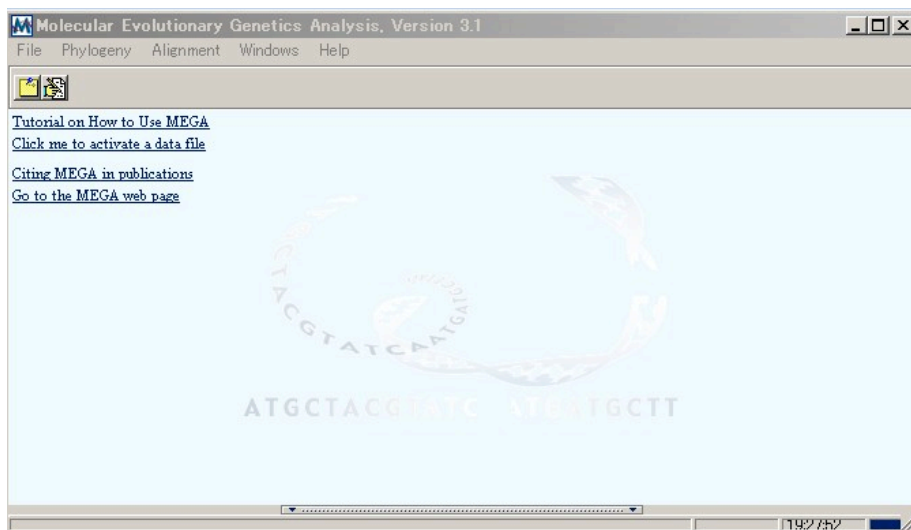
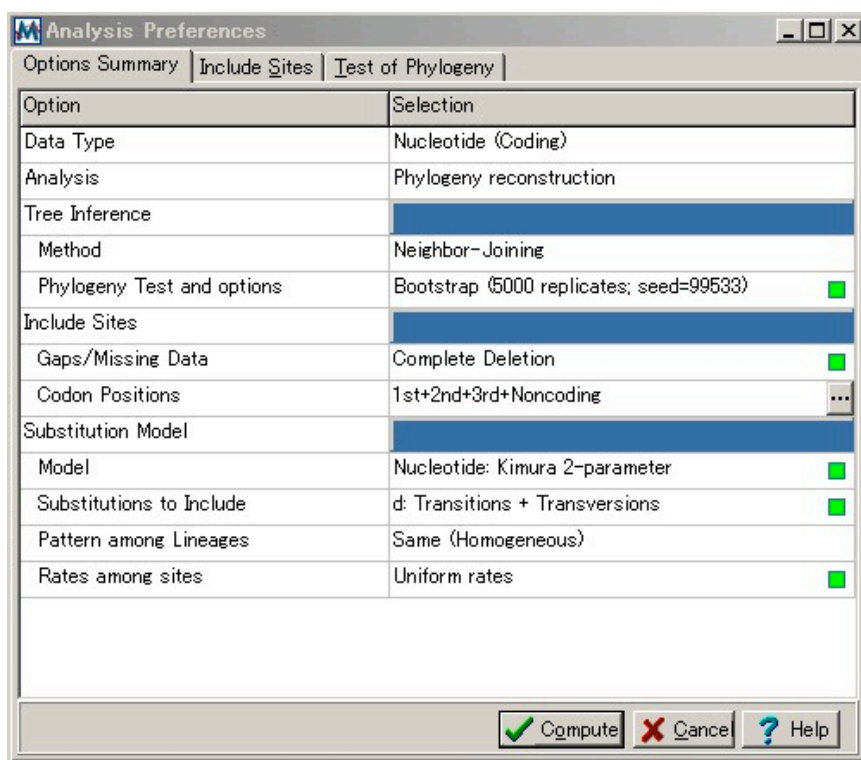


## 系統樹を作成する



メインのウィンドウに戻る


Phylogeny タブをクリック→Bootstrap test of phylogeny→4つの方法が出てくるので好きな方法をクリック。この場合 NJ 法による系統樹を作成する。




このようなウィンドウが立ち上がる。それぞれの項目の後ろにある  をクリックすると  に変わり、アクティブな状態になる。それぞれの選択肢が示されるので目的に合うものをクリックする。

