

MEGA 11 사용법 초간단 설명

(한국진화학회 2024 겨울학교 자료)

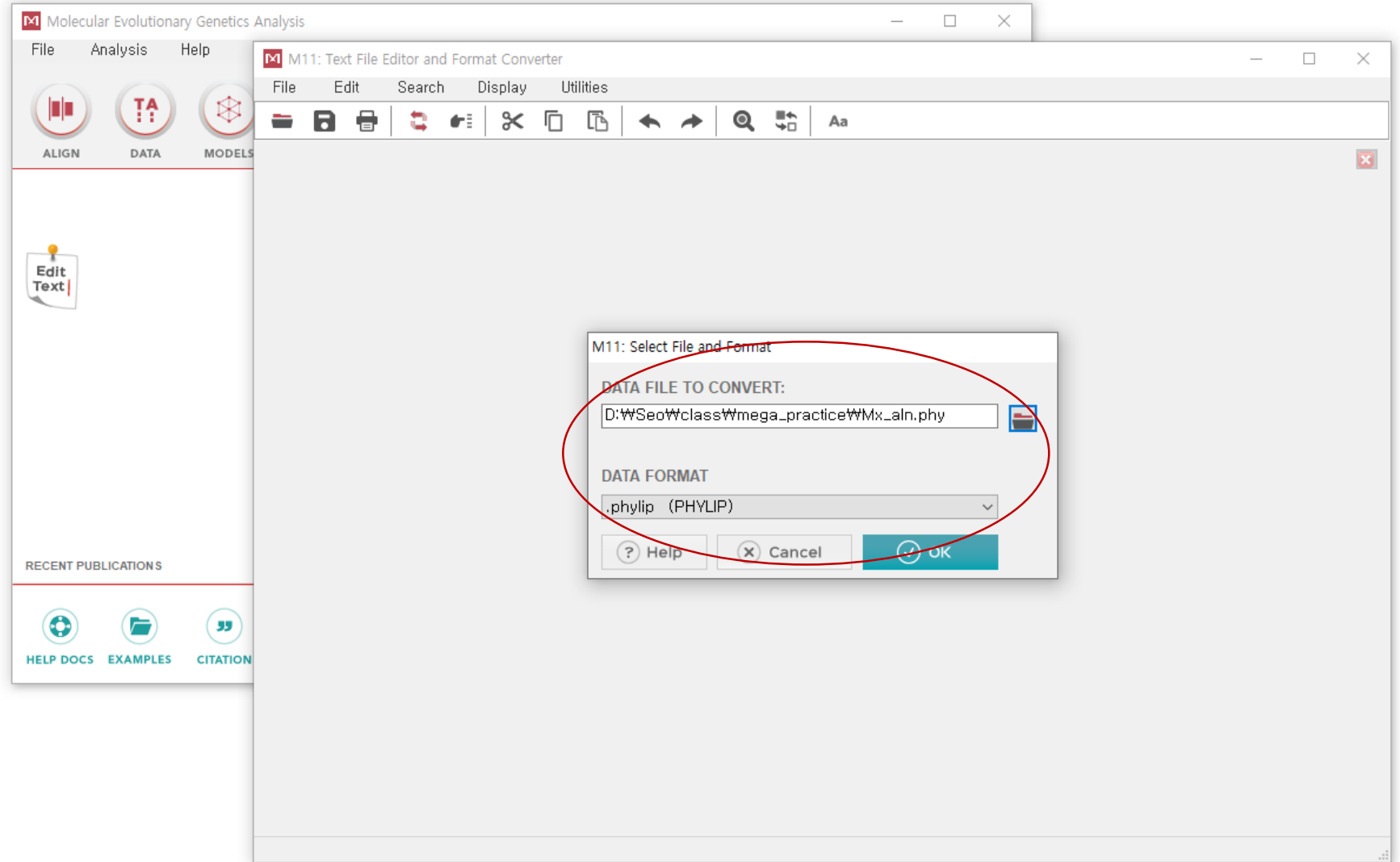
극지연구소 서태건

*** 학습내용 ***

- 데이터 파일을 MEGA 포맷(*.meg) 변환 하는 방법
- 변환한 *.meg 파일로 NJ(Neighbor-Joining) 계통수 작성
- MEGA/MUSCLE 프로그램을 이용한 Sequence alignment

