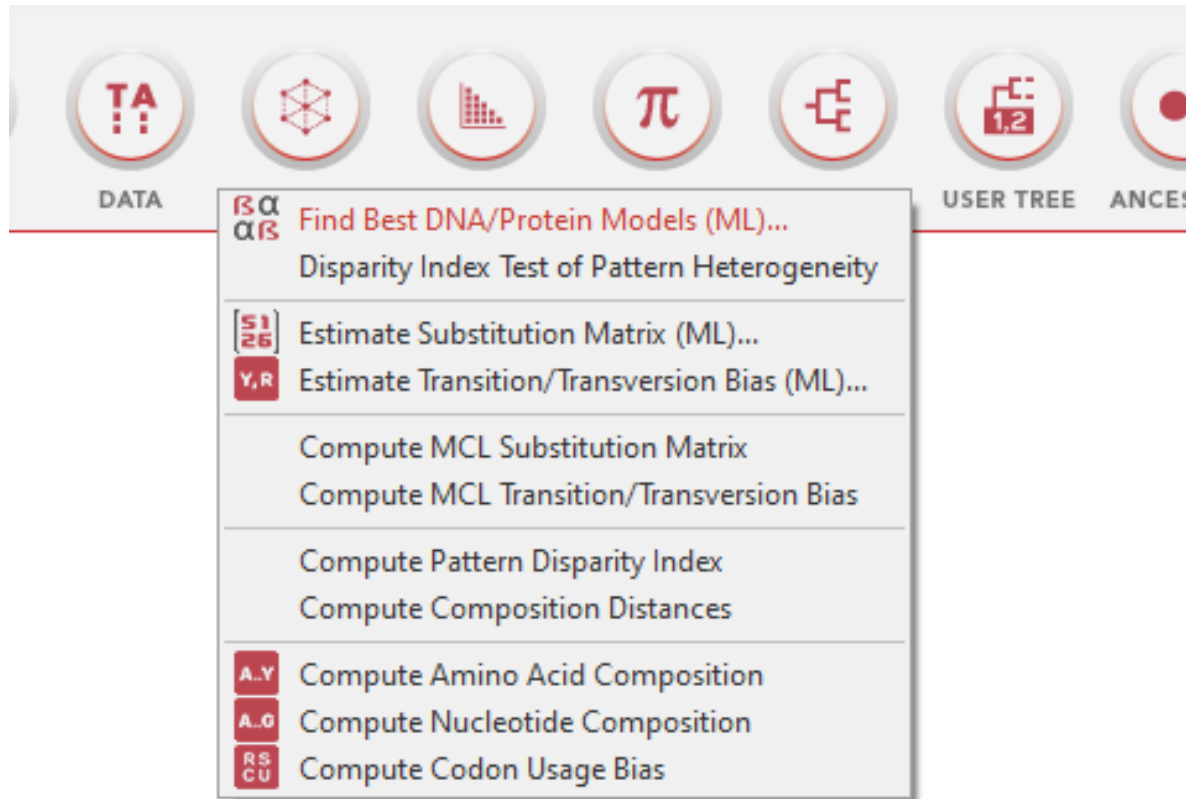
Varsayılan seçimlerle oynamayın və sadəcə "Tamam" düyməsinə klikləyin.

Hər şey hizalandıqdan sonra, "Veri – Hizalamayı Dışa Aktar – MEGA Biçimi" bölməsinə gedin və faylı MEG formatında yadda saxlayın.



Program sizdən bunun zülal kodlayıb-kodlamadığını soruşacaq — 16S rRNA üçün cavab "Xeyr" olmalıdır, amma digər genlər üçün "Bəli" ola bilər.





3.Ağacın yaradılması:

Bu hissədə Maksimum Ehtimallıq (ML) ağacı quracağıq.

Proqramın verilənləriniz üçün ən yaxşı əvəzləmə modelini təyin edə bilməsi üçün “MODELS – Find Best DNA/Protein Models (ML)” seçiminə klikləyin.

1. Filogenetik ağac nədir?

Filogenetik ağac – orqanizmlər və ya genetik ardıcılıqlar arasında **təkamül əlaqələrini** göstərən budaqlanmış diaqramdır. Hər budaq ayrılması (node) ümumi bir əcdadı təmsil edir.

◆ Filogenetik ağac müxtəlif üsullarla qurula bilər:

- **Uzaqlığa əsaslanan** (məsələn, Neighbor-Joining)
- **Parsimoniya əsaslanan**
- **Maksimum ehtimallıq (Maximum Likelihood, ML)**
- **Bayes yanaşması**

Maksimum ehtimallıq (ML) ağacı nədir?

ML ağacı, filogenetik ağac yaratma üsullarından biridir.

Əsas xüsusiyyətləri:

- Sizdə bir **veri (məsələn, DNA, RNA və ya zülal ardıcılığı)** olur.
- Bu veri ilə **ən yüksək ehtimalla baş vermiş təkamül ağacını** hesablamaq məqsədi güdür.
- Başqa sözlə: "Bu verilənlərə əsasən, hansı ağac ehtimal baxımından daha realdır?" sualına cavab verir.
- Bu metod **statistik modellərə** əsaslanır və dəqiq nəticə verir, lakin hesablama baxımından ağırdır.

Xüsusiyyət	Filogenetik Ağac (Ümumi)	ML Ağac
Tərif	Təkamül əlaqəsini göstərən ümumi quruluş	Ehtimala əsaslanaraq qurulmuş xüsusi ağac
Hesablama	Müxtəlif üsullarla aparılır	Statistik modelə əsaslanır
Dəqiqlik	Metoddan asılıdır	Adətən daha etibarlıdır
İstifadə sahəsi	Ümumi analizlər üçün	Elmi tədqiqat və dəqiq nəticələr üçün

Hər ML ağacı bir filogenetik ağacdır, lakin hər filogenetik ağac ML metodu ilə hazırlanmayıb. ML – daha dəqiq və statistik əsaslı bir yanaşmadır.

1. Uzaqlığa əsaslanan metodlar

Məsələn: Neighbor-Joining (NJ)

Təsviri:

Bu metod iki orqanizm (və ya takson) arasındakı genetik və ya fenotipik **uzaqlıqlara** əsaslanır. Bütün cütlər arasında məsafələr hesablanır və sonra bu uzaqlıqlara əsasən ağac qurulur.

Xüsusiyyətləri:

- Sadə və sürətli hesablama metodudur.
- Giriş məlumatı olaraq **uzaqlıq matrisindən** istifadə olunur (məsələn, genetik məsafələr).
- Optimal ağac deyil, **təxmini ağac** verir.
- Modelə əsaslanmır, yeni konkret təkamül modelini nəzərə almır.

Üstünlüklər:

- Böyük verilənlər üçün sürətlidir.
- Sıralanmış məlumatlarla yaxşı işləyir.

Məhdudiyyətlər:

- Təkamül hadisələrini və mutasiya modellərini nəzərə almır.
- Ağacın həqiqiliyi uzaqlıq ölçüsünün düzgünlüyündən asılıdır.

2. Parsimoniyaya əsaslanan metod (Maximum Parsimony)

Təsviri:

Bu metod ən **az sayda təkamül dəyişiklikləri** ilə izah olunan ağacı tapmağa çalışır. Yəni, hansı ağacda daha az mutasiya baş veribsə, o, daha inandırıcı sayılır.

Xüsusiyyətləri:

- Dəyişikliklərin minimal sayda olduğunu fərz edir.
- Ağacın sadəliyini ön planda tutur.
- Model əsaslı deyil.

Üstünlüklər:

- Asan başa düşülür.
- Sadə və kiçik datasetlər üçün faydalıdır.

Məhdudiyyətlər:

- Homoplaziya** (eyni xüsusiyyətin müstəqil şəkildə bir neçə dəfə yaranması) varsa, nəticə yanıltıcı ola bilər.
- Məlumat miqdarı artdıqca və dəyişikliklər çox olduqca bu metod qeyri-effektiv ola bilər.

3. Maksimum ehtimallıq metodu (Maximum Likelihood, ML)

Təsviri:

Bu metod **ehtimal modellərinə** əsaslanır. Hər bir mümkün filogenetik ağac üçün, müşahidə olunan genetik məlumatların həmin ağac əsasında yaranma ehtimalı hesablanır. Ən yüksək ehtimala malik ağac seçilir.

Xüsusiyyətləri:

- Statistiki və model əsaslıdır.
- Təkamül modelinə (məsələn, Jukes-Cantor, GTR və s.) əsaslanır.
- Ən uyğun ehtimal dəyəri ilə ağac seçilir.

Üstünlüklər:

- Etibarlı və elmi əsaslı nəticə verir.
- Müəkkəb modelləri daxil edə bilir (məsələn, dəyişən mutasiya sürətləri).

Məhdudiyyətlər:

- Hesablama baxımından çox vaxt və resurs tələb edir.
- Böyük datasetlər üçün yavaş ola bilər.

4. Bayes yanaşması (Bayesian Inference)

Təsviri:

Bu metod da ehtimal modellərinə əsaslanır, lakin **Bayes teoremi** tətbiq edilir. Yəni, əvvəlcədən müəyyən olunmuş ehtimallar (priorlar) ilə müşahidə olunan məlumatlara əsasən, bir ağacın nə dərəcədə mümkün olduğunu müəyyən edir. Nəticədə, **posterior ehtimallar** əldə edilir.

Xüsusiyyətləri:

- Model əsaslı yanaşmadır.
- Markov Chain Monte Carlo (MCMC) kimi metodlardan istifadə olunur.

Üstünlüklər:

- Tək bir optimal ağacdən başqa, ehtimallara əsaslanan **ağac paylanması** əldə edilir.
- Prior biliklər əlavə etmək mümkündür.
- Daha kompleks analizlərə imkan verir.

Məhdudiyyətlər:

- Hesablama baxımından ən ağır metoddur.
- Modelləşdirmə səhvləri nəticəyə mənfi təsir göstərə bilər.

Metod	Model əsaslı	Sürət	Etibarlılıq	Uyğunluq
Neighbor- Joining	Xeyr	Sürətli	Orta	Böyük datasetlər
Parsimony	Xeyr	Orta	Zəif-Orta	Sadə hallar
Maximum Likelihood	Bəli	Yavaş	Yüksək	Təkamül modelləri ilə
Bayesian Inference	Bəli	Çox yavaş	Çox Yüksək	Prior biliklərlə

Varsayılan ayarları dəyişdirməyin və Sadəcə Tamam düyməsinə basın.

Proqram hər modelin verilənlərə necə uyğun gəldiyini göstərən bir qrafik yaradacaq (daha aşağı BIC dəyəri daha yaxşıdır).

MEGA Caption Expert: Find Best-Fit Substitution Model (ML)

File Edit View Help

TXT

Results

Table. Maximum Likelihood fits of 24 different nucleotide substitution models

Model	Parameters	BIC	AICc	lnL	(+I)	(+G)	R	f(A)	f(T)
T92+G	52	12895.002	12489.595	-6192.645	n/a	0.63	1.43	0.193	0.193
T92+G+I	53	12902.092	12488.894	-6191.288	0.00	0.63	1.43	0.193	0.193
HKY+G	54	12912.272	12491.285	-6191.477	n/a	0.63	1.43	0.193	0.192
TN93+G	55	12922.500	12493.722	-6191.690	n/a	0.63	1.43	0.193	0.192
HKY+G+I	55	12925.967	12497.189	-6193.424	0.00	0.63	1.43	0.193	0.192
TN93+G+I	56	12931.705	12495.138	-6191.392	0.00	0.63	1.43	0.193	0.192
GTR+G	58	12946.366	12494.220	-6188.920	n/a	0.63	1.43	0.193	0.192
GTR+G+I	59	12952.256	12492.321	-6186.964	0.00	0.63	1.43	0.193	0.192
K2+G	51	13015.032	12617.416	-6257.561	n/a	0.68	1.35	0.250	0.250
K2+G+I	52	13024.852	12619.444	-6257.569	0.00	0.68	1.35	0.250	0.250
T92+I	52	13138.190	12732.783	-6314.238	0.22	n/a	1.29	0.193	0.193
HKY+I	54	13158.090	12737.102	-6314.386	0.22	n/a	1.29	0.193	0.192
TN93+I	55	13165.755	12736.978	-6313.318	0.22	n/a	1.29	0.193	0.192

K2 = Kimura 2 parametrlı

T92 = Tamura 3 parametrlı

TN93 = Tamura-Nei

HKY = Hasegawa-Kishino-Yano

GTR = Ümumi Zaman Geri Dönüşü

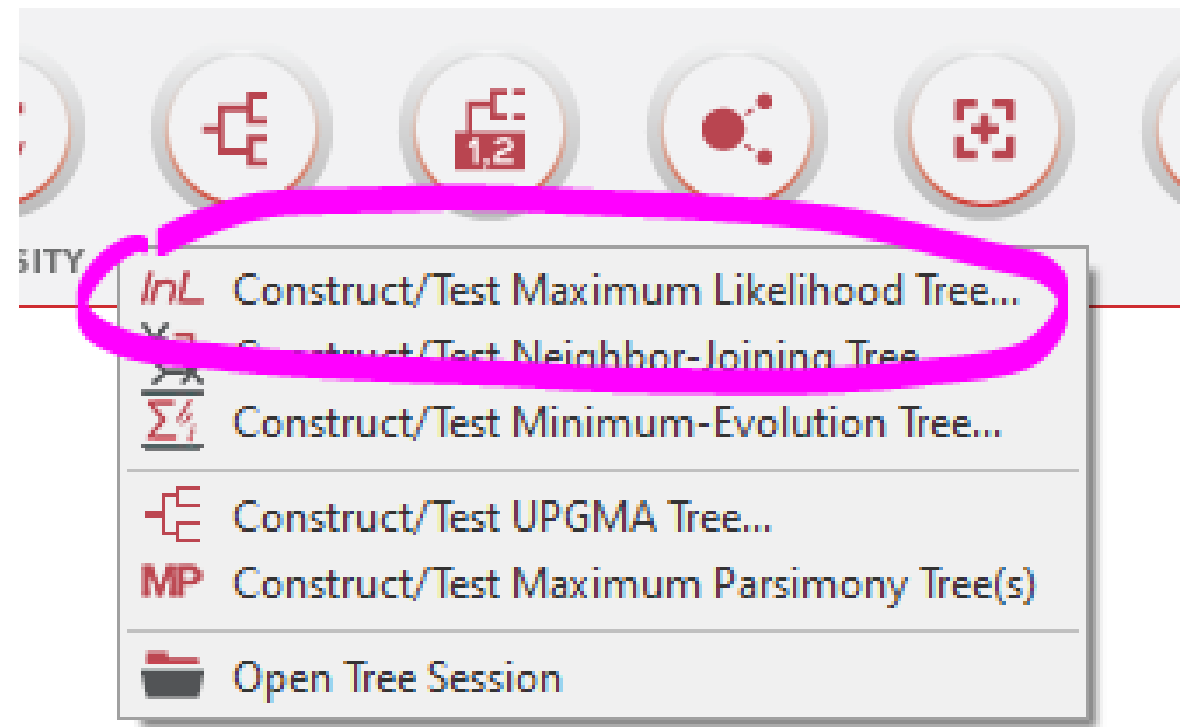
JC = Jukes-Cantor

+G = gamma paylanması

+I = dəyişməz yerlər var

+G+I = gamma paylanması və dəyişməz yerlər

“FİLOGENİ – Maksimum Ehtimallı Ağaç Yarat/Test Et” bölməsinə keçin.



