

Առաջադրանք 1

Ֆիլոգենետիկական ծառի կառուցումը համակարգչային մեթոդով

Տևողությունը՝ 90ր

Ուշադրություն՝ ան, առաջադրանքի վրա նշումներ անել ՉԻ կարելի: Բոլոր հաշվարկները և պատասխանները գրանցե պատասխանների ձևաթղթում

Անհրաժեշտ պարագաներ՝

1. Համակարգիչ
2. Սույն առաջադրանքի հավելվածը, որը պարունակում է աշխատանքում օգտագործվող համակարգչային եզրույթներ (1 էջ)
3. Պատասխանների ձևաթուղթ

Աշխատանքի նկարագիրը

S և V լճերում բնակվում են տարատեսակ ոսկրային ձկներ: S լճից մեր լաբորատորիայի աշխատակիցը բռնել է 3 տեսակի ձուկ՝ A, B և C, իսկ V լճից մեկ տեսակի՝ D: Մենք ուսումնասիրել ենք այս ձկների ձևաբանությունը և գրանցել ենք տվյալները աղյուսակ 3. 2-ում (տես Մաս 3): Նաև բացահայտել ենք այս 4 տեսակի ձկների *cytB* գենի հաջորդականությունները՝ օգտագործելով երկրորդ սերոնի սեկվենավորման մեթոդը: ***Մեկվենավորում*** նշանակում է նուկլեոտիդային կամ ամինաթթվային հաջորդականության բացահայտում հատուկ սարքի՝ սեկվենատորի միջոցով:

Այս աշխատանքի ընթացքում դուք պետք է պարզեք ձկների A, B, C և D տեսակների ներկայացուցիչների ֆիլոգենետիկական ծագումը՝ հիմնվելով:

1. նրանց ձևաբանական հատկանիշների վրա,
2. նրանց մոլեկուլային տվյալների վրա:

Ծագումը պարզելու համար պետք է կիրառեք մի քանի համակարգչային մեթոդներ, որոնք կնկարագրվեն պահանջի հետ մեկտեղ:

1. Մոլեկուլային տվյալների վերլուծության համար կկատարեք ԴՆԹ-ի ***հաջորդականության հավասարեցում***
2. Ձևաբանական հատկանիշների տվյալները վերլուծելիս կօգտագործեք ***ձևաբանական տարբերության հաշվարկը***, որին կձանոթանաք աշխատանքի Մաս 3-ում:
3. Վերջում կկատարեք ձևաբանական և ֆիլոգենետիկական տվյալների ***համեմատական վերլուծություն***:

Մաս 1. (10 միավոր) Նուկլեոտիդային հաջորդականության հավասարեցումը

Հաջորդականությունների հավասարեցումը մեթոդ է, որի էությունը երկու կամ ավելի ԴՆԹ-ի, ՌՆԹ-ի կամ սպիտակուցային *հաջորդականությունների տեղադրումն է իրար տակ այնպես, որ պարզ երևան այդ հաջորդականությունների նման հատվածները*: Մոլեկուլների առաջնային կառուցվածքների նմանությունը կարող է վկայել դրանց ֆունկցիոնալ, կառուցվածքային կամ էվոլյուցիոն կապերի մասին: Սպիտակուցային կամ նուկլեոտիդային հավասարեցված հաջորդականությունները սովորաբար ներկայացվում են մատրիցի տեսքով, որտեղ յուրաքանչյուր հաջորդականությունը մեկ սող է: Այդպիսի մատրիցի օրինակ ներկայացված է ստորև:

C	C	C	A	A	C	C	A	C	A	A	C	T	A	G	A	T	G	T	C	C	T	C	C	C	T	G	A	G	A	C	C	T	T	C	C	C	A	A	C	C	C
T	G	T	C	C	T	C	T	C	A	C	C	C	A	C	T	C	C	T	G	G	A	T	T	C	T	G	C	C	T	G	A	C	C	T	C	C	A	T	C	C	T
A	A	G	A	C	A	G	C	C	T	T	T	C	C	C	A	A	C	C	A	C	C	T	A	G	A	T	G	T	C	C	T	T	C	G	G	A	G	A	C	C	
G	C	T	G	A	C	G	G	A	T	T	C	T	C	T	A	G	A	A	A	T	A	T	C	C	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Նուկլեոտիդային հաջորդականությունների հավասարեցումը ֆիլոգենետիկական ուսումնասիրության առանցքային մասն է:

Հաջորդականությունների հավասարեցումը և դրա գնահատումը

ԴՆԹ-ի հաջորդականությունը կարող է ենթարկվել տարատեսակ ձևափոխությունների (մուտացիաների): Կետային մուտացիաների տեսանկյունից այս փոփոխությունները կարելի է դասակարգել երեք հիմնական խմբերի՝ *ինսերցիա, դելեցիա և փոխարինում*:

Պահանջ 1. (2 միավոր)

Որոշեք **Ա-Գ** պնդումներից որոնք են ճիշտ և որոնք սխալ և գրանցեք պատասխանների ձևաթղթում.

Ա. AAGCG հաջորդականությունը կարող է ստացվել AAAGCG հաջորդականությունից դելեցիայի արդյունքում:

Բ. Ինսերցիան, դելեցիան և փոխարինումը ֆենոտիպային փոփոխականության դրսևորումներ են:

Գ. Մի հաջորդականությունից մյուսը ստանալու համար անհրաժեշտ փոփոխությունների մեծ քանակը (ինսերցիա, դելեցիա, փոխարինում) վկայում է, որ դրանք ունեն էվոլյուցիոն կապ:

Դ. AAAGCG հաջորդականությունը, ենթարկվելով ինսերցիայի, այնուհետև փոխարինման, կարող է վերածվել AAAGCG հաջորդականությանը:

Պահանջ 2.

Երկու հաջորդականությունների համեմատման համար օգտագործվող չափումներից է **խմբագրման շրջանակը** (edit distance): Խմբագրման շրջանակը կետային փոփոխությունների փոքրագույն քանակն է (ինսերցիա, դելեցիա կամ փոխարինում), որն անհրաժեշտ է կատարել մի հաջորդականությունը մյուսին վերածելու համար: Խմբագրման շրջանակը հարմար է օգտագործել հաջորդականության հավասարեցումը գնահատելու համար:

Խմբագրման շրջանակը հաշվելու պարզագույն եղանակը բոլոր կետային փոփոխություններին հավասար արժեք տալն է (օրինակ՝ ն՝ ինսերցիան, ն՝ դելեցիան, ն՝ փոխարինումը՝ մեկ միավոր): Այդ դեպքում ընդունում ենք, որ փոփոխությունները տեղի են ունենում նույն հավանականությամբ: Սակայն միշտ պետք է հիշենք, որ բնության մեջ ինսերցիայի, դելեցիայի կամ փոխարինման տեղի ունենալու հավանականությունները տարբեր են: Այդ պատճառով ամեն փոփոխությանը կվերագրենք որոշակի արժեք: Օրինակ՝ եթե մեկ փոխարինման արժեքը սահմանենք μ , մեկ ինսերցիայի կամ դելեցիայի արժեքը՝ σ , իսկ միատեսակ նուկլեոտիդների զույգի արժեքը՝ 1, ապա խմբագրման շրջանակը հաշվելու համար կունենանք հետևյալ բանաձևը.

խմբագրման շրջանակ = միատեսակ նուկլեոտիդների զույգերի քանակ –

- μ * փոխարինումների քանակ - σ *(ինսերցիաների և դելեցիաների քանակ)

Տրված են հետևյալ զույգ հաջորդականությունները.

Զույգ 1	AAAGCGGAAGTCACAG	Զույգ 2	AAAG-C-GGAAGTCACAG
	. . - .		- - - - .
	AAGGCTGAAGT-ATAG		AA-GGCTG-AAGT-ATAG

Ա. (2 միավոր) Կատարեք խմբագրման շրջանակի հաշվարկ այս երկու հաջորդականությունների զույգերի համար՝ օգտագործելով խմբագրման շրջանակի բանաձևը և ընդունելով հետևյալ արժեքները.

միատեսակ նուկլեոտիդների մեկ զույգ = 1

մեկ դելեցիա կամ ինսերցիա (σ) = 1

մեկ փոխարինում (μ) = 1

Հաշվարկը կատարեք և արդյունքները գրանցեք պատասխանների ձևաթղթում:

Բ. (2 միավոր) Կատարեք խմբագրման շրջանակի հաշվարկ այս երկու հաջորդականությունների գույգերի համար՝ օգտագործելով խմբագրման շրջանակի բանաձևը և ընդունելով հետևյալ արժեքները.