*** MEGA 포맷 변환하기 ***

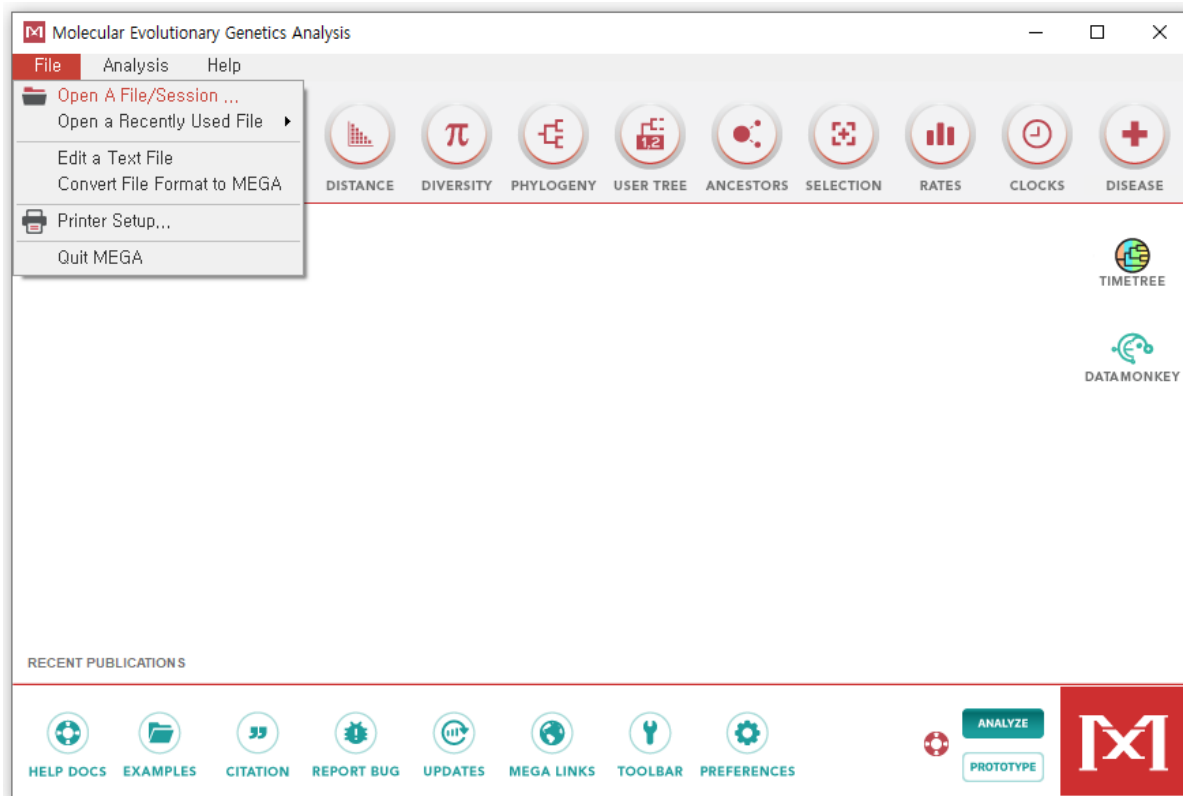
- (1) MEGA로 데이터 분석을 하기 위해서는 데이터 포맷을 *.meg (mega 포맷)으로 바꾸어야 한다.
- (2) 서태건(2023) 논문에서 사용된 Mxaln.phy 파일을 사용하자.
- (3) 메뉴에서 File/ Convert File Format to MEGA 를 선택한 후 파일명에 Mxaln.phy, 파일의 포맷인 phyip포맷을 지정한 다. OK 버튼을 누른다. 변환 완료



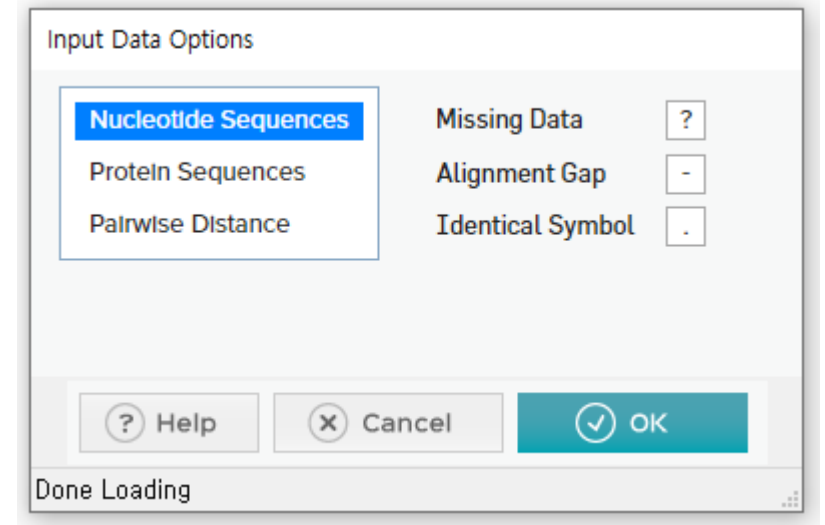
*** MEGA로 NJ tree 작성하기 ***

- (1) 메뉴에서 File/Open A File 선택하고
방금 변환한 Mx_aln.meg 파일 선택한다.
- (2) Nucleotide Sequences 지정하고 OK
누른다
- (3) 단백질 코딩 서열인지 물어오면 OK
누른다.

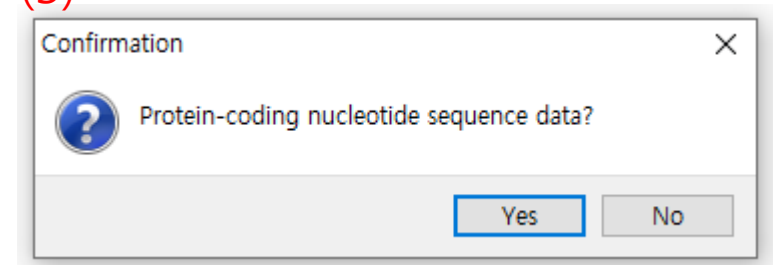
(1)