M11: Analysis Preferences

Phylogeny Reconstruction

Option	Setting
ANALYSIS	
Statistical Method →	Maximum Likelihood
PHYLOGENY TEST	
Test of Phylogeny →	Bootstrap method
No. of Bootstrap Replications →	1000
SUBSTITUTION MODEL	
Substitutions Type →	Nucleotide
Genetic Code Table →	Not Applicable
Model/Method →	Tamura 3-parameter model
RATES AND PATTERNS	
Rates among Sites →	Gamma Distributed (G)
No. of Discrete Gamma Categories →	5
DATA SUBSET TO USE	
Gaps/Missing Data Treatment →	Use all sites
Site Coverage Cutoff (%) →	Not Applicable
Select Codon Positions →	<input checked="" type="checkbox"/> 1st <input checked="" type="checkbox"/> 2nd <input checked="" type="checkbox"/> 3rd <input checked="" type="checkbox"/> Noncoding Sites
TREE INFERENCE OPTIONS	
ML Heuristic Method →	Nearest-Neighbor-Interchange (NNI)
Initial Tree for ML →	Make initial tree automatically (Default - NJ/BioNJ)
Initial Tree File →	Not Applicable
Branch Swap Filter →	None
SYSTEM RESOURCE USAGE	
Number of Threads →	1

? Help ✕ Cancel ✓ OK

Filogeni Testi üçün 2 seçim var: Heç biri və ya Bootstrap (Önyükleme)

Heç biri, tək bir ağacın sürətli yaradılması üçün istifadə olunur.

Bootstrap, son ağacdakı hər bir budağın sabitliyini/dəqiqliyini yoxlamaq üçün bir neçə ağacın simulyasiyasını ehtiva edir.

Əgər ağacı elmi məqalədə dərc etmək istəyirsinizsə, ən azı 1000 təkrarlamalı Bootstrap seçməlisiniz (500 də uyğun ola bilər).

PHYLOGENY TEST

Test of Phylogeny → Bootstrap method

f Bootstrap Replications → None

Bootstrap method

SUBSTITUTION MODEL

Substitutions Type → Nucleotide

İkame Modeli, daha əvvəl yaratdığınız modellərdən (T92/K2/TN93 və s.) verilərinizə ən uyğun olan modeli seçməyiniz tələb olunan modeldir.

SUBSTITUTION MODEL	
Substitutions Type →	Nucleotide
Genetic Code Table →	Not Applicable
Model/Method →	Tamura 3-parameter model
RATES AND PATTERNS	
Rates among Sites →	Tamura 3-parameter model
Discrete Gamma Categories →	Hasegawa-Kishino-Yano model
DATA SUBSET TO USE	
	General Time Reversible model
Gaps/Missing Data Treatment →	Use all sites

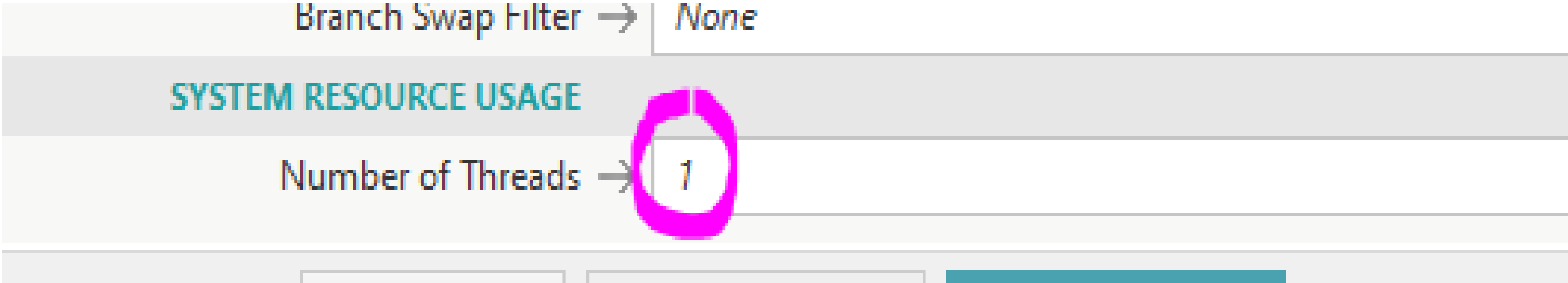
Rates and Patterns bölməsi, modeliniz bu seçimləri etməyinizi tələb edirsə, +G/+I/+G+I seçməli olduğunuz yerdir.

RATES AND PATTERNS	
Rates among Sites →	Gamma Distributed (G)
Discrete Gamma Categories →	Uniform Rates
DATA SUBSET TO USE	
	Has Invariant Sites (I)
Gaps/Missing Data Treatment →	Gamma Distributed With Invariant Sites (G+I)
Site Coverage Cutoff (%) →	Not Applicable

MEGA11 üçün, birdən çox iş parçacıqları (Sistem Resurs İstifadəsi) istifadə etmək bəzən proqramın çöküşünə səbəb ola bilər!

Tək iş parçacığı istifadə etmək təhlükəsizdir, amma yavaştır.

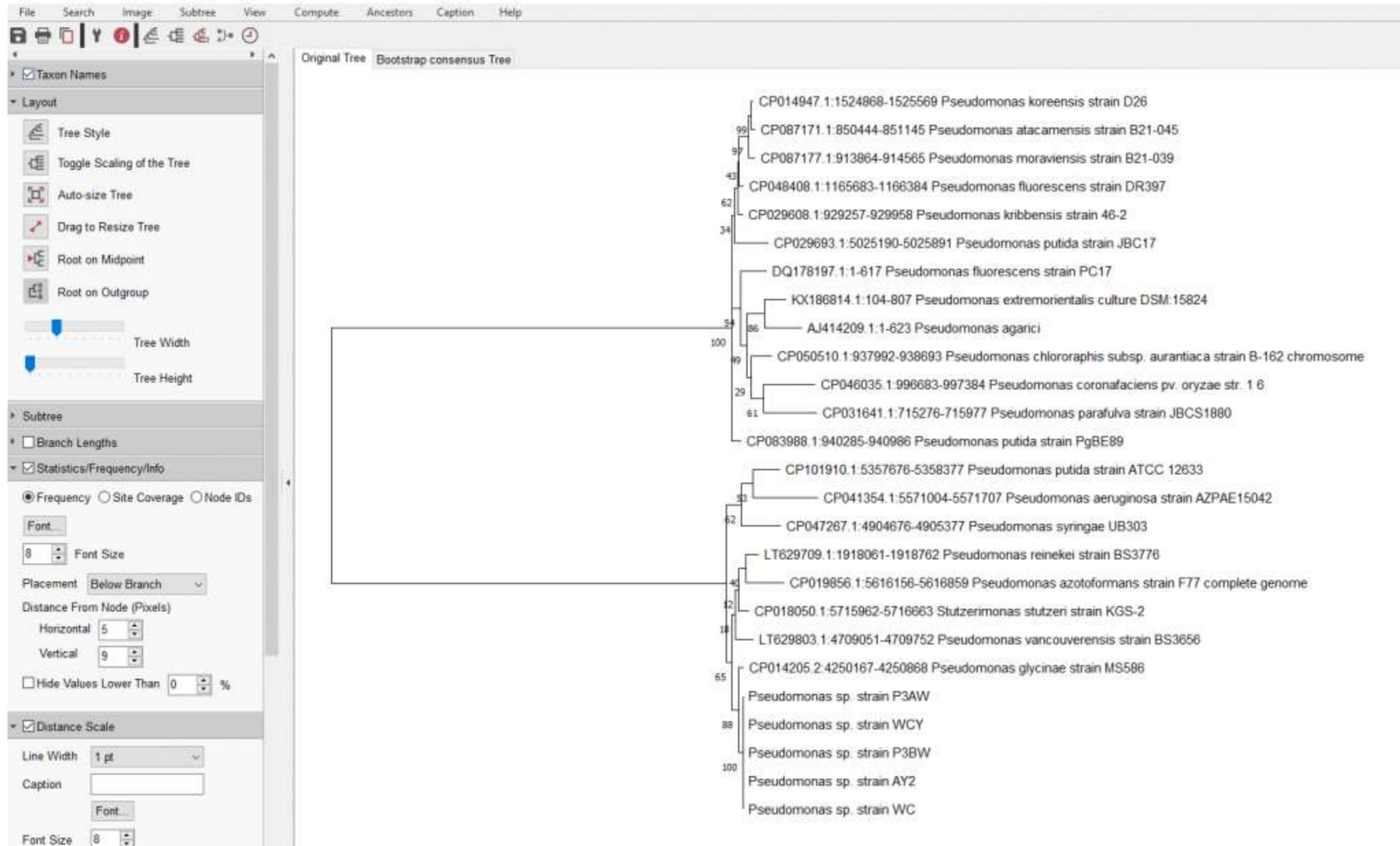
1-dən çox iş parçacığı istifadə etmək daha sürətli olar, amma simulyasiyanın ortasında çöküş riski mövcuddur.



Tamam düyməsini basın və gözləyin.

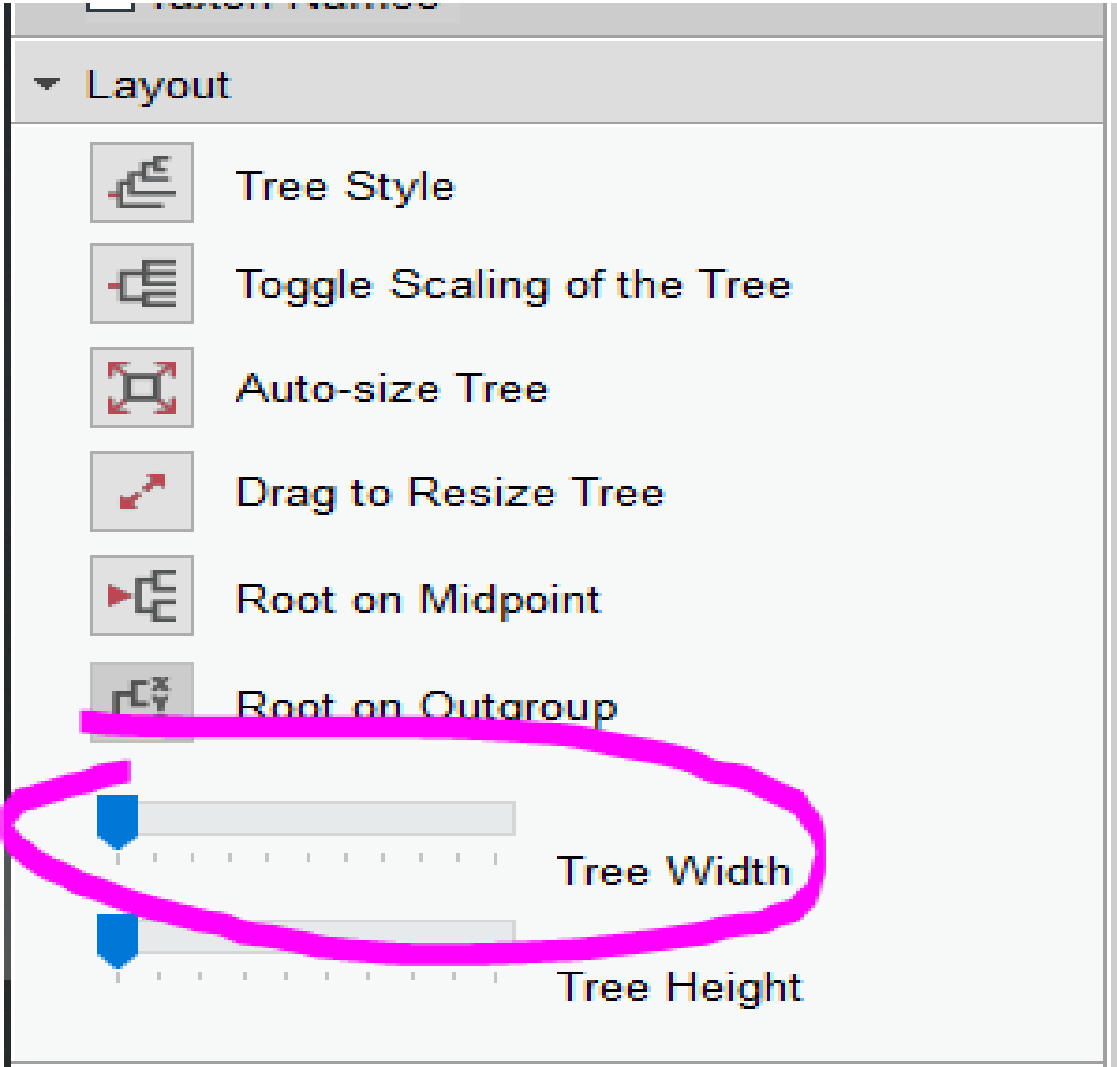
4. Ağacın görüntülənməsi və tənzimlənməsi:

Ağac yaradıldıqdan sonra bu pəncərə açılacaq.



Gördüyünüz kimi, bütün budaqlar bir-birinə çox yaxın olduğundan, bu ağacı anlamaq çətinidir.

“Düzen” bölməsinə keçin və ağacın enini tənzimləmək üçün “Ağaç Genişliyi” seçimini istifadə edin.





