

50% ομοιότητα έχουν υποβληθεί κατά μέσο όρο σε περίπου 80 αλλαγές ανά 100 στοιχισμένα αμινοξέα. Η διόρθωση Jukes-Cantor παρουσιάζει το ίδιο φαινόμενο για αλληλουχίες DNA;

Προβλήματα εργαστηρίου υπολογιστών

7.1 Ελέγξτε αν οι αλληλουχίες του μιτοχονδριακού DNA του ανθρώπου και του χιμπατζή έχουν ίσους εξελικτικούς ρυθμούς μεταξύ των γενεαλογικών γραμμών. Εφαρμόστε τη δοκιμή σχετικού ρυθμού Tajima χρησιμοποιώντας το πακέτο MEGA.

- (1) Εγκαταστήστε το λογισμικό MEGA.
- (2) Κατεβάστε τις αλληλουχίες μιτοχονδριακού DNA του ανθρώπου, του χιμπατζή, της μαϊμούς *bonobo*, του ουρακοτάγκου, του γορίλλα και του γίββωνα από το Web Document 7.19 στην ηλεκτρονική διεύθυνση <http://www.bioinfbook.org/chapter7>.
- (3) Εφαρμόστε τη δοκιμή Tajima χρησιμοποιώντας μια κατάλληλη εξωομάδα. Είναι η τιμή πιθανότητας στατιστικά σημαντική ($<0,05$);

7.2 Πραγματοποιήστε φυλογενετικές αναλύσεις χρησιμοποιώντας το λογισμικό MEGA.

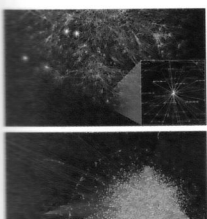
- (1) Μεταβείτε στη βάση δεδομένων των συντηρημένων δομικών επικρατειών (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/cdd>) στο NCBI.
- (2) Εισαγάγετε τον όρο λιποκαλίνες (lipocalins) ή άλλο όνομα οικογένειας της επιλογής σας. Εναλλακτικά, μπορείτε να ξεκινήσετε από την Ensembl, τη HomoloGene ή την Pfam.
- (3) Επιλέξτε τη μορφή αρχείου mFasta και στη συνέχεια κάντε κλικ στην επιλογή «Reformat». Το αποτέλεσμα είναι μια πολλαπλή στοίχιση αλληλουχιών. Αντιγράψτε το αποτέλεσμα σε έναν

επεξεργαστή κειμένου (π.χ. NotePad++) και απλοποιήστε τα ονόματα των αλληλουχιών.

- (4) Εισαγάγετε το αρχείο (ή επικολλήστε τις αλληλουχίες) στο MEGA, όπως φαίνεται στην **Εικόνα 7.9**. Στοιχίστε τις αλληλουχίες και αποθηκεύστε τις σε μορφές αρχείων .mas και .meg.
- (5) Επιλέξτε Phylogeny > Construct/Test (Φυλογένεση > Κατασκευή/Δοκιμή) για να δημιουργήσετε δέντρα με τις μεθόδους ένωσης γειτόνων, μέγιστης πιθανοφάνειας ή άλλες.
- (6) Για κάθε δέντρο που δημιουργείτε, διαβάστε την αντίστοιχη λεζάντα. Δοκιμάστε τα εργαλεία δέντρων (π.χ. τοποθετήστε μια ρίζα, αναστρέψτε κόμβους, εμφανίστε ή αποκρύψτε τα μήκη των κλάδων, αλλάξτε μορφές απεικόνισης).
- (7) Πραγματοποιήστε bootstrapping. Προσδιορίστε τις συστάδες κλάδων που έχουν χαμηλά επίπεδα στήριξης. Γιατί συμβαίνει αυτό;

7.3 Εφαρμόστε μπεϋζιανή συμπερασματολογία φυλογένεσης χρησιμοποιώντας το λογισμικό MrBayes. Μπορείτε να βρείτε μια λεπτομερή ανάλυση για 13 σφαιρίνες στα Web Document 7.17 και 7.18. Χρησιμοποιήστε μια ομάδα πρωτεϊνών και επίσης εκτελέστε μια ανάλυση για κωδικές αλληλουχίες DNA από μια ομάδα μυσσφαιρινών (και την κυτοσφαιρίνη ως εξωομάδα, που παρέχεται στο Web Document 7.5).

7.4 Οι φοιτητές που ενδιαφέρονται για τη γλώσσα Python μπορούν να εξερευνήσουν το εργαλείο προγραμματισμού ETE για τον αυτοματοποιημένο χειρισμό, ανάλυση και απεικόνιση φυλογενετικών δέντρων. Ο ιστότοπος <http://pythonhosted.org/ete2/> (WebLink 7.29) περιλαμβάνει τεκμηρίωση, πρόσβαση στο ETE και ένα εκπαιδευτικό σεμινάριο.