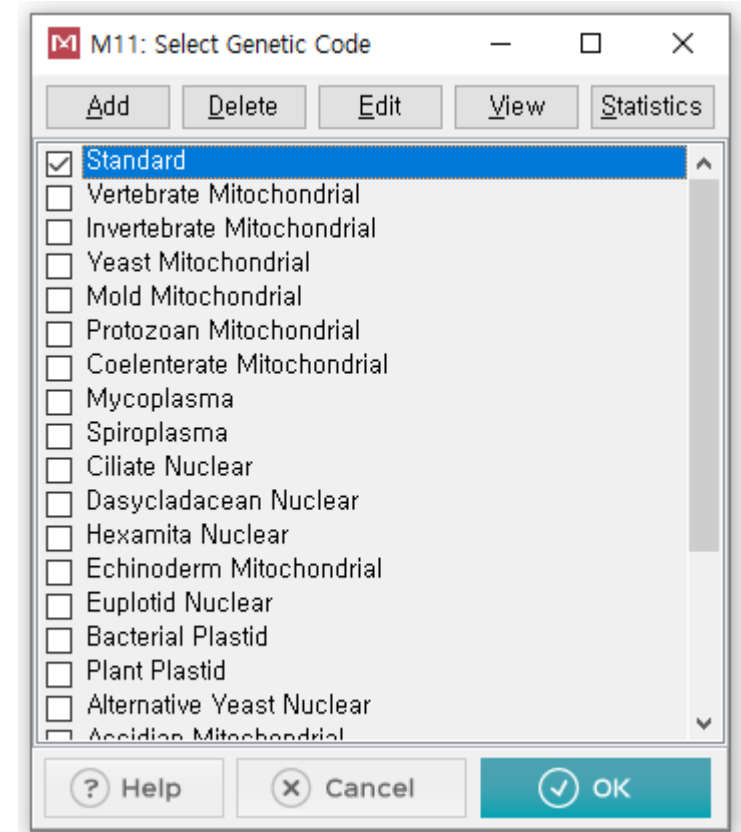
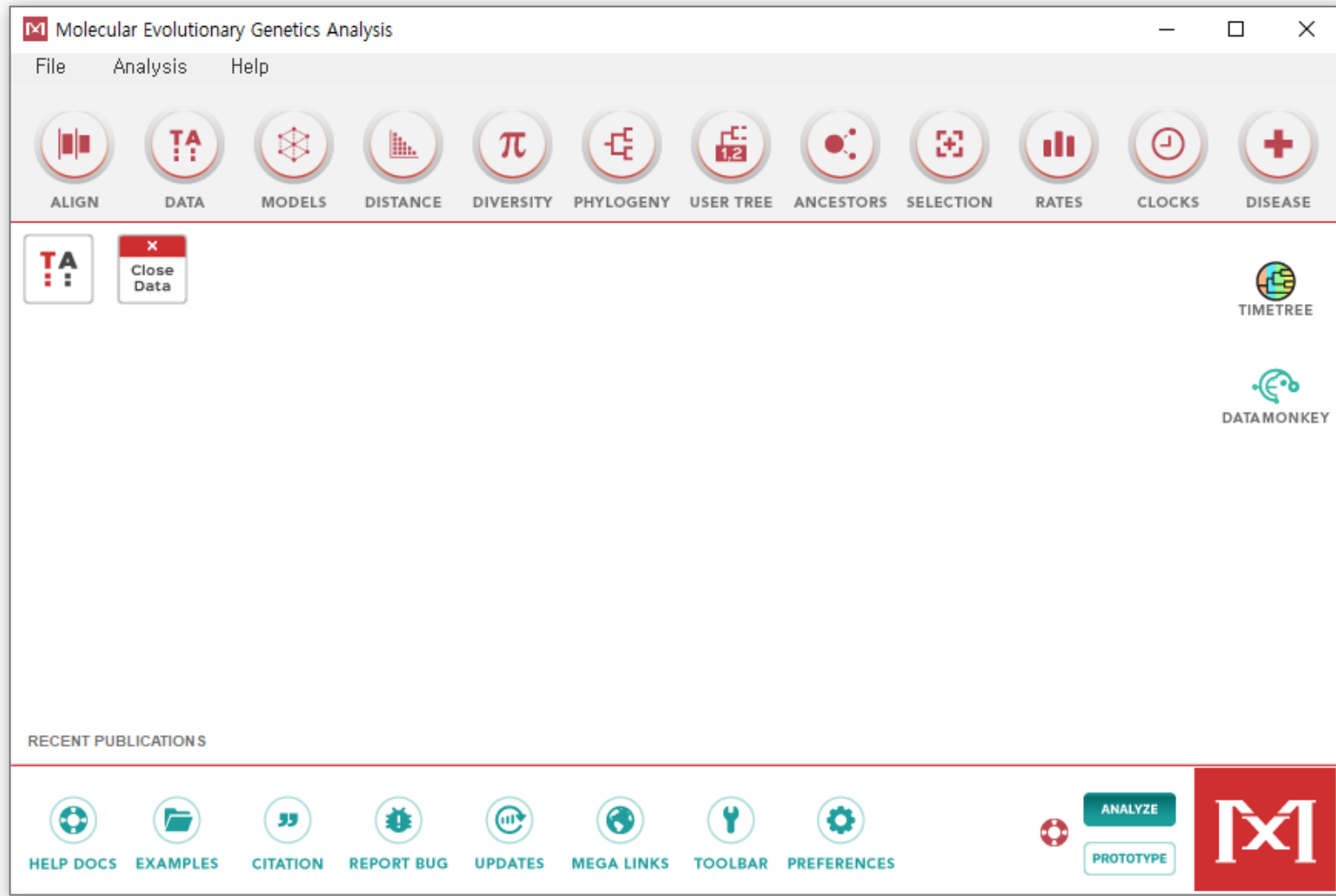
(2)