☒ Taxon Names

Layout

Tree Style

Toggle Scaling of the Tree

Auto-size Tree

Drag to Resize Tree

Root on Midpoint

Root on Outgroup

Tree Width

Tree Height

Subtree

☐ Branch Lengths

☒ Statistics/Frequency/Info

☒ Frequency ☐ Site Coverage ☐ Node IDs

Font

8 Font Size

Placement Below Branch

Distance From Node (Pixels)

Horizontal 5

Vertical 9

☐ Hide Values Lower Than 0 %

☒ Distance Scale

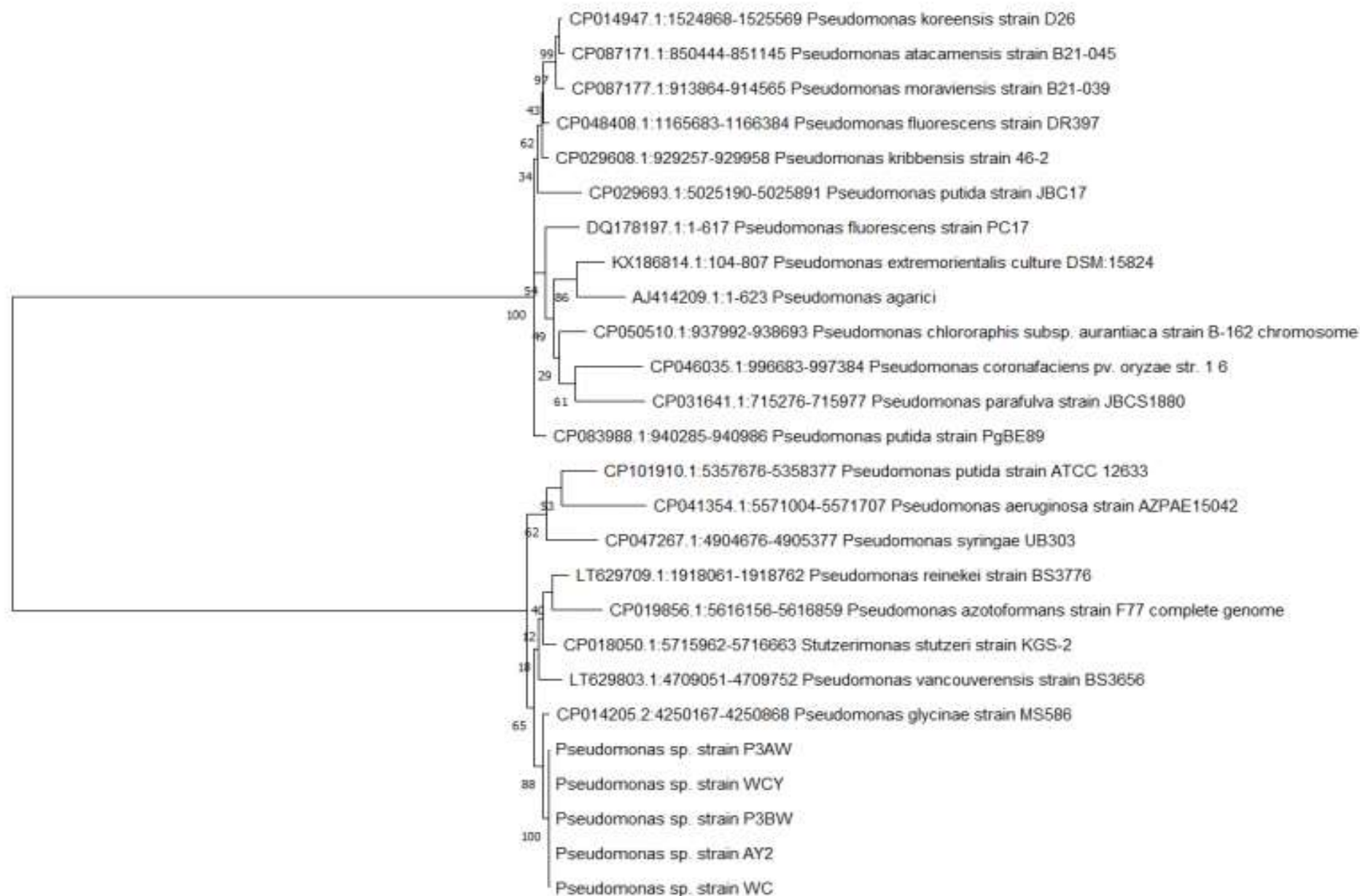
Line Width 1 pt

Caption

Font

8 Font Size

Original Tree Bootstrap consensus Tree



Əgər önyükləmə (bootstrap) üsulundan istifadə etmisinizsə, bu rəqəmləri budaqlarda görəcəksiniz.



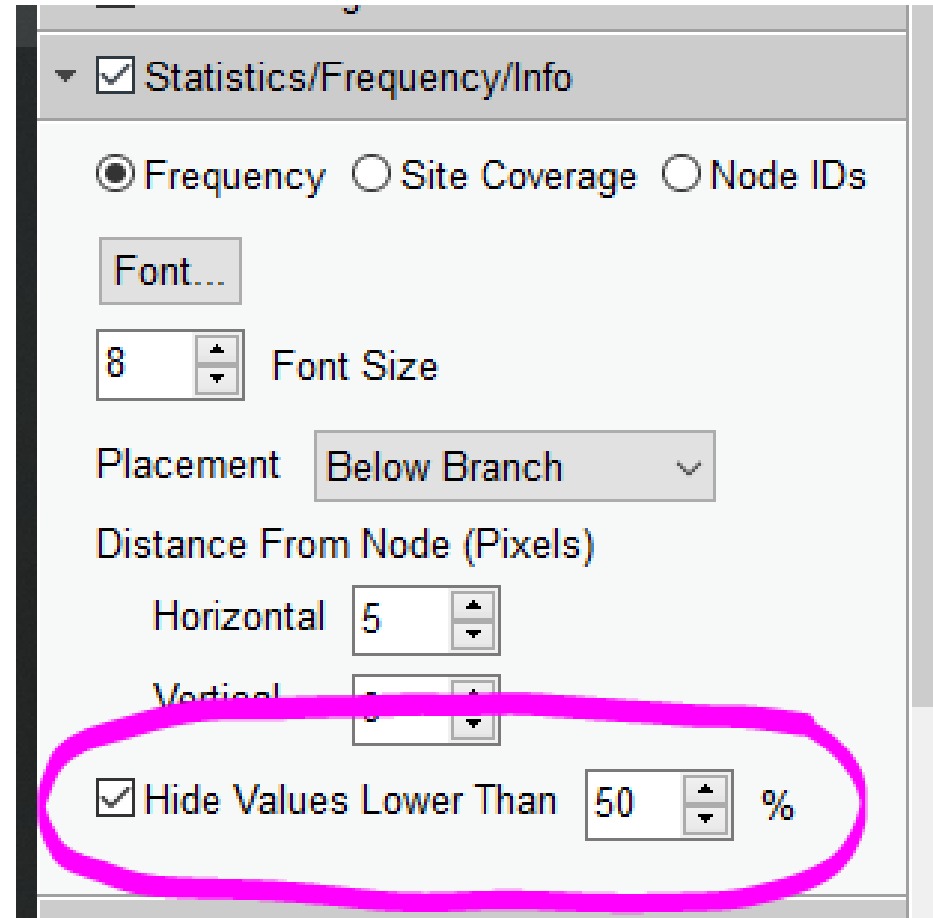
Bu rəqəmlər, həmin budaqların 1000 təkrarda (bootstrap replikasiyasında) bu mövqələrdə neçə faiz hallarda göründüyünü göstərir.

70-dən aşağı olan dəyərlər şübhəli sayılır, lakin bir çox elmi məqalələr yalnız 50-dən aşağı olan dəyərləri gizlədir.

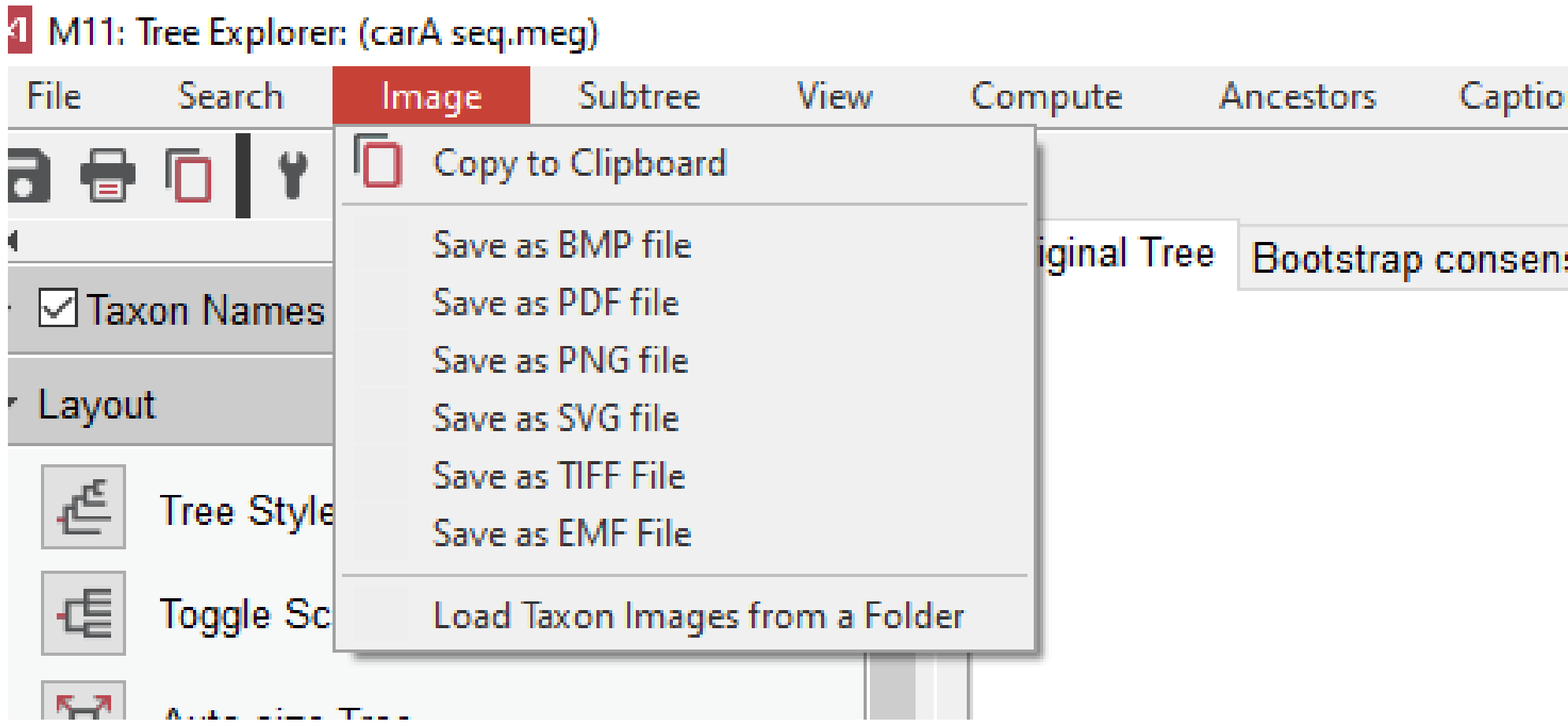
50-dən aşağı dəyərləri gizlətmək üçün aşağıdakıları edin:

“Statistika/Tezlik/Məlumat” bölməsinə keçin,

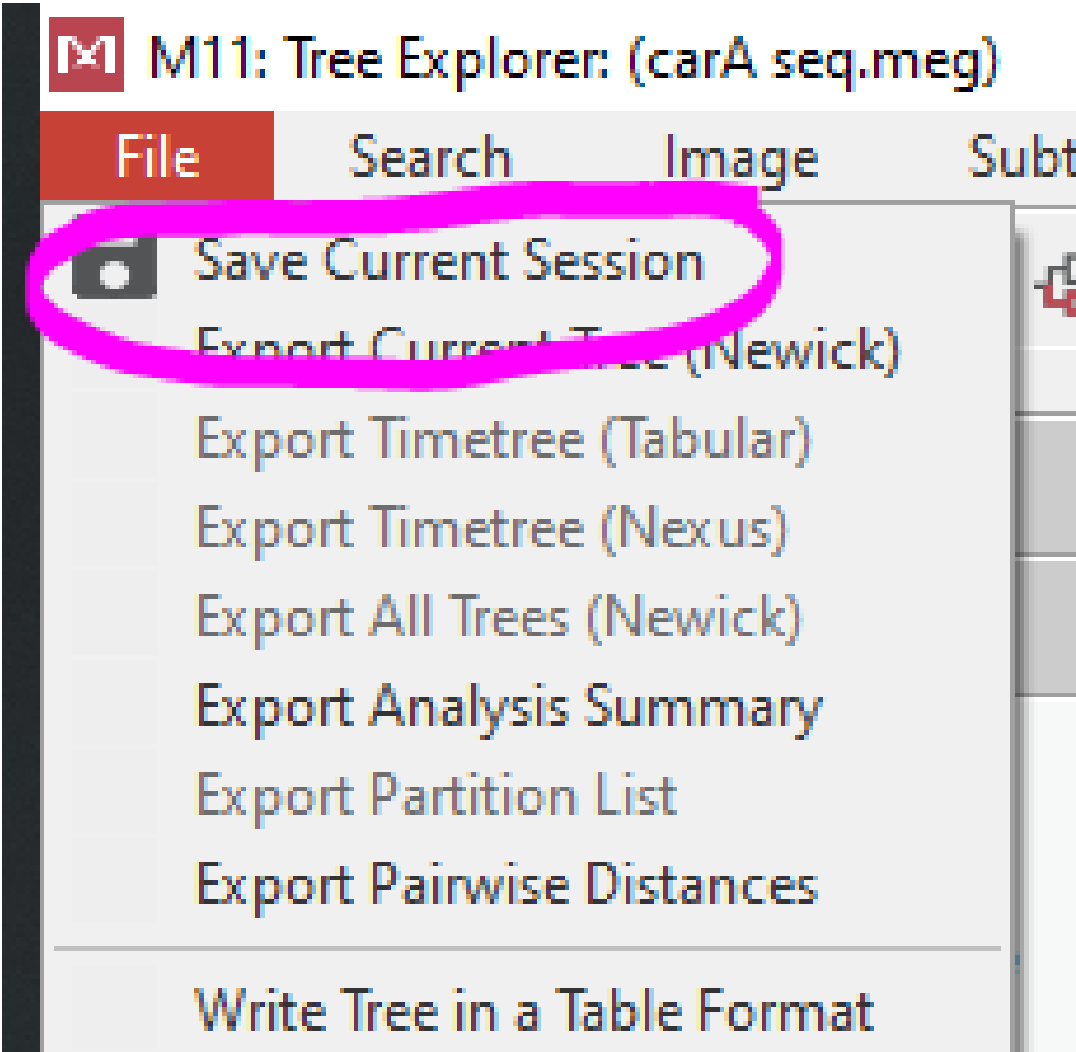
“__%’dən Aşağı Dəyərləri Gizlət” seçimini işarələyin və **50** rəqəmini daxil edin.



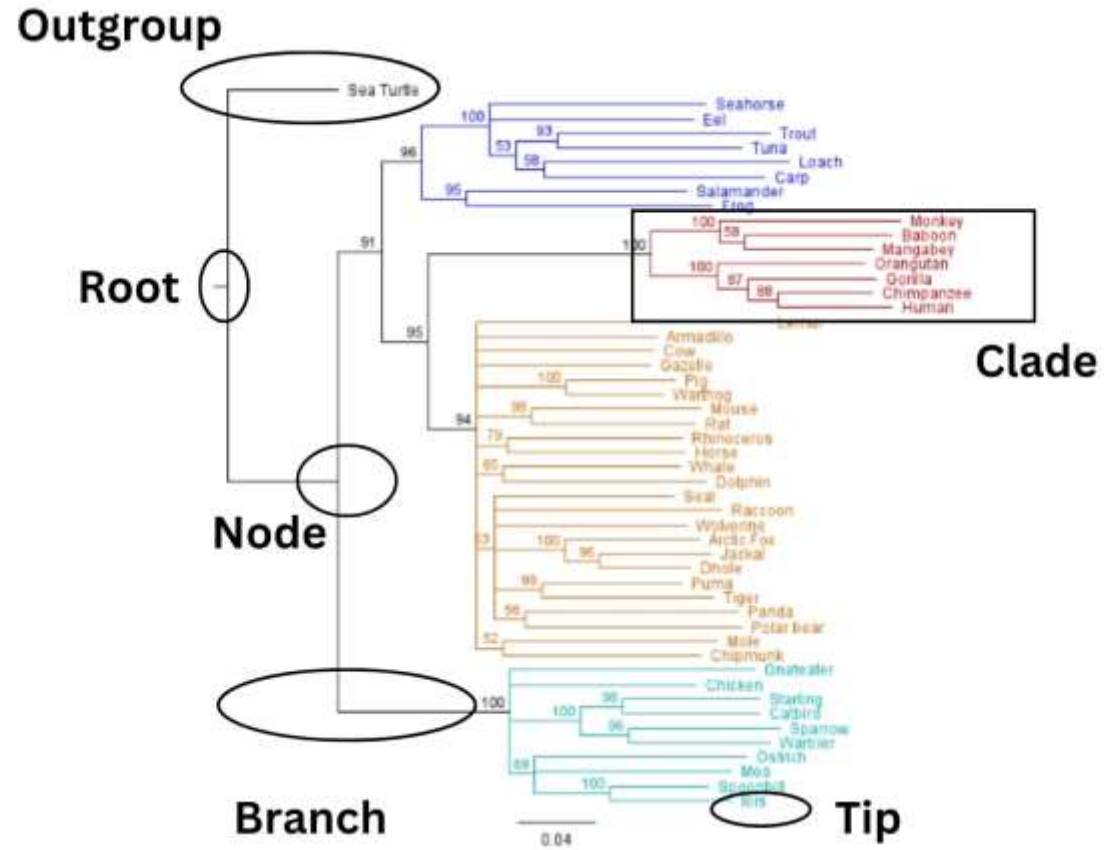
Ağacınızdan razı qaldıqda, “**Görüntü**” (Image/Display) bölməsinə keçin və istədiyiniz formatı seçin.