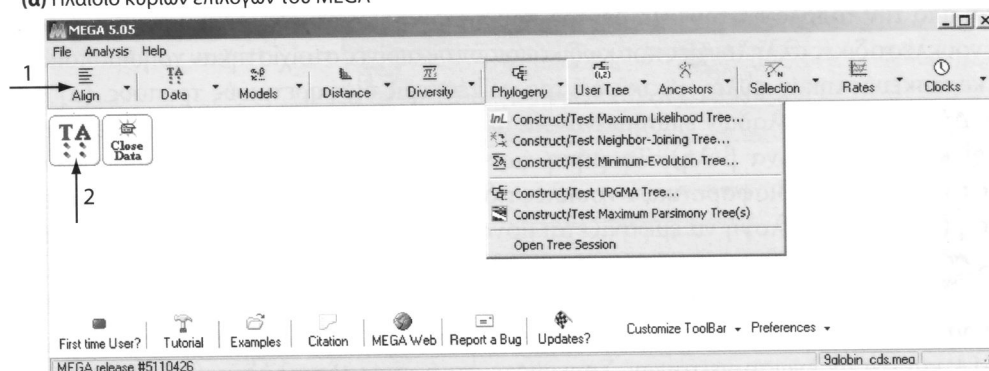


Κουίζ αυτοαξιολόγησης

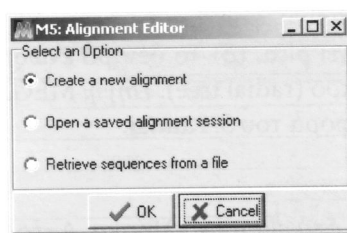
7.1 Σύμφωνα με την υπόθεση του μοριακού ρολογιού:

- (α) όλες οι πρωτεΐνες εξελίσσονται με τον ίδιο, σταθερό ρυθμό.
- (β) όλες οι πρωτεΐνες εξελίσσονται με ρυθμό που ταιριάζει με το αρχείο απολιθωμάτων.
- (γ) για κάθε δεδομένη πρωτεΐνη, ο ρυθμός της μοριακής εξέλιξης επιβραδύνεται σταδιακά

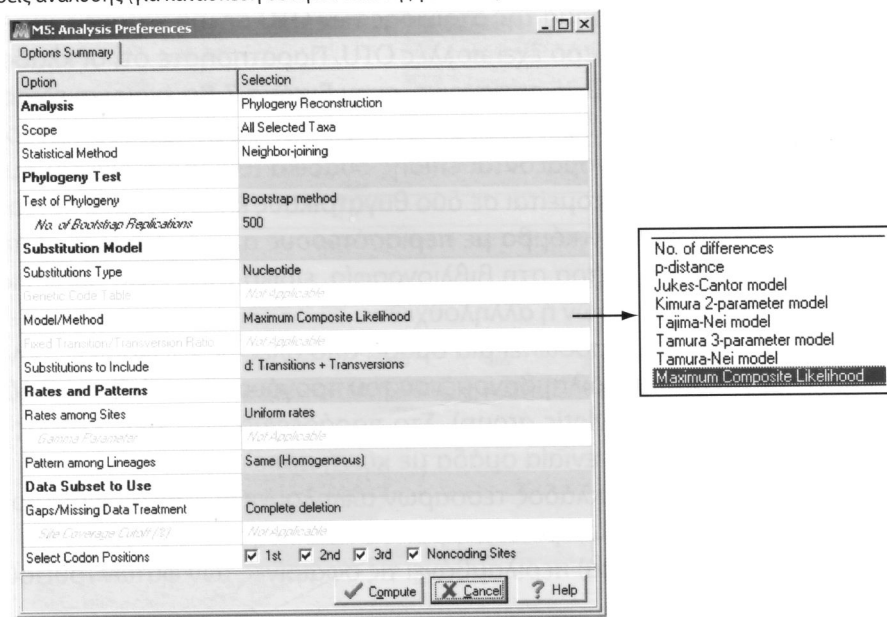
(α) Πλαίσιο κύριων επιλογών του MEGA



(β) Επεξεργαστής στοίχισης



(γ) Ρυθμίσεις ανάλυσης (για κατασκευή δέντρου ένωσης γειτόνων)



Εικόνα 7.9 Χρήση του MEGA για την κατασκευή και ανάλυση φυλογενετικών δέντρων. (α) Το κύριο παράθυρο διαλόγου περιλαμβάνει μια επιλογή εισαγωγής και στοίχισης αλληλουχιών DNA ή πρωτεϊνών (βέλος 1). Μόλις εισαχθούν, τα δεδομένα είναι δυνατόν να προβληθούν (βέλος 2) και να υποβληθούν σε επεξεργασία (π.χ. μπορείτε να συμπεριλάβετε ή να αποκλείσετε συγκεκριμένες ταξινομικές μονάδες ή θέσεις στις αλληλουχίες). Εμφανίζεται το πτυσσόμενο μενού φυλογενετικής ανάλυσης. (β) Επεξεργαστής στοίχισης (alignment editor). Είναι καλή πρακτική η αποθήκευση των αλληλουχιών για ανάλυση ως αρχείο κειμένου, ώστε να μπορούν να μελετηθούν αργότερα. (γ) Επιλογές ανάλυσης για τη δημιουργία ενός δέντρου ένωσης γειτόνων. Παρόμοια μενού επιλογών βρίσκουμε και σε άλλες μεθόδους κατασκευής και ανάλυσης δέντρων. Οι επιλογές για Model/Method (Μοντέλο/Μέθοδο) εμφανίζονται στα δεξιά. Πηγή: MEGA έκδοση 5.2, Tamura et al. (2013). Ευγενική προσφορά του S. Kumar.