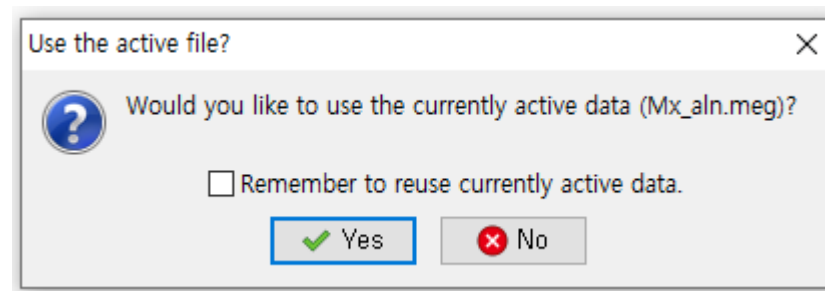
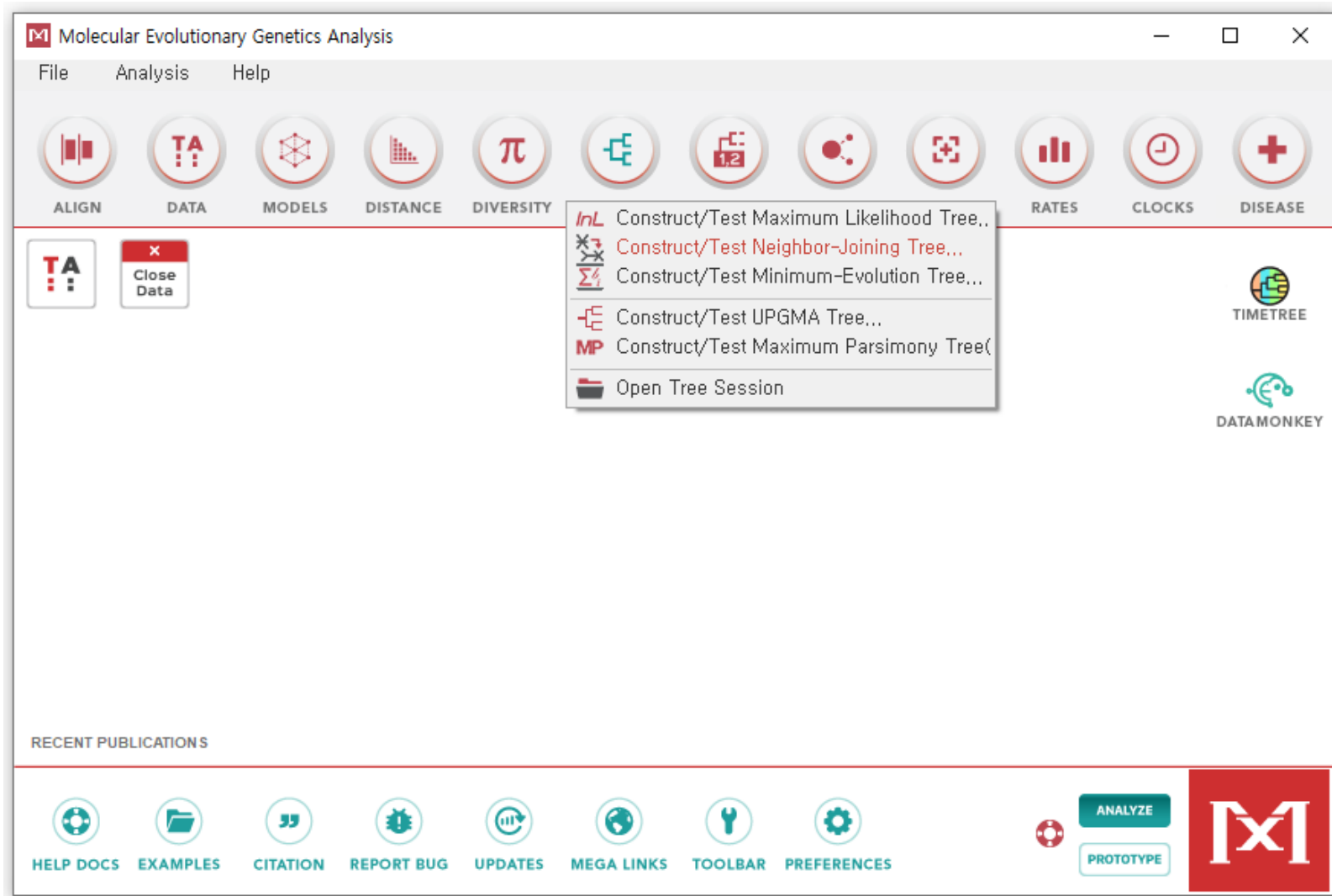
(3)