Həmçinin, ağacı MEGA11-in anlaya biləcəyi bir formatda (**.mas** və ya **.nwk** kimi) yadda saxlamaq istəyə bilərsiniz. Bu, sonradan geri qayıdıb ağacı yenidən yaratmaq üçün əlavə vaxt sərf etməyinizin qarşısını alacaq.



Filogenetik ağacın müxtəlif komponentləri.



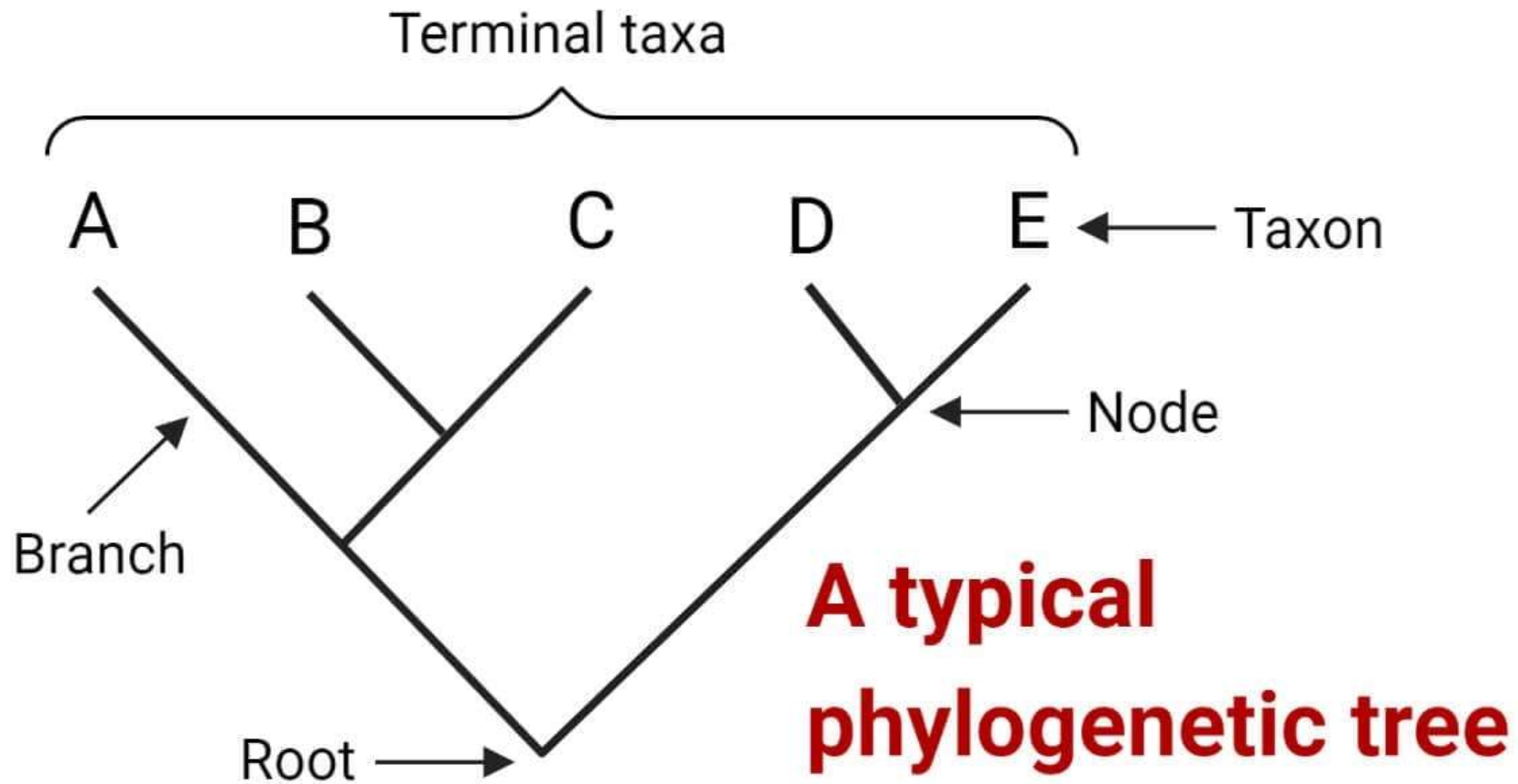
Filogenetik Ağacın Hissələri

Çox sayda olmasına baxmayaraq, filogenetik ağacların bir çox ortaq xüsusiyyətləri mövcuddur (Şəkil 2):

- **Topologiya:** Ağacın topologiyası, onun ümumi budaqlanma naxışını ifadə edir.
- **Budaq:** Budaq ümumi atasından gələn bir növü və ya qrupu təmsil edir.
- **Uç (Ucluq):** Budağın ucu bir növü, geni, taksonu və ya başqa bir vahidi göstərir.
- **Düyün:** Düyün, ondan ayrılan növlərin ümumi atasını simvollaşdırır.
- **Klad:** Klad ümumi bir atadan gələn və onun bütün törəmələrini əhatə edən qrupdur.
- **Kök:** Kök, ağacdakı bütün növlərin ümumi atasını göstərir.
- **Xarici Qrup (Dış Qrup):** Xarici qrup, ağacdakı digər bütün taksonlardan fərqlənən bir taksonu təmsil edir.

Filogenetika alimlərə aşağıdakı sahələrdə kömək edir:

- Növlərin təkamül tarixini anlamaq
- Növləri müəyyən etmək və təsnif etmək
- Bir xəstəliyin təkamülünü anlamaq
- Virusların necə təkamül keçirdiyini başa düşmək (məsələn, peyvənd hazırlanması üçün)



Filogenetik Ağaç Parçaları

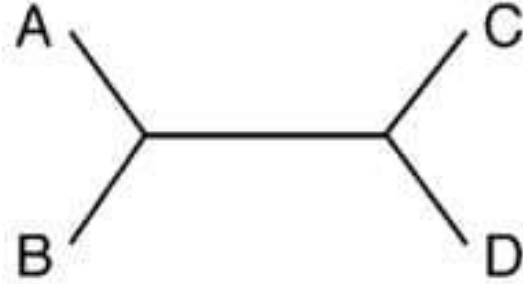
Filogenetik Ağac Növləri

Filogenetik ağacların bir neçə fərqli növü mövcuddur. Bunlar aşağıdakı şəkildə təsnif edilə bilər:

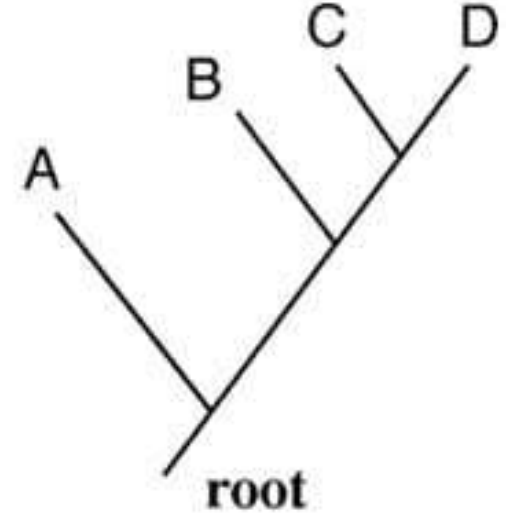
Ortaq bir kökün olub-olmamasına əsasən

Köklü ağaclar – ağacdakı bütün orqanizmlərin ortaq əcdadını təmsil edən müəyyən bir kök düyünə sahib olan ağaclardır.

Köklü və köksüz Filogenetik ağaclar



Unrooted

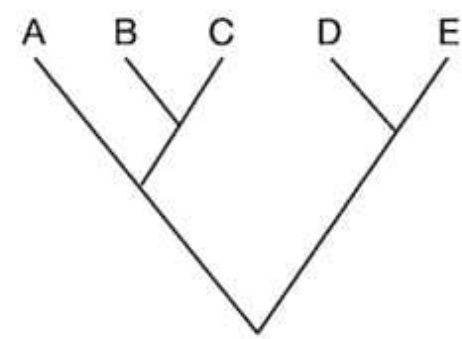


Rooted

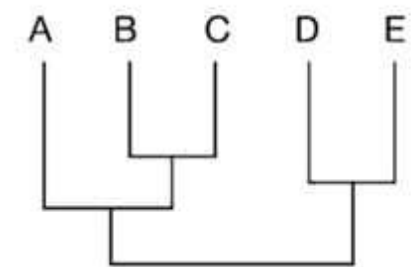
Topologiyaya əsasən

Kladogram – orqanizmlər arasındakı təkamül əlaqələrinin yalnız budaqlanma naxışını göstərən bir filogenetik ağac növüdür. Kladogramlar miqyaslandırılmamış olur, bu da budaq uzunluqlarının taksonlar və ya əməli taksonomik vahidlər (OTU’lar) arasındakı təkamül fərqliliyinin miqdarını əks etdirmədiyi anlamına gəlir.

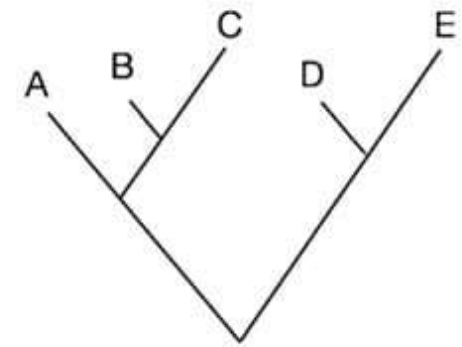
Filogram, həm budaqlanma naxışını, həm də təkamül sapmasının miqdarını göstərərək orqanizmlər arasındakı təkamül əlaqələrini təmsil edən filogenetik ağac növüdür. Filogramlar miqyaslıdır, yəni budaq uzunluqları təkamül sapmasının miqdarı ilə mütənasibdir.



Kladogram ve Filogram



Cladogram



Phylogram

Filogenetik ağac necə qurulur?

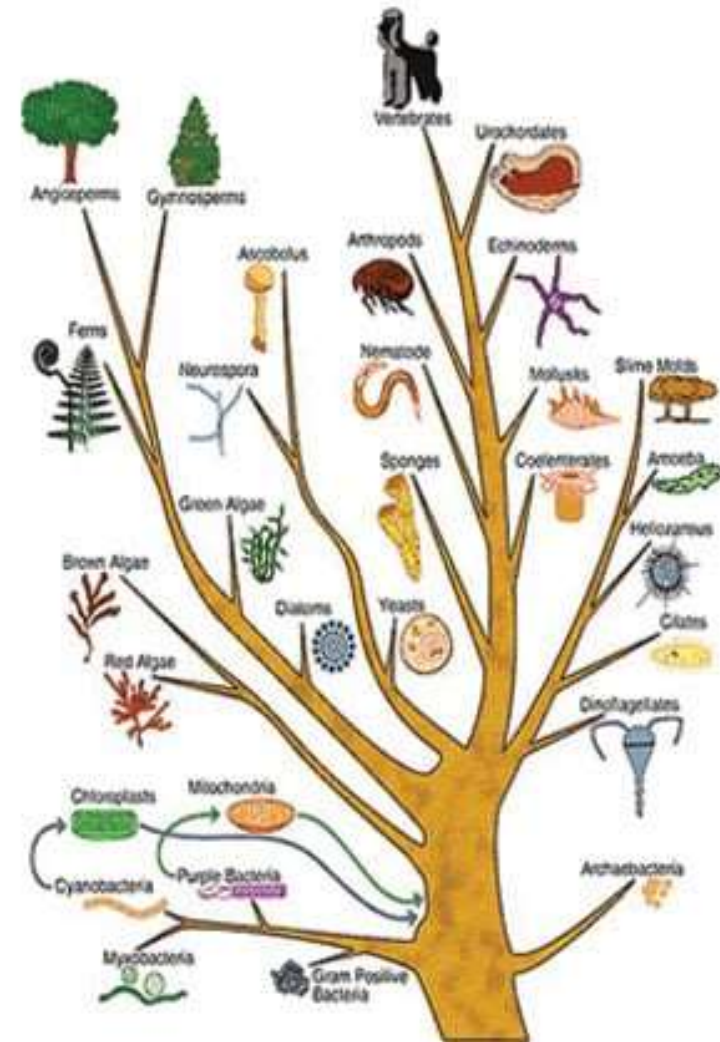
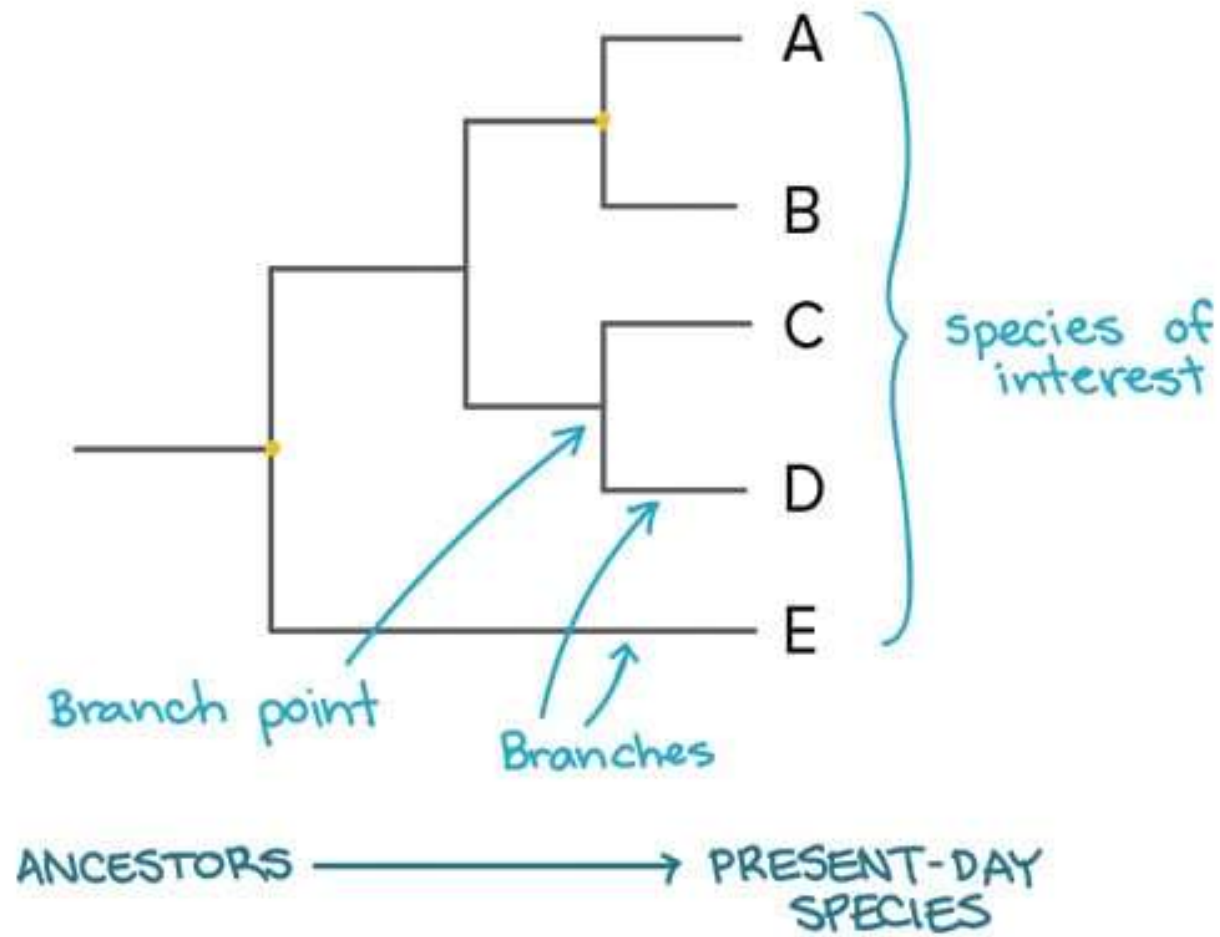
Filogenetik ağac, müxtəlif orqanizmlər arasındakı əlaqəni vizual şəkildə göstərən, ortaq əcdaldan fərqli nəsllərə qədər olan evrim zamanı keçmiş yolu əks etdirən bir təsviridir.