միատեսակ նուկլեոտիդների մեկ գույգ = 1

մեկ դելեցիա կամ ինսերցիա (σ) = 1

մեկ փոխարինում (μ) = 2

Հաշվարկը կատարեք և արդյունքները գրանցեք պատասխանների ձևաթղթում:

Գ. (4 միավոր) Կատարված հաշվարկի (Ա-Բ) հիման վրա որոշեք **1-4** պնդումներից որոնք են ճիշտ և որոնք սխալ

1. Ա-ում ստացված խմբագրման շրջանակի արժեքները վկայում են, որ հաջորդականությունների առաջին գույգը ավելի լավ է հավասարեցված, քան երկրորդը:
2. Ա-ում ստացված խմբագրման շրջանակի արժեքները վկայում են, որ հաջորդականությունների առաջին գույգը ավելի վատ է հավասարեցված, քան երկրորդը:
3. Բ-ում ստացված խմբագրման շրջանակի արժեքները վկայում են, որ հաջորդականությունների առաջին գույգը ավելի վատ է հավասարեցված, քան երկրորդը:
4. Բ-ում ստացված խմբագրման շրջանակի արժեքները վկայում են, որ հաջորդականությունների առաջին գույգը ավելի լավ է հավասարեցված, քան երկրորդը:

Մաս 2. Հաջորդականությունների հավասարեցումը և ֆիլոգենետիկական ծառի կառուցումը համակարգչային մեթոդով

Կենսաբանական հետազոտության մեջ օգտագործվող հաջորդականությունները հաճախ շատ երկար են: Այդ պատճառով դրանց հավասարեցումը, հավասարեցման գնահատումը և հաջորդիվ գործողությունները հնարավոր է իրականացնել միայն համակարգչային մեթոդների կիրառմամբ: Այս առաջարկանքում կկիրառեք MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) ձրագիրը հաջորդականությունները հավասարեցնելու համար, այնուհետև կօգտագործեք հավասարեցված հաջորդականությունները UPGMA (Unweighed Pair Group Method with Arithmetic mean) մեթոդով ֆիլոգենետիկական ծառ կառուցելու համար:

UPGMA-ն պարզ իտերատիվ (կրկնողական) մեթոդ է ազգակցության և ֆիլոգենետիկական ծառի յուրաքանչյուր ճյուղի հարաբերական երկարության որոշման համար: Այն հիմնվում է մոլեկուլային տվյալների վրա: Որոշման ընթացքում նվազագույն հեռավորության

կլաստերների (խումբ, բազմություն) գույգը միավորվում է ավելի բարձր մակարդակի կլաստերի յուրաքանչյուր կրկնողության ժամանակ:

Պահանջ 1

Այս առաջարկանքում ձեզ տրված են ձկների 4 տեսակների **cytb գենի** սեկվենավորված հաջորդականությունները, որոնք պահվում են **sequences.fas** ֆայլում: Կատարեք այդ հաջորդականությունների հավասարեցումը՝ օգտվելով Ընթացակարգ 1-ից:

ԸՆԹԱՑԱԿԱՐԳ 1. Հաջորդականությունների հավասարեցումը ClustalW ալգորիթմով (հրամանների թարգմանությունները տես սույն աշխատանքի հավելվածում)

1. Ակտիվացրեք MEGA7 ծրագիրը՝ տանելով մկնիկի կուրսորը համակարգչի էկրանի MEGA7 պատկերակի (տես ստորև) վրա և երկու անգամ սեղմեք ձախ ստեղծը: Կրկնվի MEGA-ի հիմնական պատուհանը:



MEGA7-ի պատկերակը

2. MEGA-ի հիմնական պատուհանի մեջ սեղմեք **Align** ներդիրը և ընտրեք **Edit/Build Alignment** հրամանը:
3. Ընտրեք **Create New Alignment** և սեղմեք **Ok**: Կրկնվի պատուհան, որը հարցնում է “Are you building a DNA or Protein sequence alignment?”: Սեղմեք “DNA” կոճակը: Կրկնվի **Alignment Explorer** ենթապատուհանը:
4. **Alignment Explorer-ի** գլխավոր պատուհանից ընտրեք **Data** ներդիրի **Open** խմբի **Retrieve sequences from File** հրամանը: Ընտրեք “**sequences.fas**” ֆայլը և սեղմեք “**Open**” կոճակը, որպեսզի ներմուծեք հաջորդականությունները ծրագրի մեջ:
5. Ընտրեք **Edit** ներդիրի **Select All** հրամանը, որպեսզի նշեք ներմուծված հաջորդականությունների բոլոր դիրքերը:
6. Ընտրեք **Alignment** ներդիրի **Align by ClustalW** հրամանը, որպեսզի հավասարեցնեք նշված հաջորդականությունները ըստ ClustalW ալգորիթմի: Սեղմեք **Ok**, որպեսզի ընդունեք սկզբնադիր կարգավորումները:
7. Գործընթացը ավարտվելուն պես պահպանեք հավասարեցված հաջորդականությունները՝ ընտրելով **Data** ներդիրի **Export Alignment** խմբի **MEGA format** հրամանը: Անվանեք ֆայլը “**ձեր կոդը.meg**” (օրինակ՝ օլիմպիադայի մասնակցի ձեր կոդն է 12345, հետևաբար անվանումը կլինի՝ “12345.meg”): Սեղմեք **Save** կոճակը: Կհայտնվի **Title** պատուհանը. կրկին ներմուծեք ձեր կոդը և սեղմեք **Ok** կոճակը: Այնուհետև կհայտնվի ևս մի

պատուհան, որը հարցնում է “*Protein-coding nucleotide sequence data?*”:
Հաստատեք՝ սեղմելով “**Yes**” կոճակը:

8. Ելք գործերը *Alignment Explorer* ենթապատուհանից՝ ընտրելով **Data** ներդիրի *Exit Aln Explorer* հրամանը:

Այսպիսով կատարեցիք **sequences.fas** ֆայլում պահպանված ձկների 4 տեսակների **cytb գենի** սեկվենավորված հաջորդականությունների հավասարեցում և պահպանեցիք հավասարեցված հաջորդականությունները **ձեր կողմ.meg** ֆայլում:

Պահանջ 2.

Օգտագործելով նախորդ առաջադրանքում հավասարեցված հաջորդականությունները, կառուցեք ֆիլոգենետիկական ծառ A, B, C և D տեսակների համար UPGMA մեթոդի կիրառմամբ: Դա կատարելու համար օգտվեք Ընթացակարգ 2-ից:

ԸՆԹԱՑԱԿԱՐԳ 2. Ֆիլոգենետիկական ծառի կառուցումը UPGMA մեթոդով և պահպանումը

1. Նախորդ առաջադրանքից բաց մնացած MEGA-ի հիմնական պահուստի *Phylogeny* ներդիրից ընտրեք **Construct/Test UPGMA Tree...** հրամանը: Կրկնակի պատուհան, որտեղ կլինի “ձեր կողմ.meg” ֆայլը, որը ստեղծել էիք նախապես՝ նախորդ առաջադրանքում:
2. Ընտրեք “ձեր կողմ.meg” ֆայլը և սեղմեք “**Open**” կոճակը. կրկնակի նոր պատուհան:
3. Բացված պատուհանում սեղմեք “**Compute**” կոճակը: Կրկնակի *Tree Explorer* ենթապատուհանը, որտեղ պատկերված է ձեր կառուցած ֆիլոգենետիկական ծառը:
4. Պահպանեք ծառը՝ ընտրելով *Image* ներդիրի **Save as PNG file** հրամանը: Անվանեք ֆայլը “ձեր կողմ.png” (օրինակ՝ “12345.png”):
5. Ելք գործերը *Tree Explorer* ենթապատուհանից՝ ընտրելով **File** ներդիրի *Exit Tree Explorer* հրամանը: Կրկնակի պատուհան, որը հարցնում է “*Existing Tree Explorer will discard the results? Use File-> Save Session to store information for the future. Discard?*”: Հաստատեք՝ սեղմելով **Ok** կոճակը:

Կատարեցիք ֆիլոգենետիկական ծառի կառուցում ձկների A-D տեսակների համար՝ օգտագործելով նախորդ առաջադրանքում հավասարեցված ԴՆԹ-ի տվյալները:

Մաս 3. Ձևարանական և ֆիլոգենետիկական տվյալների համեմատական հետազոտություն

Պահանջ 1.