(4) 코돈 테이블의 종류를 물어오면 standard를 선택하고 OK



(5) 메뉴 아래 나열되어 있는 원형 아이콘 중 PHYLOGENY 아이콘을 클릭하고 Construct/Test Neighbor-Joining Tree를 선택한다. 현재 데이터 Mx_aln.meg을 사용하는가 물어오면 Yes 누른다. (추후 Maximum Parsimony 도 선택하여 계통수를 추정해보자)



(6) 염기치환모형, bootstrap 횟수, 감마모수등을 설정하고 OK를 누른다

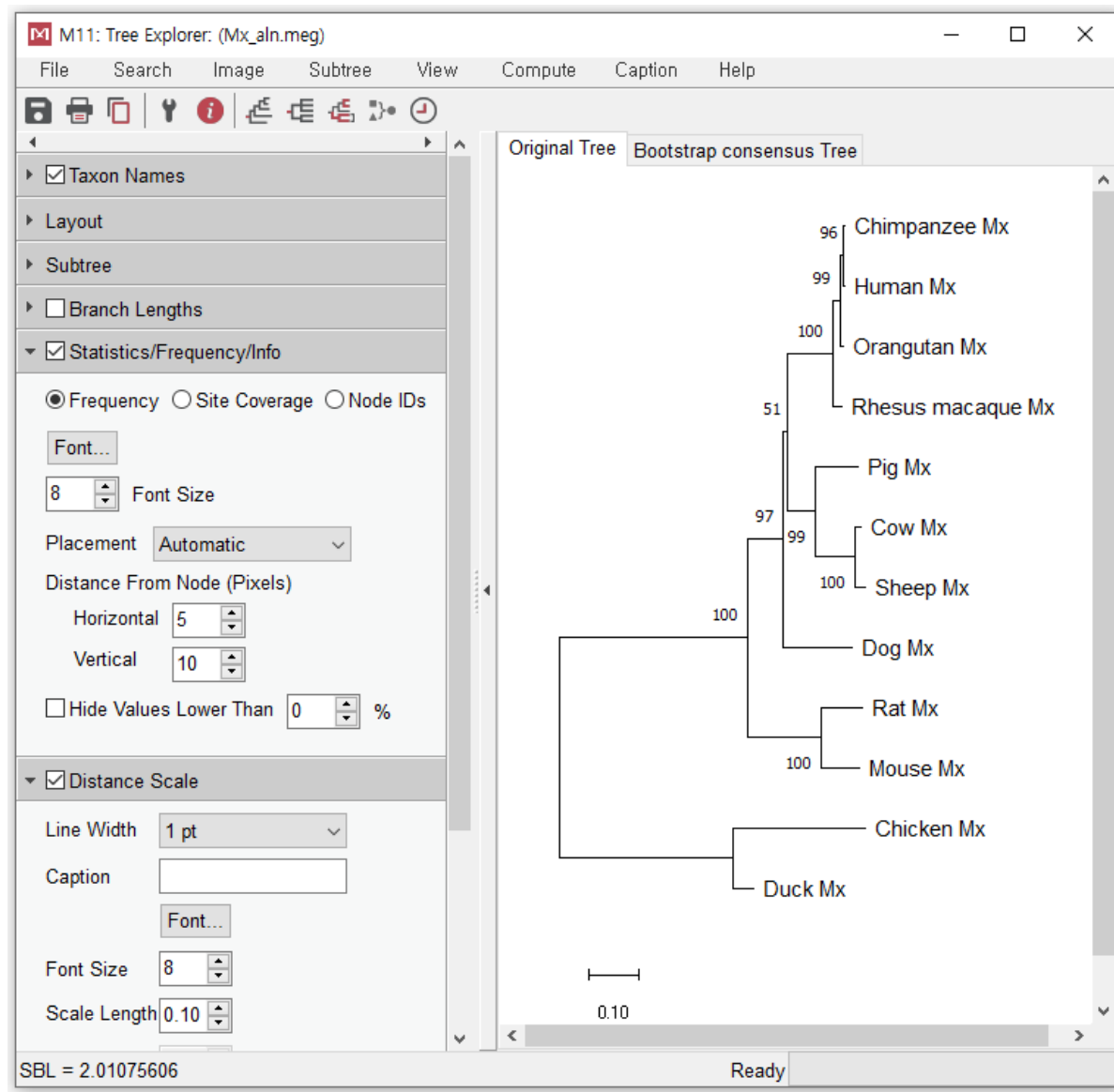
M11: Analysis Preferences

Phylogeny Reconstruction

Option	Setting
ANALYSIS	
Scope	→ All Selected Taxa
Statistical Method	→ Neighbor-joining
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-Nei model
Fixed Transition/Transversion Ratio	→ Not Applicable
Substitutions to Include	→ d: Transitions + Transversions
RATES AND PATTERNS	
Rates among Sites	→ Gamma Distributed (G)
Gamma Parameter	→ 1.00
Pattern among Lineages	→ Same (Homogeneous)
DATA SUBSET TO USE	
Gaps/Missing Data Treatment	→ Pairwise deletion
Site Coverage Cutoff (%)	→ Not Applicable
Select Codon Positions	→ <input checked="" type="checkbox"/> 1st <input checked="" type="checkbox"/> 2nd <input checked="" type="checkbox"/> 3rd <input type="checkbox"/> Noncoding Sites
SYSTEM RESOURCE USAGE	
Number of Threads	→ 8