Dizgi hizalanması vasitəsilə aşkar olunan əlaqəli bioloji dizgilər arasındakı oxşarlıqlar və fərqliliklər tez-tez filogenetik ağacların kontekstində izah edilməli və vizuallaşdırılmalıdır. Buna görə də, molekulyar filogenetika biyoenformatikanın əsas sahələrindən biridir.

Molekulyar filogenetika, əsasən DNT dizgilərində genetik və irsi molekulyar fərqlilikləri analiz edən və orqanizmlərin evrim əlaqələri haqqında məlumat əldə edən filogeniyanın bir qoludur.

Canlı orqanizmlərdə bioloji funksiyalar və molekulyar mexanizmlərin oxşarlığı, növlərin ortaq əcdaldan törədiyini güclü şəkildə göstərir. Molekulyar filogenetika, molekulların quruluşu və funksiyasını, həmçinin onların zamanla necə dəyişdiyini istifadə edərək bu evrim əlaqələrini çıxarır.

Bu analizlərdən növlər arasındakı müxtəlifliyin necə meydana gəldiyi haqqında məlumat əldə etmək mümkündür. Molekulyar filogenetik analizlərin nəticəsi filogenetik ağac şəklində ifadə olunur.



Filogenetikada istifadə olunan əsas terminologiya

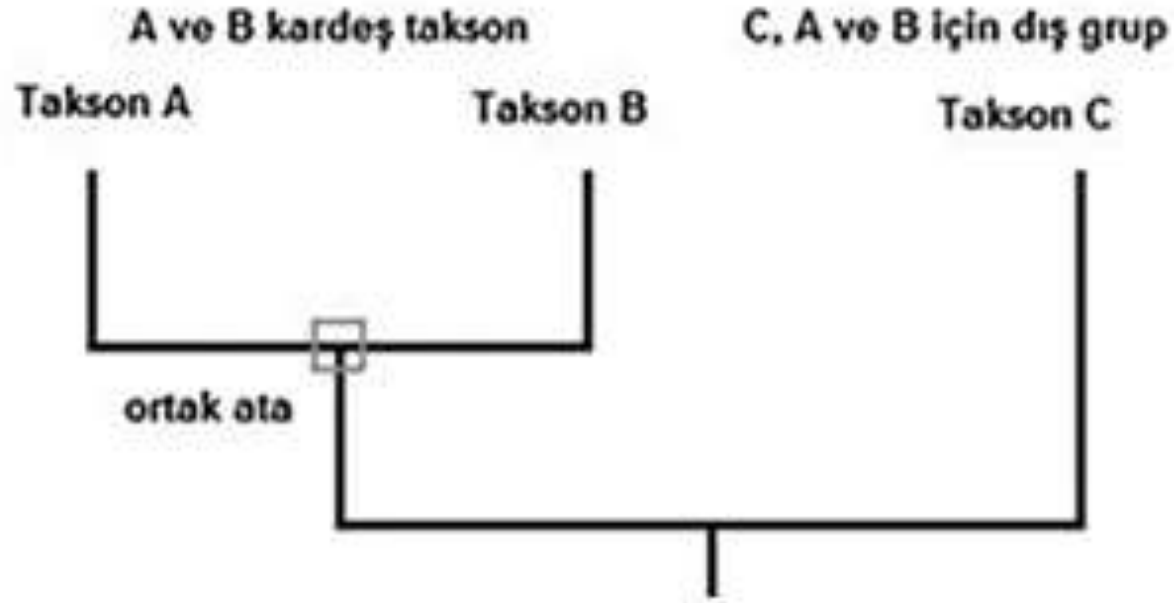
Takson

Canlıların təsnifatında, alemdən tüfə qədər bir iyerarxiya içində təşkil olunmuş vahidlərin (şöbə, sinif, dəstə, fəmiya, cins) hər birinə "takson" deyilir. Bir qrupa takson deyilməsi üçün müəyyən bir kateqoriyaya daxil ola biləcək qədər fərqləndirici xüsusiyyətlərə sahib olması lazımdır. Ən yüksək kateqoriyalarda yerləşən taksonlar, daha aşağıdakı taksonları özündə əhatə edən pillələr şəklində göstərilir. Filogenetik ağaclardakı budaqlanma nöqtələrində yerləşirlər.

Filogenetik ağacda ortaq bir atadan törəyən, bir-biri ilə yaxın əlaqəli taksonlara isə "qardaş taksonlar" deyilir.

Xarici Qrup (Dış Grup)

Filogenetik ağacda digər bütün taksonlardan təkamül prosesində açıq şəkildə ən erkən ayrılan taksona deyilir. Digər taksonlar, xarici qrupla müqayisədə bir-biri ilə daha yaxın əlaqəlidir. Buna görə də ağacın kökünə yaxın yerləşirlər.



Filogenetik ağac vahidləri

Klan

Ortaq bir atadan gələn takson qrupuna (növlər və ya populyasiyalar) “klan” və ya “monofiletik” deyilir. Bir monofiletik qrupdakı taksonların paylaşdığı bir ata, başqa heç bir takson tərəfindən paylaşılır. Buna görə də “tək köklülük” olaraq da bilinirlər.

Polifiletik və Parafiletik Qrup

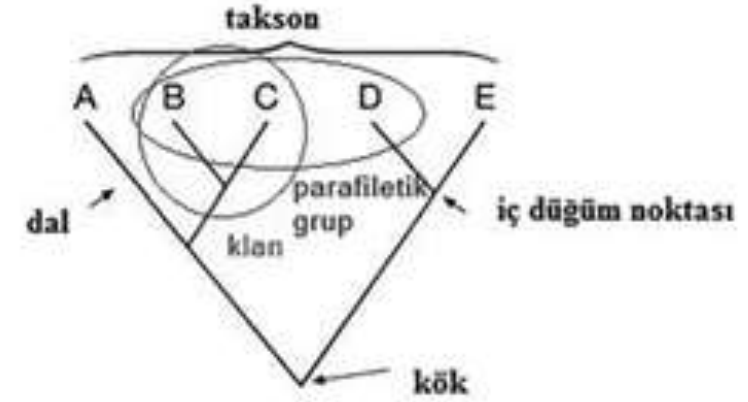
Bir neçə atadan ibarət olan növlərə “polifiletik qrup” və ya “çox köklülük” deyilir. Ortak atan bütün törəmələrini daxil etməyən bəzi qruplara isə “parafiletik qrup” deyilir.

Soy

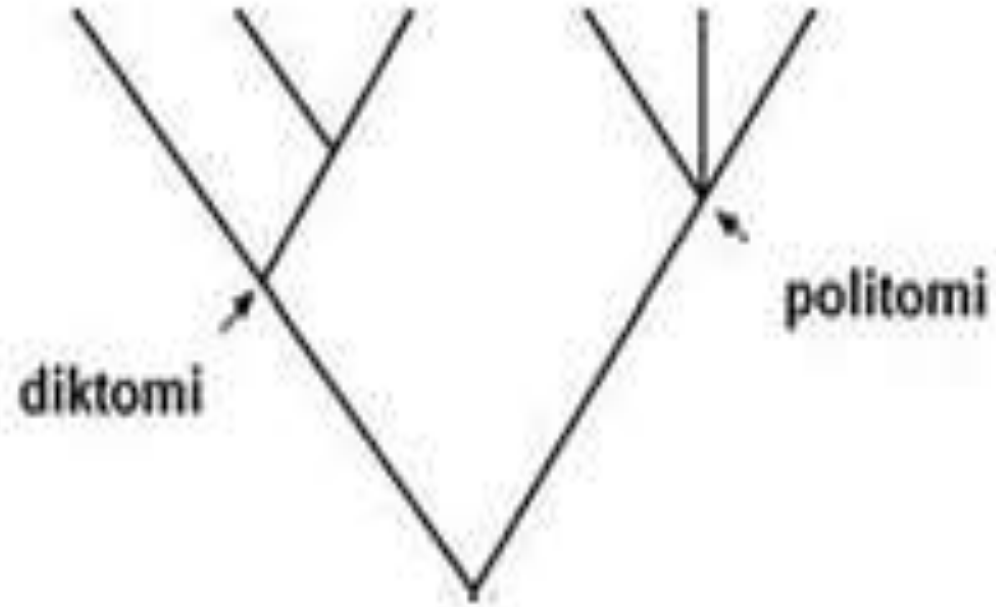
Filogenetik ağacda ata-torun əlaqəsini təyin edən və monofiletik qrupa gedən budağa “soy” deyilir.

Düyün Nöqtəsi

Filogenetik ağacda qonşu iki taksonun kəsişdiyi nöqtədir. Hər bir düyün taksonomik vahiddir. Onlar həmçinin “hipotetik taksonlar” və ya “çatallanma nöqtəsi” kimi də adlandırılır.



Dikotomi və Poliotomi filogenetik ağacın budaqlanma modelinə və ya naxışına deyilir. Bu model ayrı iki əsas budaq üzərində yarandıqda “dikotomi”; tək bir düyün nöqtəsindən yaranan ikidən çox əsas budaq üzərində yarandıqda isə “poliotomi” adlanır.



Dendrogram, Kladogram və Filogram

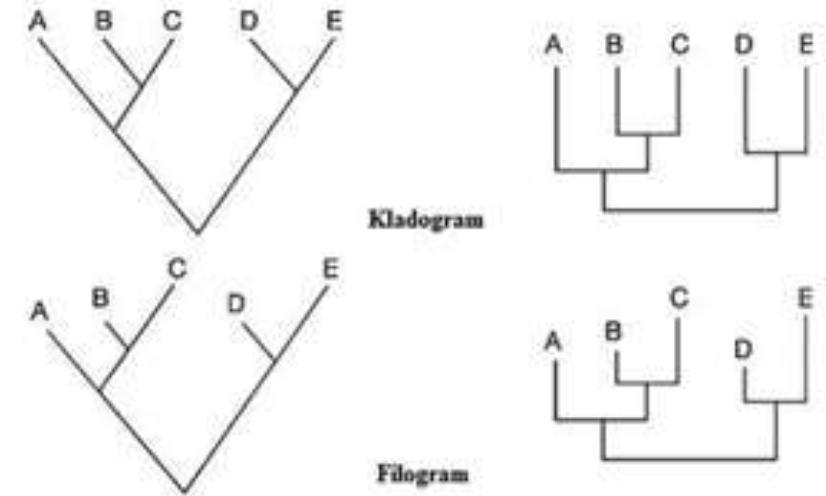
Filogenetik ağaclarda taksonlar arasındakı əlaqələr təsvir edilir.

Bu təsvir dendrogram, kladogram və filogram kimi fərqli yollarla edilə bilər.

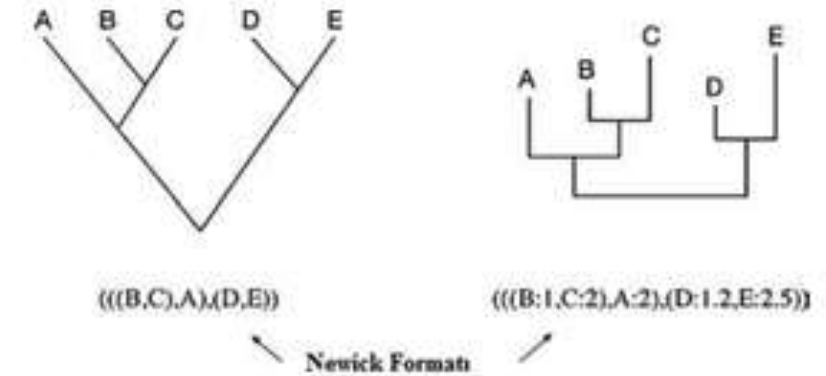
“Dendrogram” yunan dilində “ağac” (dendro) və “çizim” (gramma) sözlərindən yaranmışdır. Kümeleme və hiyerarşik ardıcılıq əsasında verilənləri bir araya gətirən ən əsas təsvir formasıdır. Öbek ağacı kimi də tanınır.

“Kladogram” isə budaq uzunluqlarının önəmli olmadığı filogenetik ağac şəkilləridir. Buna görə budaq uzunluqları fərqli deyil və evolyusiya yaxınlığı üçün heç bir məna daşımır.

“Filogram” isə budaq uzunluqlarının önəmli olduğu filogenetik ağac şəkilləridir. Budaq uzunluqları ilə evolyusiya məsafələrinin doğru nisbətdə ifadə olunduğu təsvir formasıdır.



Şəkil 8. Kladogram və Filogram



Şəkil 9. Newick formatı.

İnsan və Simian İmmun çatışmazlıq Virusları (HIV və SIV)

Qazanılmış İmmun çatışmazlıq Sindromuna (AIDS) səbəb olan **HİV virusları**, meymun və insanabənzər primatlarda rast gəlinən **simian immun çatışmazlıq virusları (SIV)** ilə yaxından əlaqəlidir. Bu və digər oxşar viruslar **ret-roviruslar** kateqoriyasına daxildir. Retroviruslar **RNT genomu** daşıyır və bu genom, ev sahibinin hüceyrəsinə daxil olduqdan sonra **əks transkripsiya** yolu ilə **DNT-yə çevrilir** və ev sahibi hüceyrənin genomuna **birdəşdirilir**. Bu birdəşdirilmiş virus genomuna **provvirus** deyilir. Biz proviral DNT ardıcılıqlarına baxacağıq.

HİV viruslarının mənşəyi ilk dəfə 1980-ci illərdə bu viruslar aşkarlandıqda **sirli** idi. İki əsas HİV növü mövcuddur: **HİV tip 1 (HİV-1)** və **HİV tip 2 (HİV-2)**. HİV-1 daha geniş yayılıb və HİV-2 ilə müqayisədə **daha ağır xəstəliklərə** səbəb olur. Eyni zamanda, HİV-1-in **genetik müxtəlifliyi** də HİV-2-dən daha çoxdur.

