

## Instrukcja obsługi programu Mega

(opracowana w trakcie warsztatu metodycznego w dniu 28 04 2009 r.)

1. Wpisz w okno przeglądarki [WWW.megasoftware.net](http://WWW.megasoftware.net) i pobierz plik instalacyjny
2. Plik zapisze się na pulpicie lub w folderze „pobieranie”
3. Uruchom plik instalacyjny przez dwukrotne kliknięcie na niego
4. Następnie potwierdzaj kolejne działania programu aż do końca czyli zainstalowania Mega na twoim komputerze
5. Wejdź w start, wszystkie programy i znajdź Mega – kliknij prawym klawiszem myszy na nazwie i wydaj komendę *wyślij do – na pulpit – utwórz skrót*
6. Otwórz program korzystając już ze skrótu na pulpicie
7. Wejdź w *alignment* i wybierz *query data banks* – program połączy cię ze stroną internetową narodowego banku danych genetycznych
8. Wpisz w okno strony odpowiednią nazwę – np. *hominidae complete genome mitochondrion not homo* i kliknij *go*
9. Otrzymasz kilka genomów mitochondrialnych hominidae np. goryla, szympansa, orangutana
10. W nazwę – link genomu klikaj prawym klawiszem myszy i wydaj komendę otwórz w nowym oknie
11. Po otwarciu genomu w nowym oknie kliknij *add to alignment* i potwierdź *yes* w oknie dialogowym
12. Wykonaj tę czynność tak dużo razy jak dużo genomów jest ci potrzebnych
13. W razie potrzeby należy zmienić nazwy genomów klikając dwa razy w nazwę aktualną po czym wpisując nową.
14. Teraz należy przyciąć sekwencje do określonej liczby nukleotydów np. 3001, wpisując ją w okienko w dolnym lewym rogu okna z sekwencjami a następnie potwierdzić *enter*
15. Następnie należy zaznaczyć szary prostokąt nad 3001-wszym nukleotydem – zaznaczymy wtedy kolumnę nukleotydów we wszystkich naszych genomach
16. Żeby przyciąć genomy należy zaznaczyć część ponad 3001 nukleotydem – *Shift i end* (przytrzymać Shift i wcisnąć end) a następnie kliknąć *delete* – otrzymamy sekwencje równej długości.
17. Przechodzimy teraz do przyrównanie sekwencji – uruchamiamy przyrównanie klikając literkę *W* na pasku narzędzi a następnie wybierając proponowane opcje.
18. Po przyrównaniu należy zapisać pliki nadając im zrozumiałe nazwy (bez polskich znaków) w formacie *fas* i *mega* klikając w *export data* i dalej *format fas* i za drugim razem *format mega*. Należy zwrócić uwagę, gdzie zapisują się te pliki żeby można było do nich później dotrzeć.
19. Otwieramy plik w formacie *mega* i wybieramy z paska narzędzi *phylogeny* a potem *construct phylogeny* i *neighbour joining* – tworzymy drzewo filogenetyczne, które możemy potem zapisać na dysku i zanalizować.
20. Jeśli mamy dwa pliki osobno to możemy je połączyć ze sobą – otwieramy jeden z nich w formacie *mega* i wybieramy z paska narzędzi *Edit* a następnie *insert sequences from file* – otwiera się okno z plikami *mega* zapisanymi wcześniej przez nas – wybieramy ten, który chcemy przyłączyć i potwierdzamy *insert*.
21. W programie pojawia się komplet połączonych sekwencji – przyrównujemy je - *W*, zapisujemy w formacie *fas* i *mega* i wykonujemy nowe, większe drzewo filogenetyczne.

Powodzenia ☺