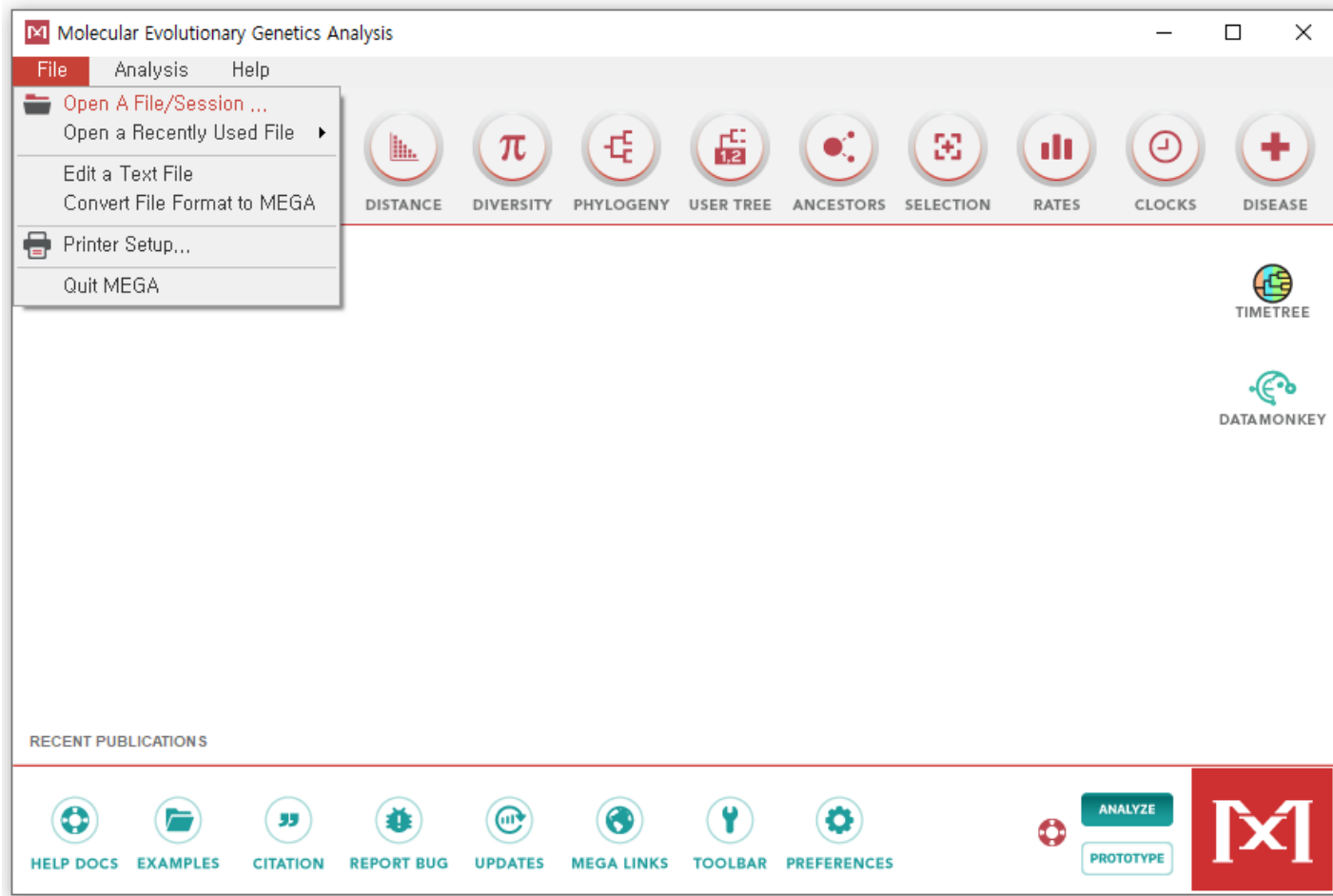
Help Cancel OK

(7) NJ tree가 출력된다. 끝.