Məlumat dəsti haqqında

Bizim istifadə etdiyimiz ardıcılıqlar, müxtəlif **Afrika primat növlərindən** götürülmüş və **fərqli SIV virusları ilə yoluxmuş** nümunələrdir. Həmçinin, **Afrikadan olmayan üç Asiya mənşəli primat növü** də var ki, bu heyvanlar **nəzarət şəraitində (laboratoriyada və ya zooparkda) SIV virusları ilə yoluxdurulmuşdur**. Bu növlər bunlardır:

- Donuzquyruqlu makak** (pig-tailed macaque)
- Rezus makak** (rhesus macaque)
- Qısaquyruqlu makak** (stump-tailed macaque)

Bu primat növlərindən əldə olunan bütün SIV virusları, **şəkillərlə birlikdə verilmiş üçhərflili kodlarla** adlandırılır.

Məsələn, **səcdəçi manqabe** (sooty mangabey) primatından alınan SIV virusu **SIVSMM** adlanır və **ardıcılıqda və ya filogenetik ağacda** bu **SIV-SMM** şəklində göstərilir.

Çoxsaylı Ardıcılıqların Aliniyası (Multiple Sequences Alignment)

Filogenetik ağac qurulmazdan əvvəl, ardıcılıqların **aliniyası (yeni düzülməsi və uyğunlaşdırılması)** aparılmalıdır. Ardıcılığın uyğunlaşdırılmasının məqsədi, **ardıcılıqlar arasındakı oxşarlığı maksimuma çatdırmaqdır**. Bu zaman **zərurət olduqda boşluqlar (gaps) əlavə edilə bilər** ki, ümumi uyğunluq yaxşılaşdırılsın.

Çoxlu ardıcılıq uyğunlaşdırması üçün istifadə olunan alqoritmlər, **hər bir mövqe üçün uyğunluqlara və uyğunsuzluqlara bal (skor) verən sistemlərdən** istifadə edir və **boşluqlar cəza xalı ilə qiymətləndirilir**. Bir ardıcılıqda boşluq əlavə etmək, ətrafdakı bazaların uyğunluğunu artıraraq **ümumi uyğunlaşdırma skorunu** yüksəldə bilər. Buna görə də, **boşluq açma və genişləndirmə cəzası** ilə uyğunluq/uyğunsuzluq skorları arasında bir tarazlıq qurulur.

Biz HIV-1, HIV-2 və müxtəlif SIV-lərə aid 62 env gen ardıcılığını uyğunlaşdıracağıq. SIV ardıcılıqları **Afrika və qeyri-Afrika mənşəli müxtəlif primat növlərindən** götürülmüşdür.

Env geni bütün retroviruslarda mövcuddur. Bu gen, **virionun səthində yerləşən və virusun ev sahibi hüceyrənin səth reseptorları ilə qarşılıqlı təsir göstərən iki glikoproteini** kodlayır.

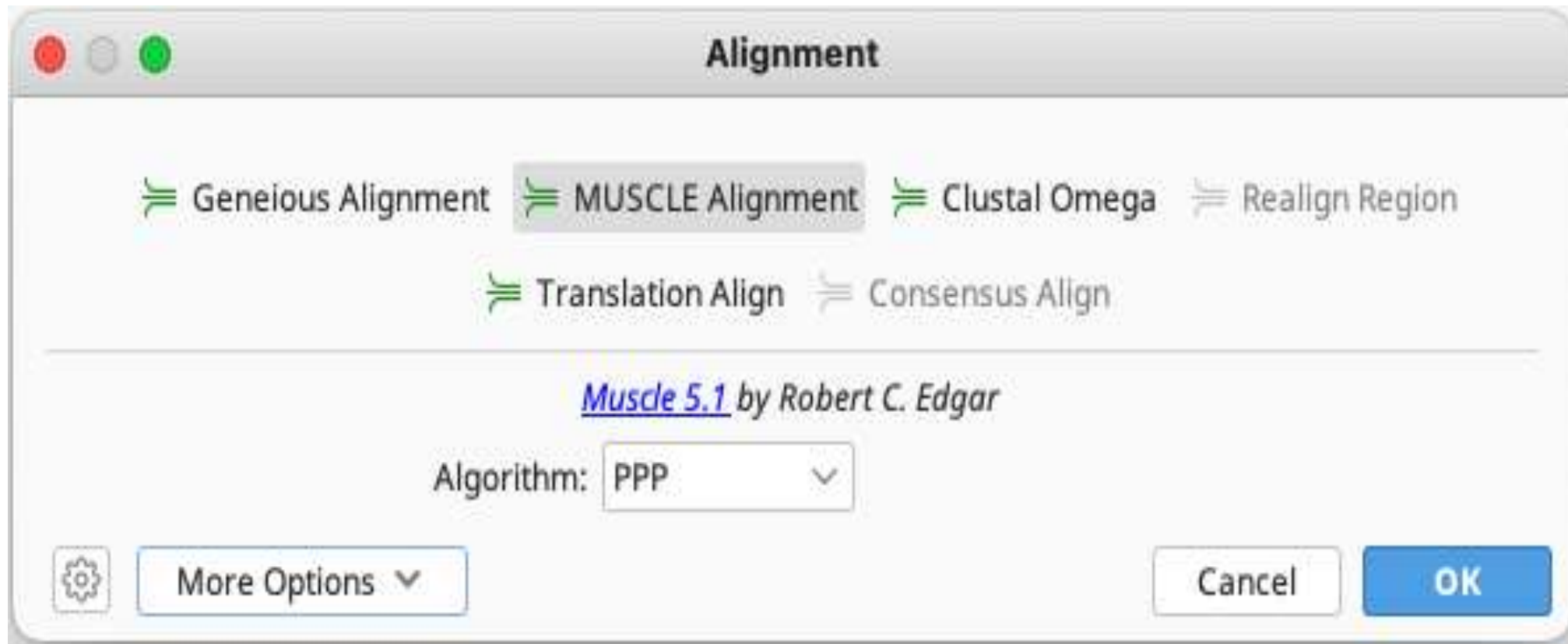
'HIV_sequences' üzərinə klikləyərək ardıcılıqları görə bilərsiniz.

Ardıcılıqlar belə adlandırılıb: əvvəlcə **virus tipi**; sonra SIV-lər üçün **primat növünün adı adı**, HIV-1 və HIV-2 üçün isə **grup və ya subtip**; sonda isə **giriş nömrəsi (accession number)** göstərilib.

Bu ardıcılıqları uyğunlaşdırmaq üçün **Align/Assemble → Multiple Align** bölməsinə keçin. **Geneious proqramında** üç fərqli uyğunlaşdırma algoritmi mövcuddur (**Geneious aligner**, **MUSCLE** və **Clustal Omega**) və əlavə olaraq **MAFFT aligner** üçün plugin də mümkündür.

Bu nümunədə **orta ölçülü məlumat dəsti** üçün uyğun olan **MUSCLE aligner** istifadə ediləcək.

Uyğunlaşdırma seçimlərindən **MUSCLE aligner**-i seçin. **Default (ilkin) parametrlərdən** istifadə ediləcək, buna görə də, **pəncərənin sol aşağı küncündəki dişli təkərə (settings cog) klikləyib "Reset to defaults"** seçin (əgər boz rəngdədirsə, artıq ilkin parametrlər təyin olunub deməkdir). Əlavə parametrləri görmək istəsəniz, **"More**



Uyğunlaşdırma tamamlandıqdan sonra, üzərinə klikləyərək onu görüntüləyin və bazaları daha yaxından görmək üçün **böyüdün (zoom in)**. Qeyd edin ki, **çoxlu sayda böyük boşluqlar (gaps)** mövcuddur – bu, **fərqli növlərdə sürətlə təkamül edən bir genin uyğunlaşdırmasına** xas olan bir xüsusiyyətdir.

Filogenetik Ağacın Qurulması

Biz **Neighbor-Joining** (Qonşuluq Birləşdirmə) ağac qurma metodu və **Tamura-Nei** modeli istifadə edərək bir filogenetik ağac quracağıq.

Təkamül modelləri hər bir nukleotidin gözlənilən tezliyini və nukleotidlər arasında dəyişmə sürətlərini təsvir edir. **Tamura-Nei modeli**, hər bir bazanın fərqli tarazlıq tezliyinə sahib olduğunu fərz edir və keçidlər (transitions) və dəyişmələr (transversions) arasında fərqli sürətlə baş verməsinə icazə verir. Bu model, iki fərqli keçid növünün ($A \leftrightarrow G$ və $C \leftrightarrow T$) fərqli sürətlə baş verməsini də nəzərə alır.

Bu model **HIV ardıcılıqlarını təhlil edərkən çox faydalıdır**, çünki HIV-də **host fermenti (APOBEC3G)** tərəfindən törədilən **G-dən A-ya hiper-mutasiya** müşahidə olunur.

Bu ardıcılıqlar ümumiyyətlə saat kimi sabit sürətlə təkamül etmədiyi üçün **Neighbor-Joining** metodu istifadə olunacaq.

İcra qaydası:

1.Daha əvvəl yaratdığımız **uyğunlaşdırmanı (alignment)** seçirik.

2.Tree (Ağac) düyməsinə klikləyin və **Geneious Tree Builder** seçin.

3.Əvvəlcə **parametrlərin defolt** olduğuna əmin olun (Reset to Defaults düyməsinə klikləyin).

4.Genetik məsafə modeli olaraq **Tamura-Nei,**

Ağac qurma metodu olaraq isə **Neighbor-Joining** seçin.

5.Outgroup kimi **"SIV-MON; Mona monkey; AY340701"** seçin. Bu ardıcillıq ağacın köklənməsi üçün istifadə olunacaq.

Dəstəkləyici dəyərləri hesablamaq üçün bootstrapping tətbiq edin:

- Resample tree** qutusunu işarələyin.

- Resampling method** bölməsindən **Bootstrap** seçin.

- Təkrar sayı (replicates)** olaraq **100** yazın.

- Dəstək həddi (support threshold)** olaraq isə **0** yazın.

Ağac qurma seçimləriniz bu mərhələdə təxminən aşağıdakı kimi görünməlidir.

OK (Təsdiqlə) düyməsinə
klikləyərək ağacın qurulmasına
başlayın.

Ağac qurma prosesi tamamlandıqdan
sonra, **Geneious** proqramında ağac
sənədi sənədlər cədvəlində
(document table) görünəcək və
avtomatik olaraq açılacaq.

Tree

Geneious Tree Builder Consensus Tree Builder

☐ Exclude masked sites: ?

Genetic Distance Model: Tamura-Nei

Tree Build Method: Neighbor-Joining

Outgroup: SIV-MON; Mona monkey; AY340701

Pairwise distances will be obtained from the multiple sequence alignment.
This may reduce accuracy slightly but will produce results faster.

Consensus Tree Options

☒ Resample tree

Resampling Method: Bootstrap

Random Seed: 422,503

Number of Replicates: 100

☒ Create Consensus Tree

☐ Sort Topologies

Support Threshold %: 0

Topology Threshold %: 0

☐ Save raw trees

Cancel OK

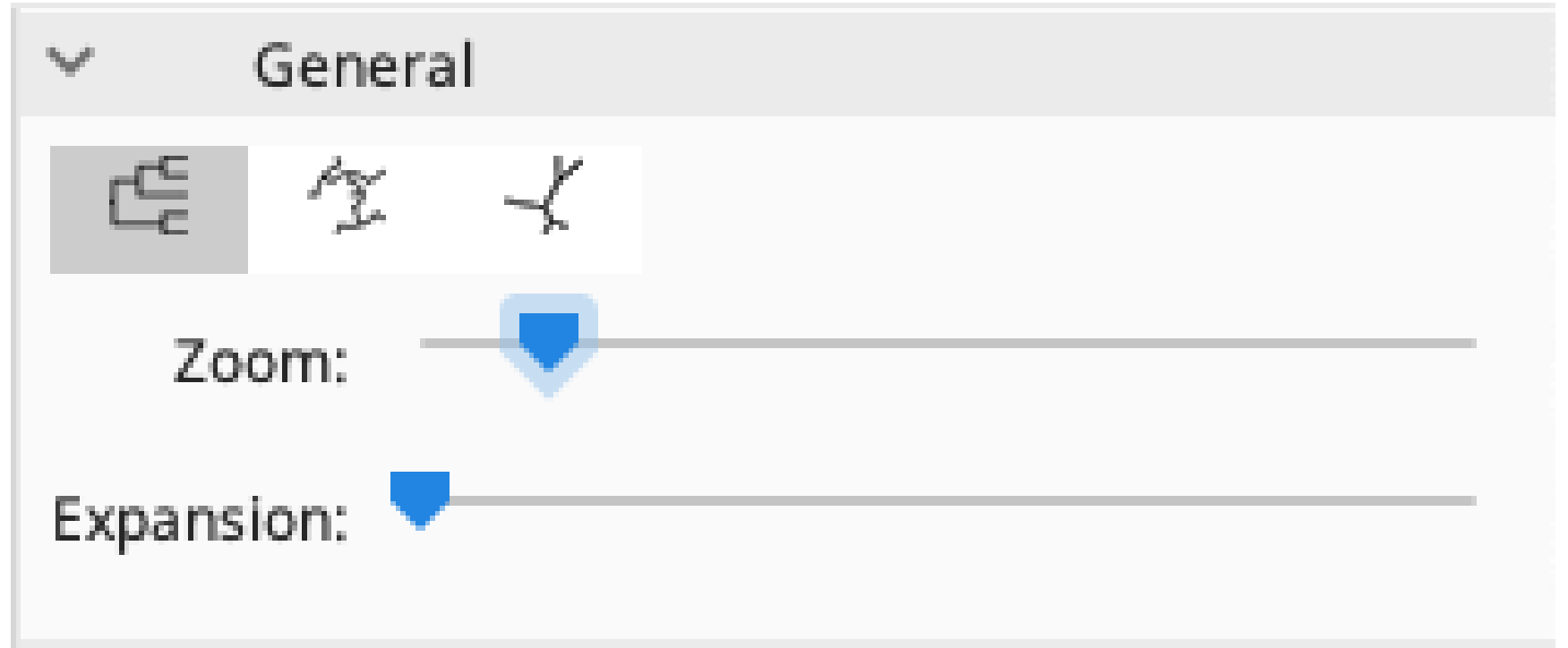
Filogenetik Ağaclara Baxmaq və Onları İdarə Etmək

Filogenetik ağac — təkamül əlaqələrini göstərən budaqlanan bir diaqramdır. Bu ağac, orqanizmlər qrupunun daxilində baş verən təkamül ayrılımalarının ardıcılığı haqqında məlumat ehtiva edir və beləliklə, həmin orqanizmlər arasındakı əlaqələri göstərir. Eyni zamanda, iki budaqlanma hadisəsi arasında baş vermiş təkamül dəyişikliyinə miqdarı haqqında da məlumat verə bilər.