たとえば、Kimura 2-parameter で JCmodel を用いたいときは

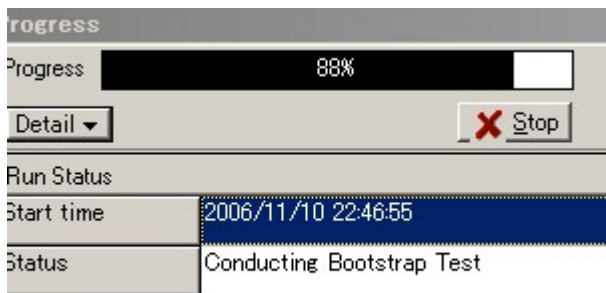
Nucleotide: Kimura 2-parameter

の  をクリックする。すると Nucleotide、Syn-

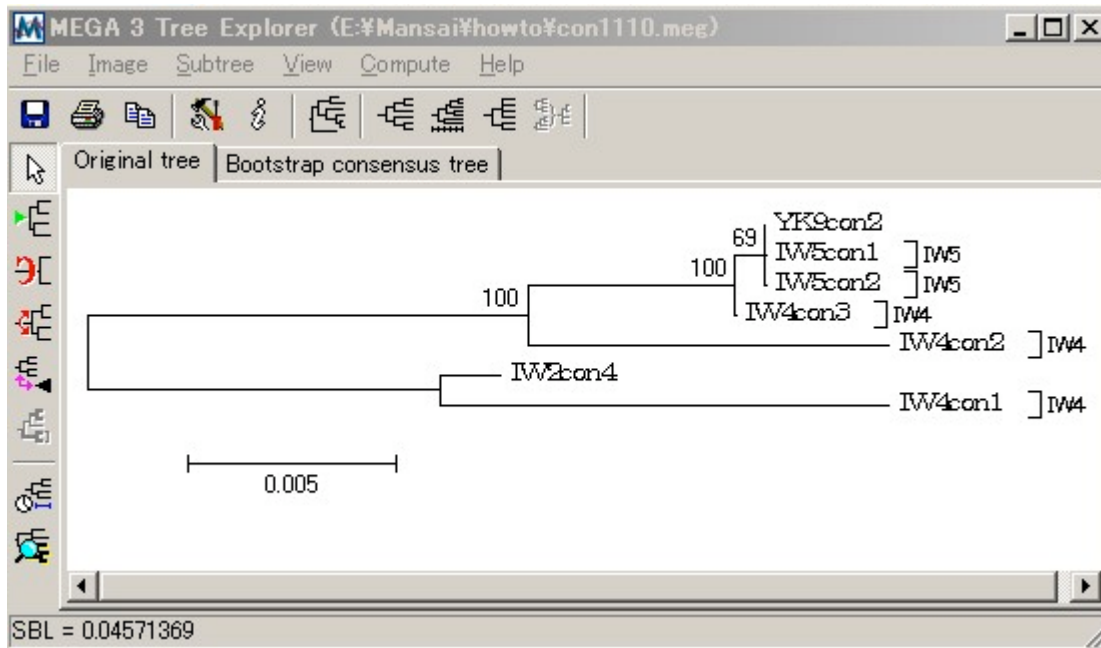
nonsynonymous、Aminoacid と選択できるモデルが示される。この場合 Nucleotide を選択するとさらに細か


いモデルが示されるので、JC model を選択し、 をクリックすると計算が始まる。


※Syn-nonsynonymous モデルを選択した場合、Synonymous site を使うか nonsynonymous site のどちらを使  
って計算するかを聞かれるので選択する必要がある。