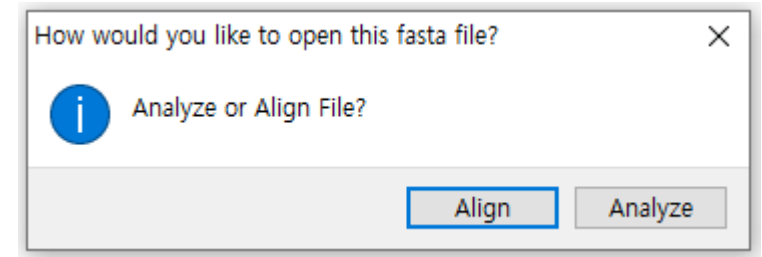


*** MEGA로 염기서열 정렬(align)하기 ***

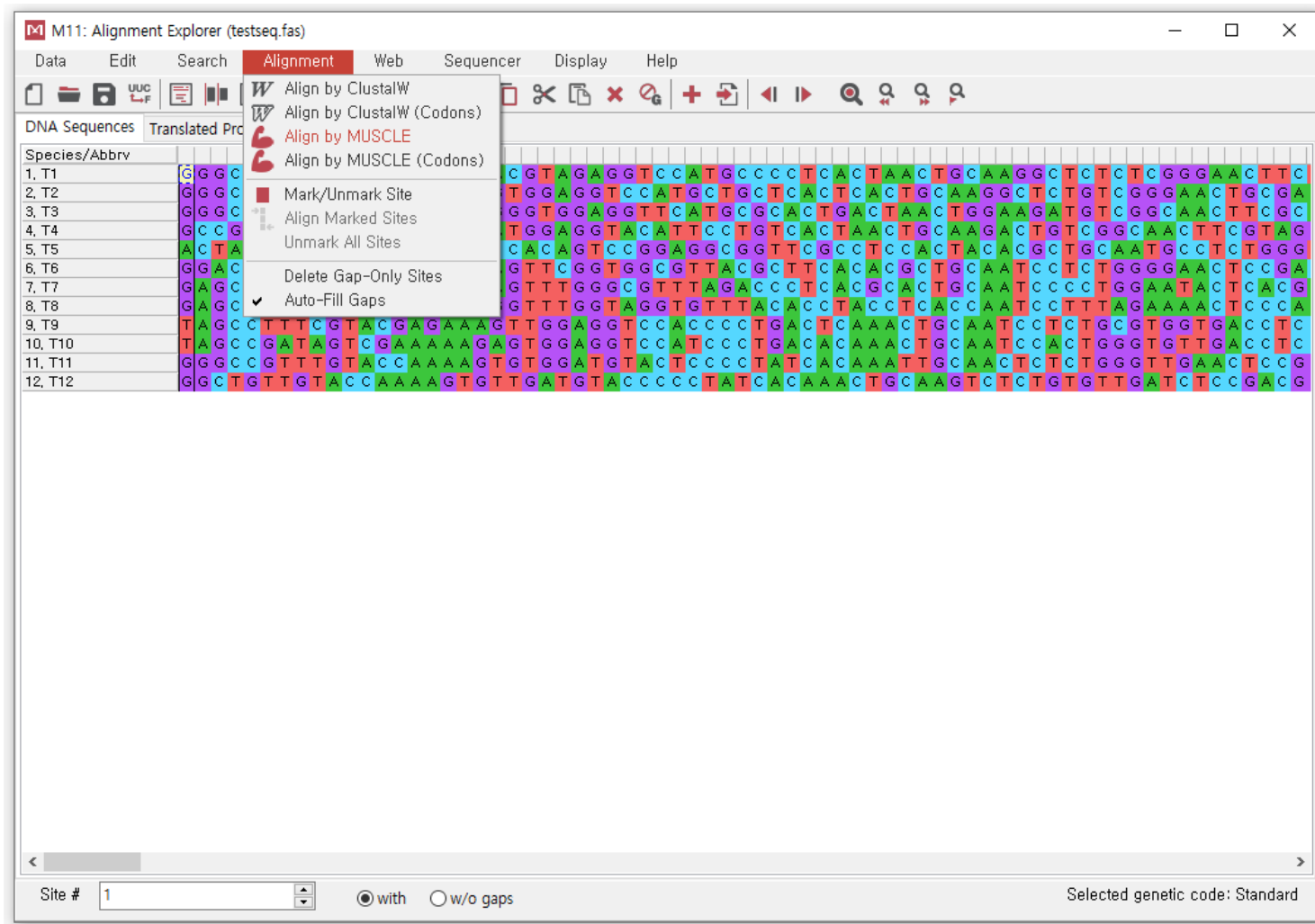
(1) 메뉴에서 File/Open A File을 선택하고 align되지 않은 fasta 포맷 파일을 연다 (testseq.fas)



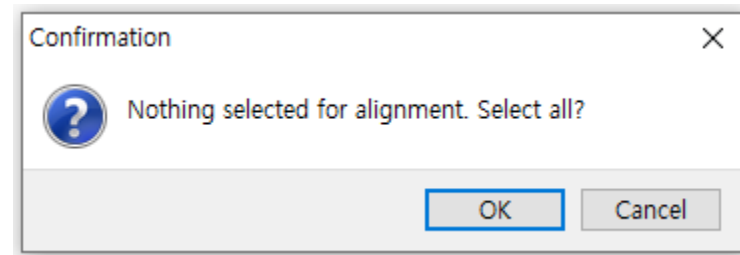
(2) Align 버튼을 클릭



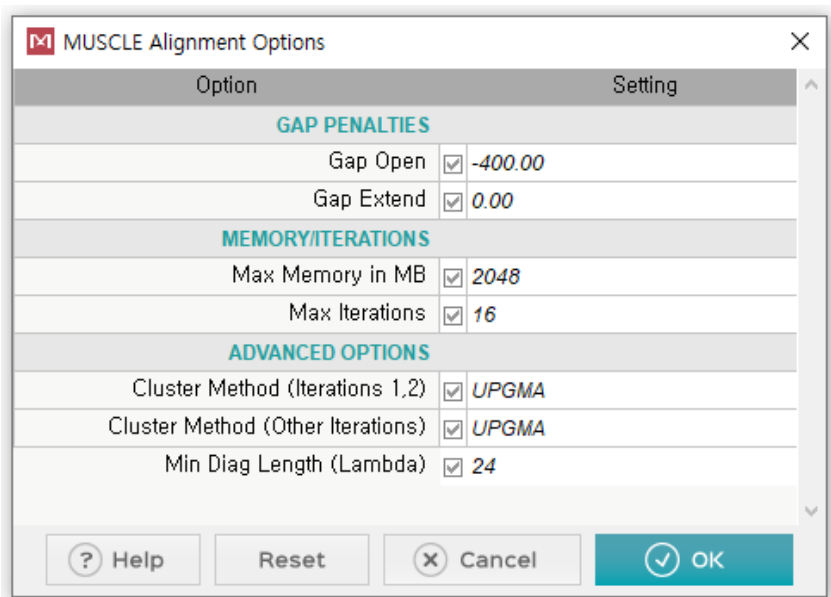
(3) unaligned 서열데이터가 화면에 표시된다. 메뉴에서 Alignment/Align by MUSCLE (혹은 다른 프로그램)을 선택한다.



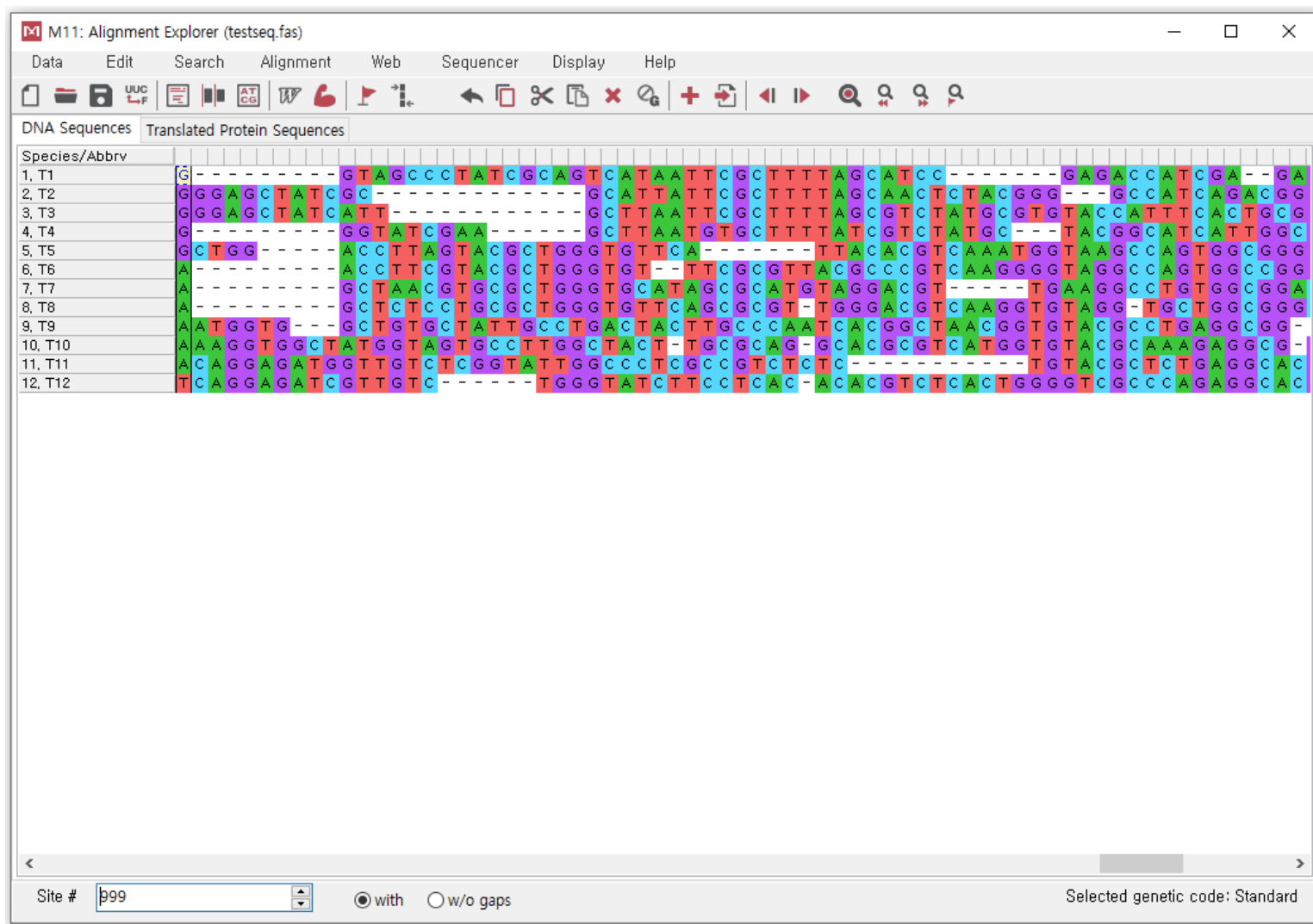
(4) 모두 선택하여 align 하는지 물어오면 OK



(5) MUSCLE 프로그램의 설정창이 열린다. 디폴트에 맡기고 OK 누른다.



(6) align 결과가 화면에 표시된다.



(8) 메뉴에서 Data/Export Alignment/FASTA Format (혹은 다른 포맷)을 선택하고 출력 파일명을 지정하면 align데이터가 파일로 출력된다.