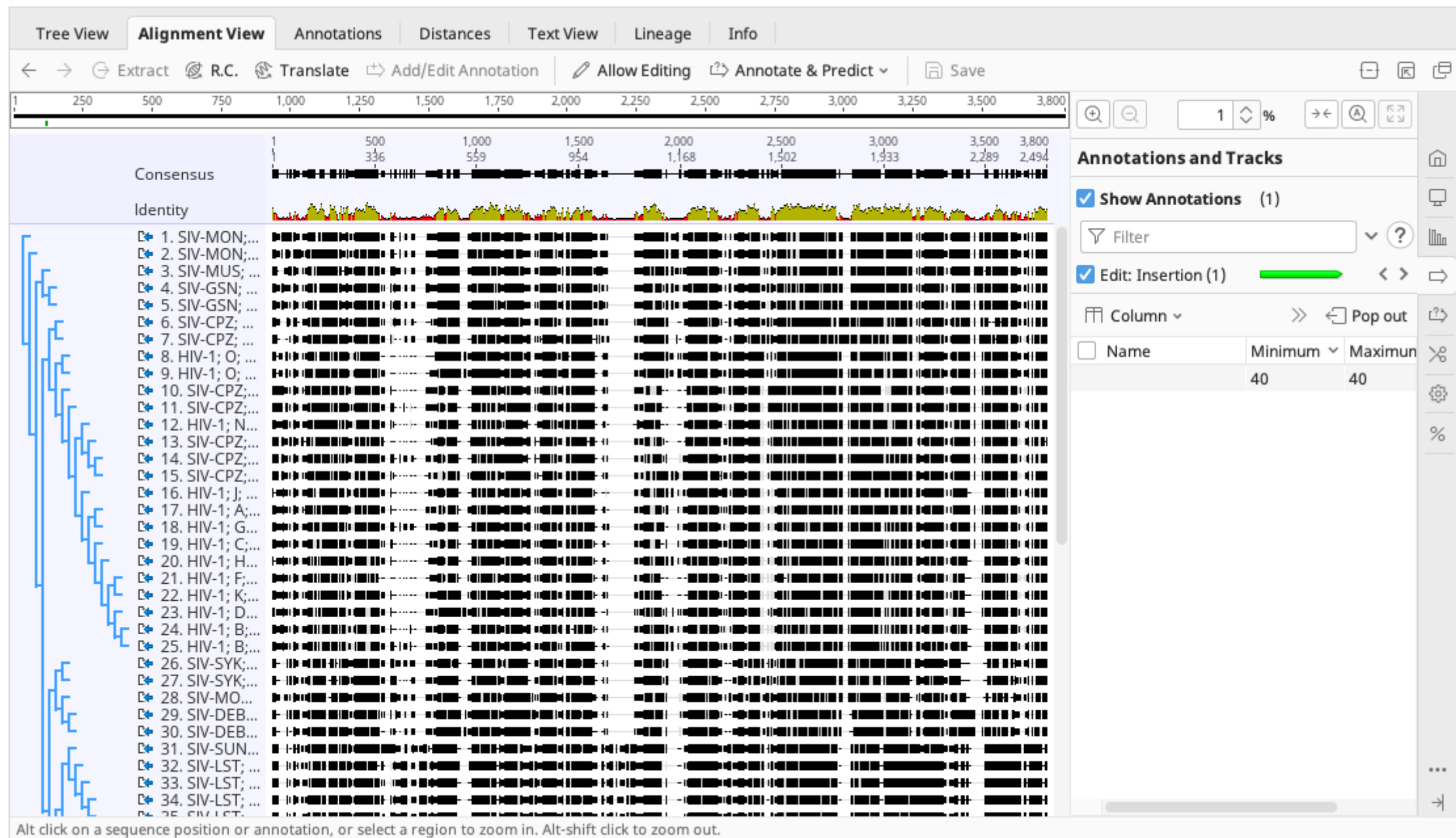
Ağacdakı xətlərə **budaqlar (branches)**, bu xətlərin kəsişmə nöqtələrinə isə **qovşaqlar (nodes)** deyilir. Bir **qovşaq**, ağacda bir budaqlanma hadisəsini təmsil edir. Ağacın budaqlanma düzülüşünə **topologiya (topology)** deyilir. Topologiya, orqanizmlərin bir-biri ilə necə əlaqəli olduğunu göstərir.

Ekranınızın ölçüsündən və ağacın böyüklüyündən asılı olaraq, bütün ardıcılıq adlarının ağac üzərində göstərilməsi fiziki olaraq mümkün olmaya bilər. Bu səbəbdən **Geneious** proqramı yalnız bəzi ardıcılıq adlarını göstərəcəkdir.

- Ağacı **böyütmək** üçün, ağac görünüşünün sağ tərəfindəki paneldə “General” bölməsinin altındakı **Zoom (Böyütmə)** sürgüsündən istifadə edin.
- Ağac budaqları arasındakı məsafəni **genişləndirmək** üçün **Expansion (Genişlətmə)** sürgüsündən istifadə edin. Budaqlar arasındakı məsafə artdıqca, daha çox ardıcılıq adı ağac üzərində görünəcəkdir.

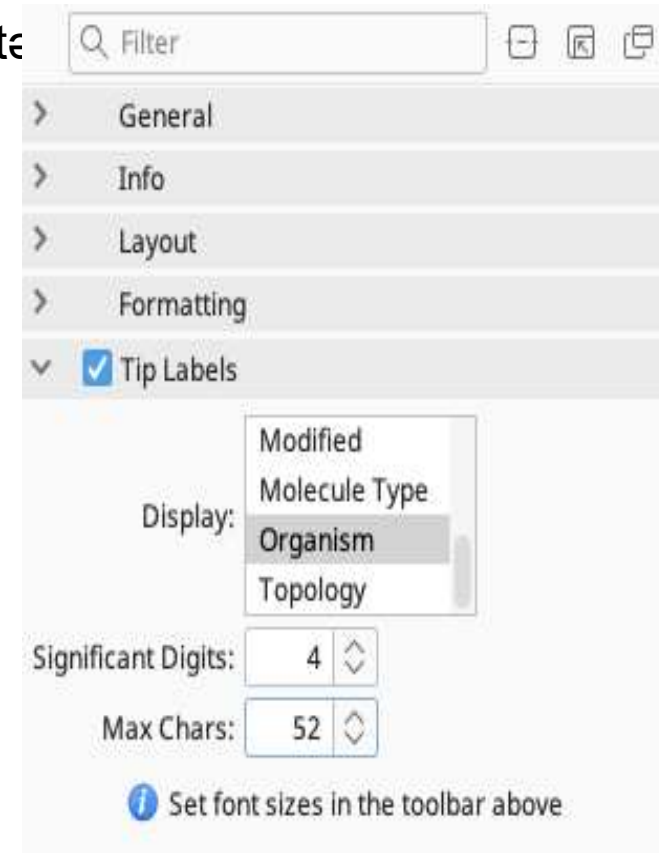


Bu ağac **Geneious** proqramında uyğunlaşdırma (alignment) istifadə edilərək yaradıldığı üçün, uyğunlaşdırma ağaca əlavə olunub. **Uyğunlaşdırmanı görmək** üçün “**Alignment View**” (Uyğunlaşdırma Görünüşü) sekmesine klikləyin.



Uyğunlaşdırmadaki ardıcılıqlar ağacın topologiyasına uyğun şəkildə sıralanıb. Ardıcılıq adlarının sol tərəfində ağacın topologiyasını görə bilərsiniz (əgər böyük ağaclarla işləyirsinizsə, bu görünməyə bilər). Uyğunlaşdırmada “**SIV-MON; Mona monkey; AY340701**” ardıcılığını seçin və sonra “**Tree View**” (Ağac Görünüşü) sekmesine qayıdın. Bu zaman həmin ardıcılıq ağacda da seçilmiş olacaq.

Bu uyğunlaşdırma və ağacın yaradılmasında istifadə edilən ardıcılıqlarla bağlı əlavə meta-məlumatlar mövcuddur (bu məlumatlar ayrı-ayrı ardıcılıq sənədlərinin “**Info**” sekmesindəki “**Properties**” sahəsində yerləşir). Bu məlumatlar ağacın uclarında göstərilə bilər. Ağacın uclarında orqanizmi göstərməyi seçmək üçün “**Show Tip Labels**” bölməsində “**Display**” yanındakı qutudan “**Organism**” seçin.

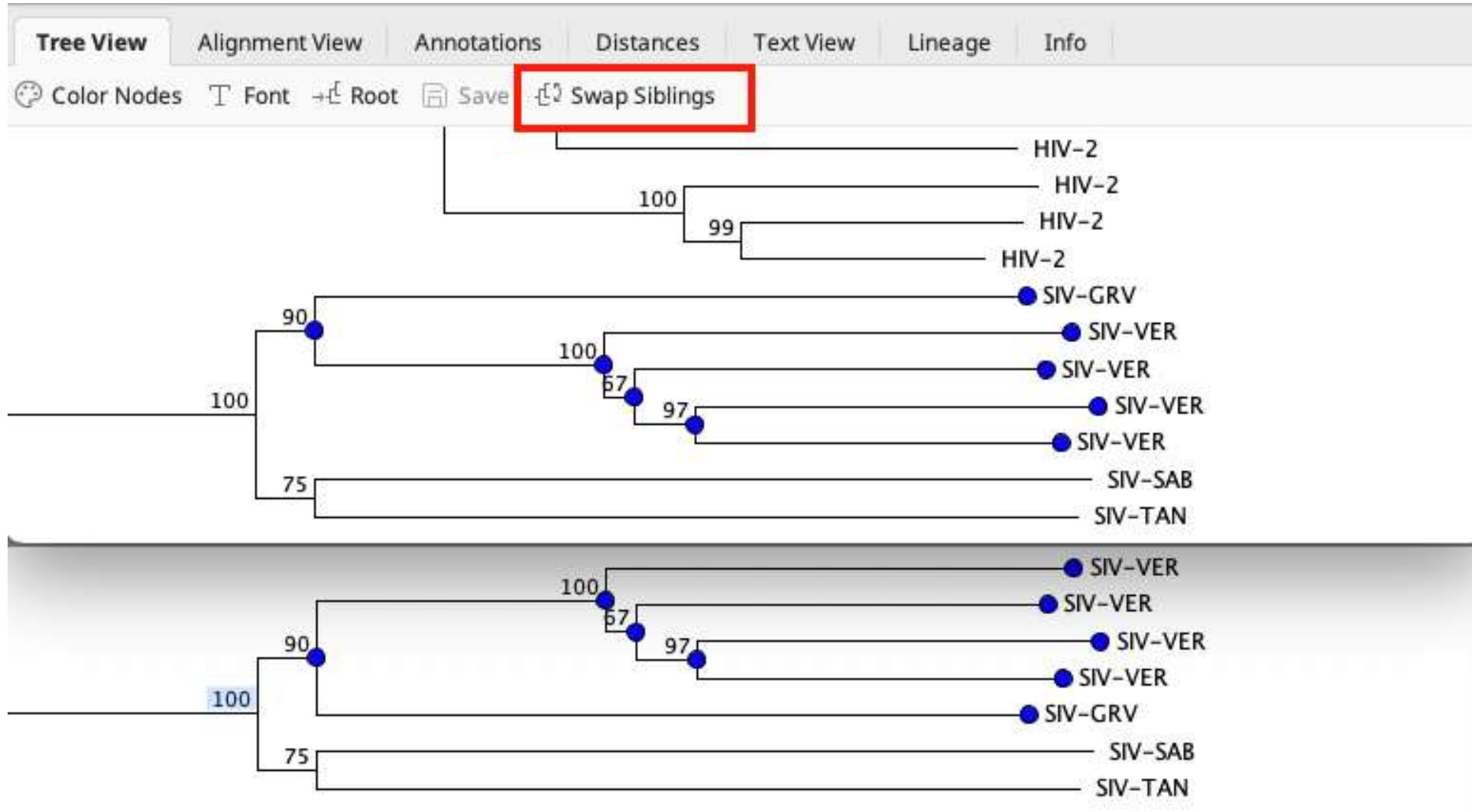


Orqanizm və sahib orqanizmi göstərmək üçün, **Ctrl** düyməsini (Windows-da) və ya **Cmd** düyməsini (Mac-də) basılı saxlayaraq “**Organism**” və “**Host Organism**” seçimlərini eyni anda seçin. Ağacın uclarında orqanizm və sahib orqanizm vergüllə ayrılmış şəkildə göstəriləcək. Ardıcılıq adlarını ağacda göstərmək üçün “**Names**” seçimindən istifadə edin.

Necə ki bir cümlə fərqli şriftlərlə və ya fərqli mürəkkəb rəngləri ilə yazıla bilər və mənası dəyişməz, eyni şəkildə fylogenetik ağaclar da fərqli formalarda və istiqamətlərdə təqdim oluna bilər. Ağacın görünüşü dəyişsə də, ondakı məlumat dəyişmir. Məsələn, ağacın görünüşünü budaq qruplarını fırladaraq dəyişmək olar. Budanma nöqtələrini fırlatmaq üçün ağacda bir **daxili node** (budaqlanma nöqtəsi) seçin və pəncərənin yuxarısında yerləşən **Swap Siblings** (Qardaş budaqları dəyiş) düyməsini klikləyin. Bu, həmin alt-ağacdakı budaqları fırladacaq; lakin bu fırlatma dərəcədə oxşarlıq və ya qohumluğu dəyişdirmir. Ağacda iki adın bir-birinə yaxın yerləşməsi onların yaxın qohum olduqları anlamına gəlir.

Bunu yaratdığınız ağacda sınayın: **Grivet monkey** və **dörd Vervet monkey** ardıcılığını ehtiva edən node-u seçin və **Swap Siblings** düyməsini klikləyin.

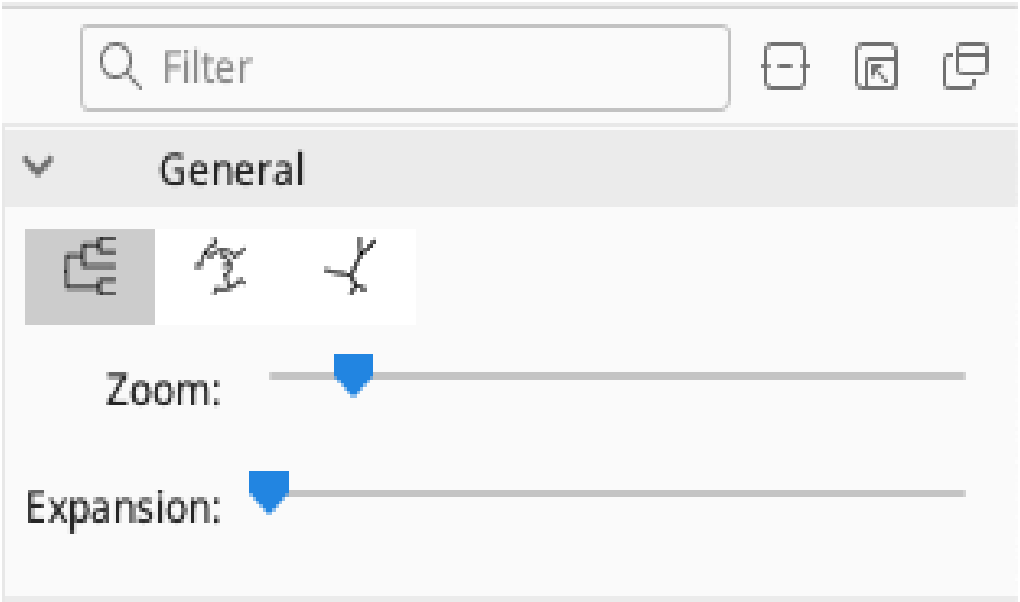
Bu nümunələrin ağacdakı sıralanması dəyişəcək, lakin Grivet meymunu nümunəsi ilə dörd Vervet meymunu nümunələri arasındakı əlaqə dəyişməyib.



Filogenetik Ağac Növlərinin Təyini

Köklü Ağaclar

Ağaclar köklü və ya köksüz ola bilər. HIV ağacını köksüz ağac kimi görmək üçün, ağac görünüşünün sağ tərəfindəki paneldə “General” seçimləri altında olan köksüz görünüşlərdən birini seçin.

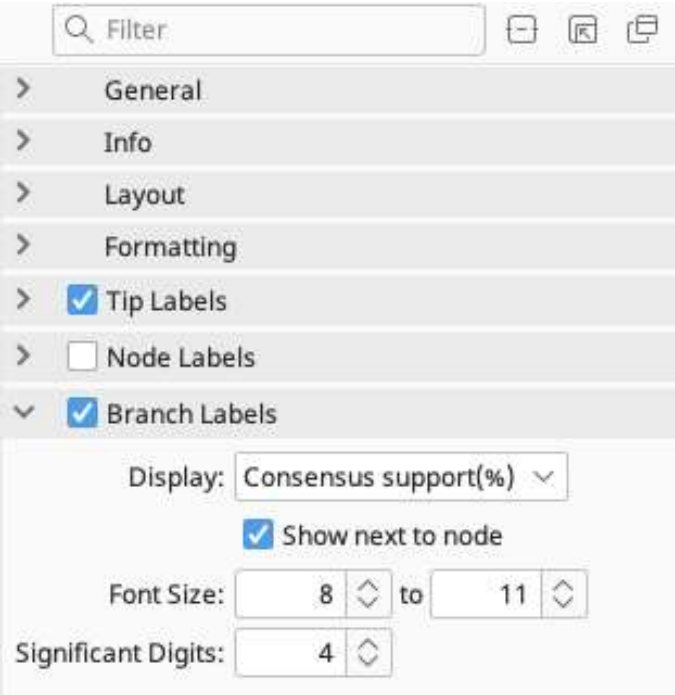


Filoqramlar və kladogramlar

Ağacın budaqlarının uzunluğu ixtiyari ola bilər (məsələn, kladogramda) və ya təkamül dəyişikliyinin miqdarını göstərə bilər (filogramda).

Filogramda budaqların uzunluğu budaqlanma hadisələri arasındakı dəyişiklik miqdarına mütənasib olur. Siz qurduğunuz ağac məsafə (1 – oxşarlıq) ölçüsü ilə qiymətləndirildiyi üçün (məsələn, NJ metodu ilə), düyünlərin yaxınlığı onların ümumi oxşarlıq dərəcəsini göstərir.

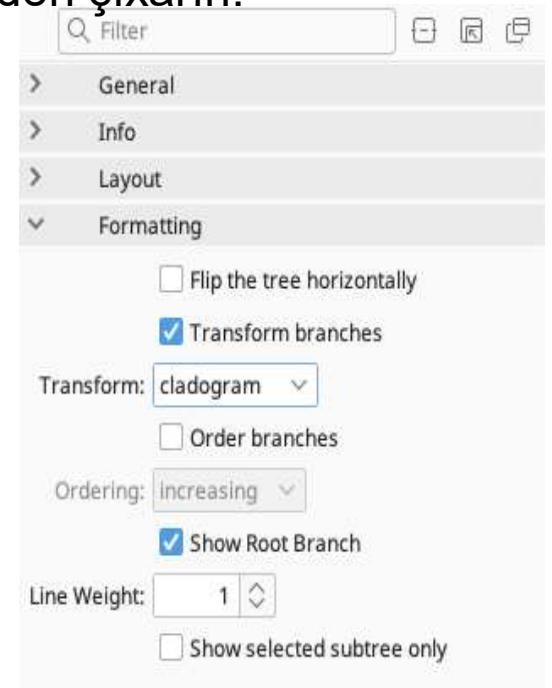
Ağacdakı budaqların uzunluqlarını göstərmək üçün, ağac görünüşünün sağ tərəfindəki paneldə “Show Branch Labels” altında “Display” yanında olan açılan siyahıdan “Substitutions per site” seçin.



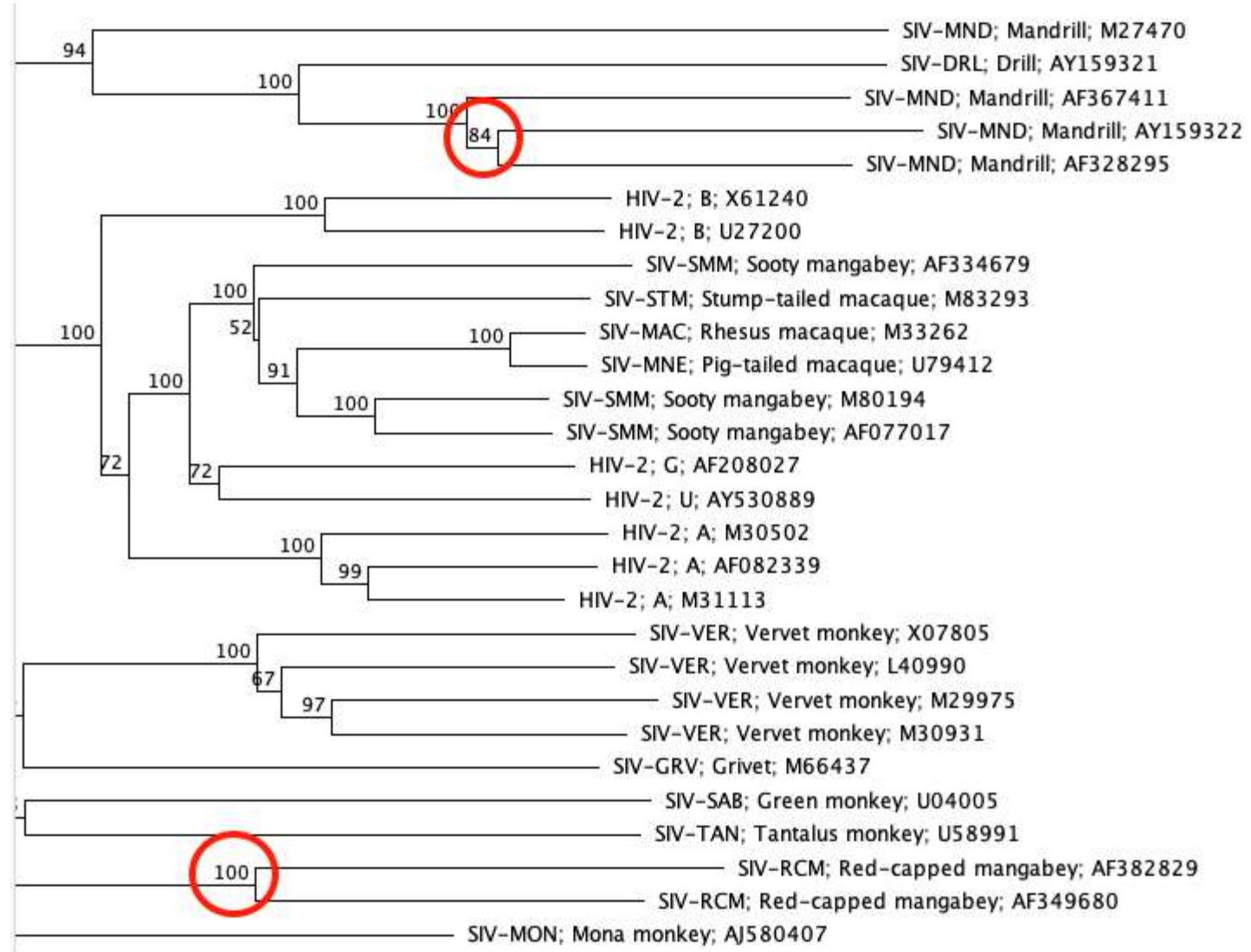
- ❖ Ağacınızda “SIV-MAC; Rhesus macaque; M33262” və “SIV-MNE; Pig-tailed macaque; U79412” nümunələrini tapın və bu iki taksonu ayıran budaqların uzunluğuna baxın. İndi isə “SIV-RCM; Red-capped mangabey; AF382829” və “SIV-RCM; Red-capped mangabey; AF349680” nümunələrini tapın və onları ayıran budaqların uzunluğunu yoxlayın. SIV-MAC və SIV-MNE ardıcılıqlarını ayıran budaqların uzunluğu, iki SIV-RCM ardıcılığını ayıran budaqların uzunluğundan qısadır. Bundan belə nəticəyə gələ bilərsiniz ki, SIV-MAC SIV-MNE-yə, iki SIV-RCM ardıcılığından daha çox oxşardır.
 - ❖ Əgər ağacın qiymətləndirilməsi üçün optimalik metod (məsələn, MP və ya ML) istifadə olunubsa, iki düyünün yaxınlığı onların arasındakı təkamül dəyişikliklərinin sayını əks etdirir. Ağacın kökündən bir ucdakı A orqanizminə gedən ümumi budaq uzunluğu digər ucda olan B orqanizminə gedən budaq uzunluğundan çoxdursa, demək olar ki, təkamül A sülaləsində B sülaləsinə nisbətən daha sürətli baş verib, bu ağacın əsaslandığı xarakterlər üzrə.
- Ağacı kladograma çevirmək üçün “Formatting” seçimlərində “Transform branches” qutusunu işarələyin. “Transform” yanındakı açılan siyahıdan “Cladogram” seçin.

Ağacın budaq uzunluqlarının necə dəyişdiyinə diqqət edin və ağacın uclarının hamısının ağac görünüşünün sağ tərəfində düzülmüş olduğunu müşahidə edin. Bu çevirmə ilə budaqların uzunluqları artıq mənasız olur. İndi “SIV-MAC; Rhesus macaque; M33262” və “SIV-MNE; Pig-tailed macaque; U79412” nümunələrinə, sonra isə “SIV-RCM; Red-capped mangabey; AF349680” və “SIV-RCM; Red-capped mangabey; AF382829” nümunələrinə baxdıqda görəcəksiniz ki, SIV-MAC ilə SIV-MNE arasındakı budaqların uzunluğu ilə iki SIV-RCM nümunəsini ayıran budaqların uzunluğu eynidir. Bu çevrilmiş budaqlar ilə ardıcılıqların bir-birinə nə dərəcədə oxşar olduğunu qiymətləndirmək mümkün deyil.

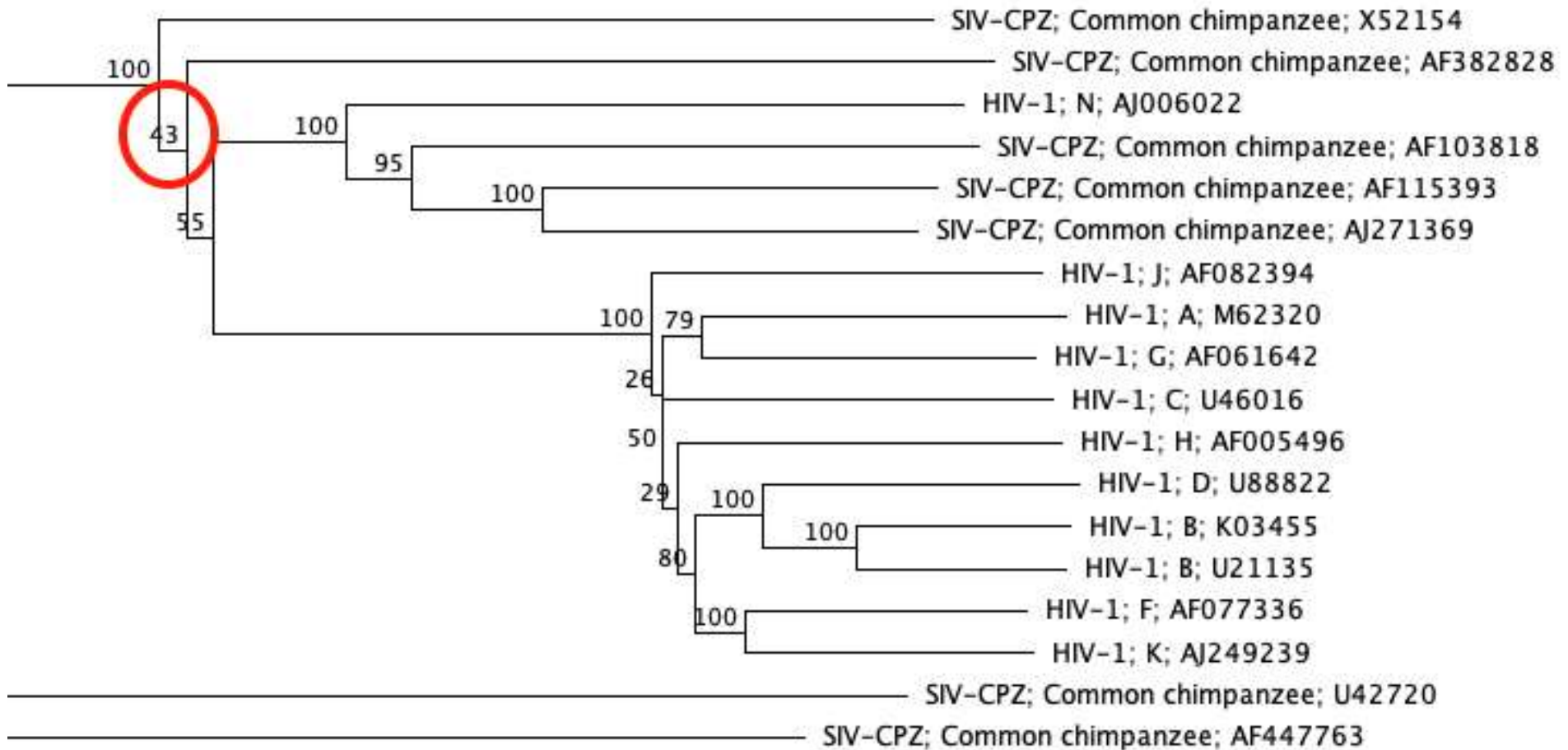
Ağacı yenidən filoqram (phylogram) vəziyyətinə gətirmək üçün “Transform branches” seçimini deaktiv edin. Budaq uzunluqlarını gizlətmək üçün isə “Show Branch Labels” yanındakı qutunu işarədən çıxarın.



Bir klad üçün bootstrap dəyəri, həmin kladın ən son ümumi əcdad düyününün sol tərəfində görünəcək. İndi bootstrap dəyərləri ağac üzərində göstərildiyinə görə, SIV-RCM ardıcılarını ehtiva edən kladın güclü dəstəyə (100%) malik olduğunu görə bilərsiniz. Lakin, iki mandril ardıcılarını ehtiva edən kladın dəstəyi daha azdır (55%). Qeyd etmək lazımdır ki, bootstrapping prosesinin təbiətinə görə, ağacınızdakı dəstək dəyərləri bir qədər fərqli ola bilər.



Bəzən az bootstrap dəstəyinə malik düyünləri sıxışdırmaq (collapse) faydalı olur ki, onlar ağacın topologiyasına təsir etməsin. Bu, ağac qurularkən bootstrapping seçimlərində Support threshold (Dəstək həddi) dəyərini dəyişməklə edilə bilər. Əgər bu dəyər 50% olaraq təyin olunarsa, bootstrap dəstəyi 50%-dən az olan düyünlər çoxdallı (polytomy) düyünlərə çevriləcəkdir. Aşağıdakı ekran görüntüsündə (A) hissəsində 38% və 36% bootstrap dəstəyinə malik düyünlərin Support threshold 50% olaraq təyin edildikdə (B) hissəsində sıxışdırıldığı nümunə göstərilmişdir.



Təşəkkürlər