結果、今回推定された系統樹



 アイコンをクリックすると、系統樹の幅、長さ、スケールの取り方、フォント、ラベルなどを設定  
することができる。

 アイコンでは系統樹の形を変えることができる



アイコンをクリックし、ルートにしたい配列をクリックすると、選択した配列をルートにとった系統樹に書き直すことができる。

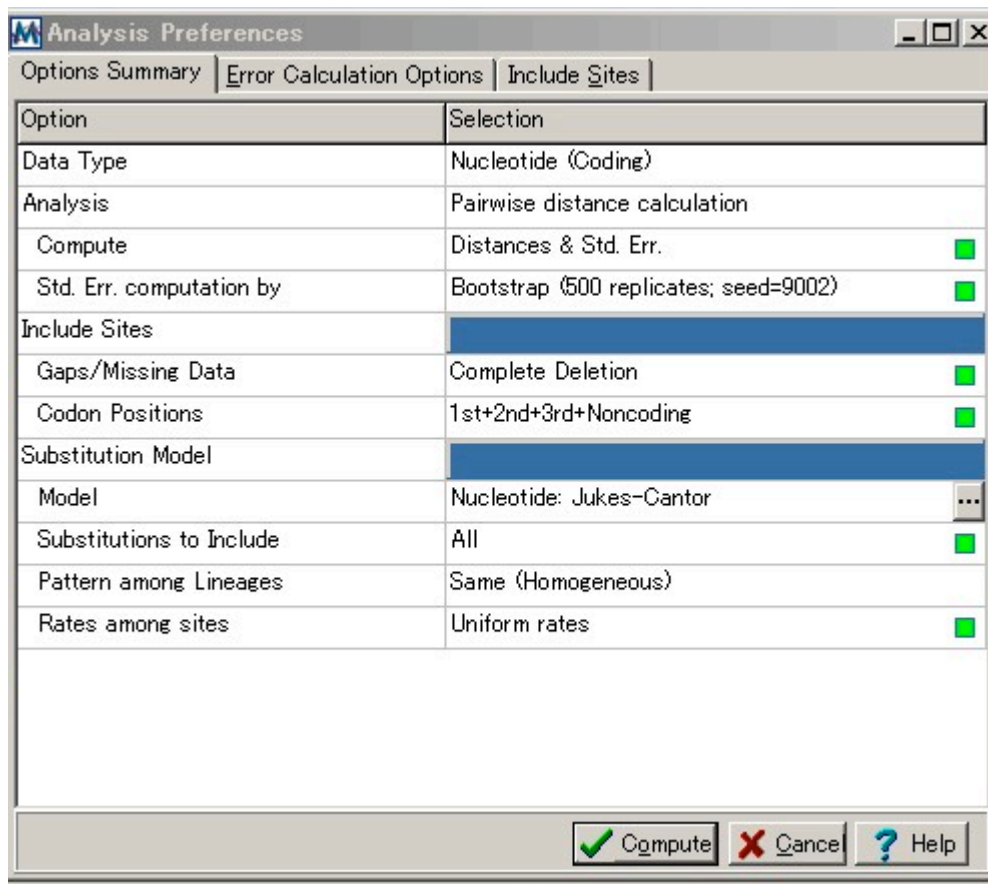


アイコンをクリックすることで系統樹自体は保存できるが、mts ファイルという MEGA でしか使えないフォーマットなので、実際に画像として保存するためには、Image→Copy to Clipboard でクリップボードに貼り付けるか Image→Save as EMF でイメージファイルとして保存する必要がある。

### 各種解析

MEGA ではさまざまな解析を行うことができる。一例としてそれぞれの配列ごとの違いを計算する。

メインのウィンドウに戻り、Distance→Compute pairwise をクリック

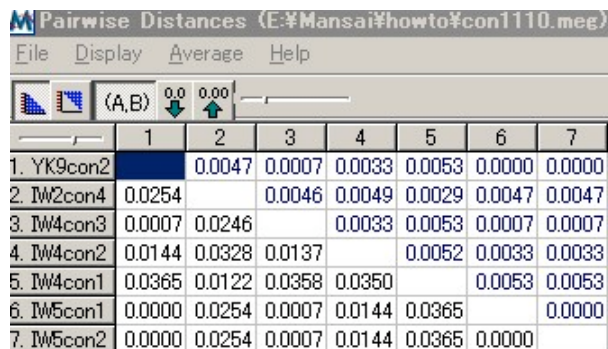


このようなウィンドウが立ち上がる。先ほどと同様にモデルを選び、Compute をクリックすると計算が始まるが、

Compute Distances & Std. Err.  の Option で

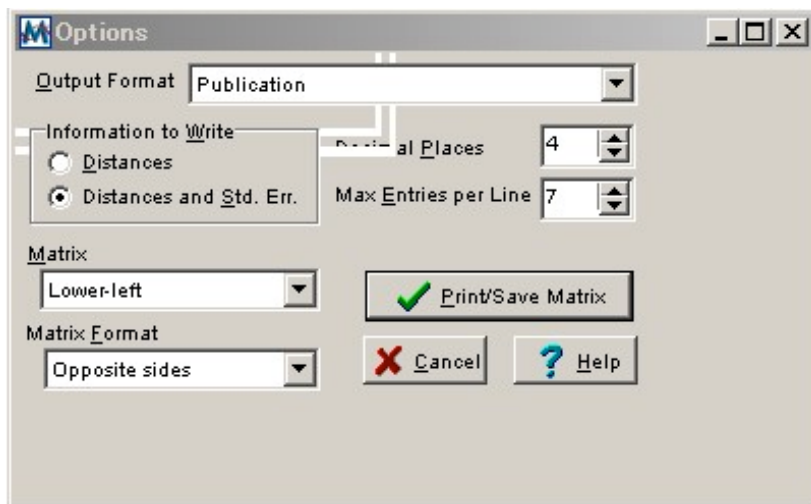
Distance と同時に Standard Error も求めることができる。デフォルトでは Distance only になっているので選択する必要がある

計算結果はこのようなウィンドウで示される。右上が Standard Error、左下が Distance である。



	1	2	3	4	5	6	7
1. YK9con2		0.0047	0.0007	0.0033	0.0053	0.0000	0.0000
2. IW2con4	0.0254		0.0046	0.0049	0.0029	0.0047	0.0047
3. IW4con3	0.0007	0.0246		0.0033	0.0053	0.0007	0.0007
4. IW4con2	0.0144	0.0328	0.0137		0.0052	0.0033	0.0033
5. IW4con1	0.0365	0.0122	0.0358	0.0350		0.0053	0.0053
6. IW5con1	0.0000	0.0254	0.0007	0.0144	0.0365		0.0000
7. IW5con2	0.0000	0.0254	0.0007	0.0144	0.0365	0.0000	

File→Export Print/Distances..で結果を Export することができる。それをクリックすると以下のウィンドウが立ち上がる



なにもいじらずに Print/Save Matrix をクリックすると、以前ドメイン・グループの設定をしたときに立ち上がったウィンドウに、今回は以下のようなテキストファイルが Export される

```

Title:
Description
No. of Taxa : 7
No. of Groups : 2
Data File : E:\Mansai\howto\con1110.meg
Data Type : Nucleotide (Coding)
Analysis : Pairwise distance calculation
  Compute : Distances & Std. Err.
  Std. Err. computation by : Bootstrap (500 replicates; seed=9002)
Include Sites : =====
Gaps/Missing Data : Complete Deletion
Codon Positions : 1st+2nd+3rd+Noncoding
Substitution Model : =====
Model : Nucleotide: Jukes-Cantor
Substitutions to Include : All
Pattern among Lineages : Same (Homogeneous)
Rates among sites : Uniform rates
No. of Sites : 1403
d : Estimate
S.E : Standard error

```

```

[1] #YK9con2
[2] #IW2con4
[3] #IW4con3_(IW4)
[4] #IW4con2_(IW4)
[5] #IW4con1_(IW4)
[6] #IW5con1_(IW5)
[7] #IW5con2_(IW5)


```

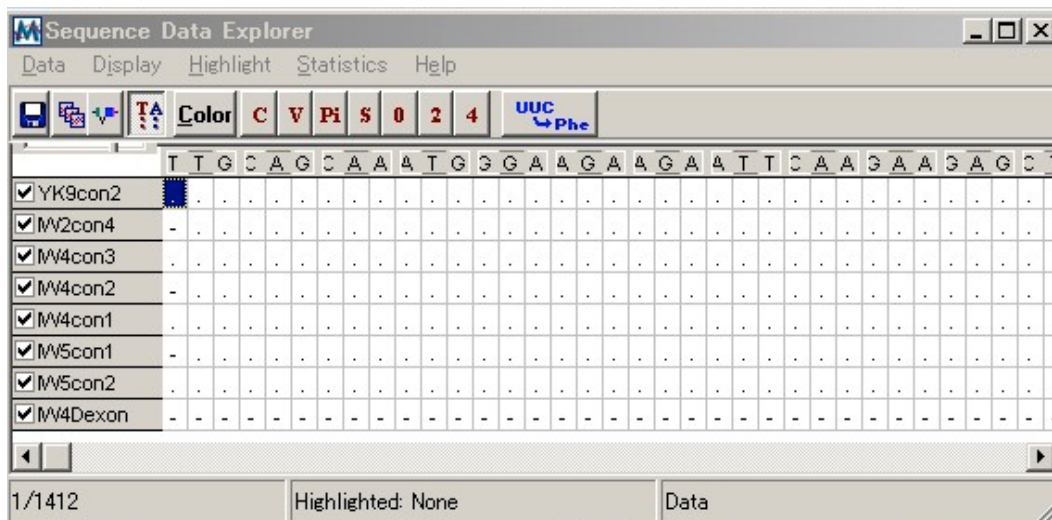
	1	2	3	4	5	6	7
[1]		[0.0047 ]	[0.0007 ]	[0.0033 ]	[0.0053 ]	[0.0000 ]	[0.0000 ]
[2]	0.0254		[0.0046 ]	[0.0049 ]	[0.0029 ]	[0.0047 ]	[0.0047 ]
[3]	0.0007	0.0246		[0.0033 ]	[0.0053 ]	[0.0007 ]	[0.0007 ]
[4]	0.0144	0.0328	0.0137		[0.0052 ]	[0.0033 ]	[0.0033 ]
[5]	0.0365	0.0122	0.0358	0.0350		[0.0053 ]	[0.0053 ]
[6]	0.0000	0.0254	0.0007	0.0144	0.0365		[0.0000 ]
[7]	0.0000	0.0254	0.0007	0.0144	0.0365	0.0000	

この表をエクセルに保存するとよい。(エクセルにペースト→データ→区切り位置)

おまけ

多型サイトの表を作りたいとき

メインのウィンドウの  アイコンをクリックすると、シーケンスエクスプローラーが立ち上がる

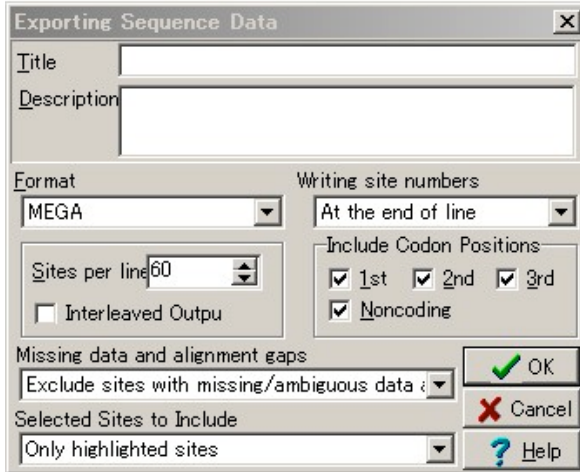


Highlight をクリックすると、候補が挙げられ、それぞれ選らんだ配列がハイライトされる

T	T	A	A	G	A	A	A	C	A	G	A	T	T	G	C	A	G	A	T	C	G
.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.
.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.

(Variable site を選んだ場合) これを Export するために

は Data→Write to Data file をクリック



Selected Sites to Include が Only highlited sites になっていればよい。また、Writing site numbers は each site にすると便利である。

```
Exported Data
#MEGA
!Title ;
!Format
  DataType=Nucleotide
  NSeqs=7 NSites=60
  Identical=. Missing=? Indel=-;

!Domain=Exon1;
#YK9con2
GGATAATATT CATGGCCTCT CCATCATGTG AGGCGTGA
#IW2con4
..G..... .GGCGC.TAA T.A.CC.T
#IW4con3_{IW4}
.....
#IW4con2_{IW4}
C...GG... T.C..AAGA. G..C..A... .TAGC.TT
#IW4con1_{IW4}
CA.AGGCTCC .G.AA.AGAG .GGCGC.TAA T.A.CC.T
#IW5con1_{IW5}
.....
#IW5con2_{IW5}
.....
```

書き出した結果。多型サイトのみが抜きだされている。

今回紹介した例は MEGA 全体の機能の中のほんの一例に過ぎない。

実際にいろいろ遊んでみて MEGA を使い倒そう☆☆★

んじゃ。平成 18 年 11 月 11 日