Այս առաջադրանքում ձեզ անհրաժեշտ է գտնել ֆիլոգենետիկական հեռավորությունը A, B, C, D յուրաքանչյուր զույգի համար: Այդ նպատակով օգտագործեք Ընթացակարգ 3-ը:

ԸՆԹԱՑԱԿԱՐԳ 3. Ֆիլոգենետիկական հեռավորության որոշումը

1. Նախորդ առաջադրանքից բաց մնացած MEGA-ի հիմնական պատուհանի *Distance* ներդիրից ընտրեք *Compute Pairwise Distance* հրամանը: Կբացվի պատուհան, որը հարցնում է “*Would you like to use the currently active data?*”: Հաստատեք՝ սեղմելով “**Yes**” կոճակը:
2. Բացված պատուհանում սեղմեք “*Compute*” կոճակը: Կբացվի *Pairwise Distance* ենթապատուհանը, որտեղ պատկերված է զույգերի ֆիլոգենետիկական հեռավորությունների աղյուսակը:
3. Ստացված աղյուսակի տվյալները լրացրեք *պատասխանների ձևաթղթում* (աղյուսակ 3.1):
4. Ելք գործեք *Pairwise Distance* ենթապատուհանից՝ ընտրելով **File** ներդիրի *Quit Viewer* հրամանը:

Տեսակ	A	B	C	D
A	-	-	-	-
B		-	-	-
C			-	-
D				-

Աղյուսակ 3.1 Ֆիլոգենետիկական հեռավորությունների աղյուսակը

Պահանջ 2.

Աղյուսակ 2-ում ներկայացված են ձկների որոշ բնութագրեր, որոնք չափված են A, B, C, D տեսակների համար:

Տեսակ	Գլխի երկարությունը, սմ (M)	Աչքի տրամագիծը, սմ (M ₁)	Աչքերի միջև հեռավորությունը, սմ (M ₂)	Ճակատի բարձրությունը, սմ (M ₃)
A	50	5	16	27.5
B	70	5.6	17.92	30.8
C	42	3.4	10.88	18.7
D	66	6.86	21.952	37.73

Աղյուսակ 3.2

Այս առաջադրանքում ձեզ անհրաժեշտ է հաշվել ձևաբանական հեռավորությունը տեսակների յուրաքանչյուր զույգի համար: Տարբեր բնութագրերի ուսումնասիրությանը խոչնդոտում է այն, որ դրանց արժեքները առաջին հերթին որոշվում են առանձնյակի ընդհանուր երկարությամբ: Այդ իսկ պատճառով ձևաբանական ուսումնասիրությունը

սկսեք տվյալների ընդհանուր չափսերի շտկումից՝ հաշվելով չափումների ստանդարտացված արժեքները, որի համար **բաժանեք յուրաքանչյուր չափման տվյալը ձկան գլխի երկարության վրա**.

$$M'_i = M_i / M, \text{ որտեղ}$$

M_i -ը բնութագրի (օրինակ՝ Աչքի տրամագիծը) չափման արժեքն է
 M'_i -ը բնութագրի չափման ստանդարտացված արժեքն է
 M -ը ձկան գլխի երկարությունն է

Յուրաքանչյուր չափման M_1, M_2, M_3 համար որոշեք M'_1, M'_2, M'_3 արժեքները և գրանցեք դրանք **պատասխանների ձևաթղթի աղյուսակ 3.3**-ում ստորակետից հետո երրորդ նիշի ճշտությամբ:

Տեսակ	Աչքի տրամագիծը (M'_1)	Աչքերի միջև հեռավորությունը (M'_2)	Ճակատի բարձրությունը (M'_3)
A			
B			
C			
D			

Աղյուսակ 3.3

Այնուհետև հաշվեք բացարձակ ձևաբանական հեռավորությունը $d_i(\mathbf{x}, \mathbf{y})$ երկու՝ \mathbf{x} և \mathbf{y} տեսակների i չափումների յուրաքանչյուր զույգի համար հետևյալ բանաձևով.

$$d_i(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = |M'_i(\mathbf{x}) - M'_i(\mathbf{y})|, \text{ որտեղ}$$

$M'_i(\mathbf{x})$ -ը ներկայացնում է i բնութագրի չափման ստանդարտացված արժեքը \mathbf{X} տեսակի համար: Օրինակ՝ A և B տեսակների թիվ 2 չափման ($M_2(A), M_2(B)$) համար բացարձակ ձևաբանական հեռավորությունը կլինի $d_2(A, B) = |M'_2(A) - M'_2(B)|$:

Գրանցեք ձեր տվյալները **պատասխանների ձևաթղթի աղյուսակ 3.4**-ում ստորակետից հետո երրորդ նիշի ճշտությամբ:

Տեսակ	$d_1(\mathbf{x}, \mathbf{y})$	$d_2(\mathbf{x}, \mathbf{y})$	$d_3(\mathbf{x}, \mathbf{y})$
A, B			
A, C			
A, D			
B, C			
B, D			
C, D			

Աղյուսակ 3.4

Տարբեր տեսակների միացյալ ձևաբանական հեռավորությունը հաշվելու համար պետք է սկզբից ստանդարտացնել հեռավորությունները, որպեսզի բերենք դրանք նույն նշանակության:

Ստանդարտացման պարզ եղանակ է բացարձակ տարբերությունների $d_i(x,y)$ մեծությունների բաժանումը տեսակների բոլոր գույգերի տարբերությունների dm_i մեդիանի վրա.

$$ds_i(x,y) = d_i(x,y) / dm_i$$

Մեդիանը թվերի բազմության կենտրոնական միտվածության չափում է: Այն կարելի է որոշել՝ դասավորելով բազմության թվերը աճման կարգով և վերցնելով մեջտեղի անդամը: Օրինակ՝ {11, 9, 3, 5, 5} բազմության թվերը աճման կարգով դասավորելուց հետո կունենանք {3, 5, 5, 9, 11}, և մեդիանը կլինի 5: Եթե բազմությունն ունի գույգ թվով անդամներ, մեդիանը երկու մեջտեղի անդամների միջին թվաբանականն է (օրինակ՝ {1, 3, 7, 5} բազմության մեդիանը գտնելու համար նախ անդամները կդասավորենք աճման կարգով՝ {1, 3, 5, 7}, և մեդիանը կլինի $(3+5) : 2 = 4$):

Հաշվեք համապատասխան մեդիանները յուրաքանչյուր հատկանիշի համար և գրանցեք *պատասխանների ձևաթղթի աղյուսակ 3.5*-ում:

	dm_1	dm_2	dm_3
Արժեք			

Աղյուսակ 3.5

Կատարեք բոլոր հեռավորությունների ստանդարտացում և գրանցեք ձեր արդյունքները *պատասխանների ձևաթղթի աղյուսակ 3.6*-ում ստորակետից հետո երեք նիշի ճշտությամբ:

Տեսակ	$ds_1(x,y)$	$ds_2(x,y)$	$ds_3(x,y)$
A, B			
A, C			
A, D			
B, C			
B, D			
C, D			

Աղյուսակ 3.6

Հիմա հաշվեք միացյալ ձևաբանական հեռավորությունը $D(x,y)$ յուրաքանչյուր (x,y) գույգի համար՝ արտահայտված այդ գույգի բոլոր ստանդարտացված հեռավորությունների գումարով:

$$D(x,y) = ds_1(x,y) + ds_2(x,y) + ds_3(x,y)$$

Գրանցեք ձեր արդյունքները *պատասխանների ձևաթղթի աղյուսակ 3.6-ի առաջին սյունակում*՝ $D(x,y)$, ստորակետից հետո երրորդ նիշի ճշտությամբ: Համեմատեք այս

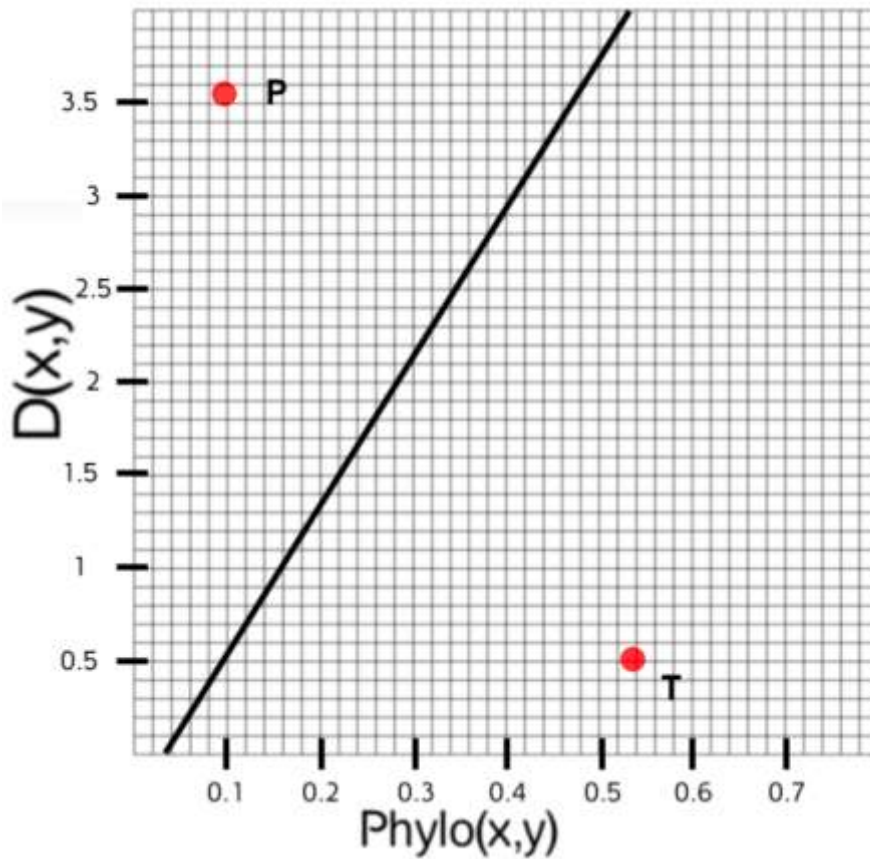
սյունակի տվյալները ֆիլոգենետիկական հեռավորությունների աղյուսակի հետ (աղյուսակ 3.1), որը ստացել էք առաջին պահանջում: Արտագրեք այնտեղի տվյալները **պատասխանների ձևաթղթի աղյուսակ 3.6-ի երկրորդ՝ *Phylo(x,y)* սյունակում:**

Տեսակ	D(x,y)	Phylo(x,y)
A, B		
A, C		
A, D		
B, C		
B, D		
C, D		

Աղյուսակ 3.7 Ձևաբանական և ֆիլոգենետիկական հեռավորություններ աղյուսակը

Պահանջ 3.

Եթե ձևաբանական (մորֆոլոգիական) փոփոխությունները տեղի են ունենում հաստատուն արագությամբ, ապա բազմակի հատկանիշների համար չափած ձևաբանական տարբերությունը տեսակների զույգերի միջև պետք է հստակ կոռելացվի տեսակների միջև ընկած ֆիլոգենետիկական հեռավորությունների հետ, ինչպես որոշվել էր մոլեկուլային տվյալների հիման վրա: Նախորդ առաջադրանքներում ստացված չափումների արդյունքները A, B, C, D տեսակների զույգերի համար այժմ օգտագործեք այդ կոռելյացիան որոշելու համար: Դրա համար կառուցեք կետային գրաֆիկ՝ օգտագործելով ձևաբանական և ֆիլոգենետիկական հեռավորությունների աղյուսակը պահանջ 2-ից՝ ձևաբանական հեռավորության արժեքը՝ $D(x,y)$ -ը, ընդունելով որպես x կոորդինատ, իսկ ֆիլոգենետիկական հեռավորությունը՝ $Phylo(x,y)$ -ը, ընդունելով որպես y կոորդինատ:



Արդյունքների քննարկում

Ֆիլոգենետիկական և ձևաբանական հեռավորությունների գրաֆիկական պատկերը ցույց է տալիս երկու ակնհայտ տվյալների՝ P և T կետերի դուրս մնալը: Հետևյալ վարկածներից յուրաքանչյուրի համար պատասխանեք՝ կարող է արդյոք այն բացատրել այս դուրս մնացող P և T տվյալները: Գրանցեք ձեր պատասխանները պատասխանների ձևաթղթում:

Ա. P զույգի երկու տեսակներն էլ մոտազգակցական են, բայց աշխարհագրորեն մեկուսացված են և հարմարվել են բնական շատ մոտիկ պայմանների

Բ. P զույգի տեսակներից մեկի նախնին գաղութացրեց բաձարձակապես տարբեր այլ բնակավայր հիմնովին տարբերվող ընտրության ճնշմամբ, ինչը և հիմնովին փոփոխեց նրանց ձևաբանությունը:

Գ. T զույգի երկու տեսակն էլ ենթարկվել են արագ էկոլոգիապես ուղղորդվող հարմարվողական (ադապտացնող) ճյուղավորման:

Դ. Լինելով միայն հեռու ազգակից՝ T զույգի երկու տեսակն էլ սնվում են շատ նման ռեսուրսներով, ինչը նպաստել է, որ նրանց ձևաբանությունը զարգանա համամիտման ուղիով: