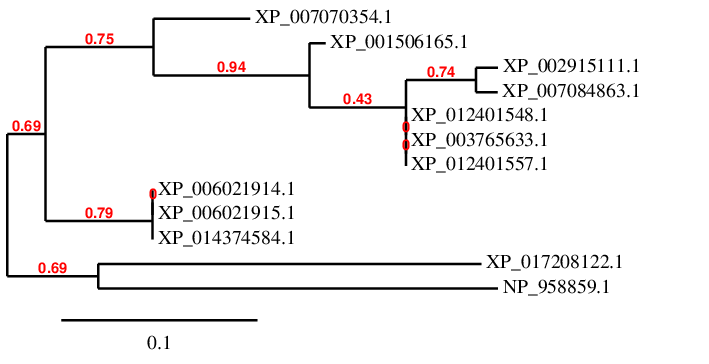
**FYLOGENETISCHE ANALYSE**

Gebruikt eiwit: XP\_014374584.1, PREDICTED: cytochrome c-type heme lyase [Alligator sinensis]

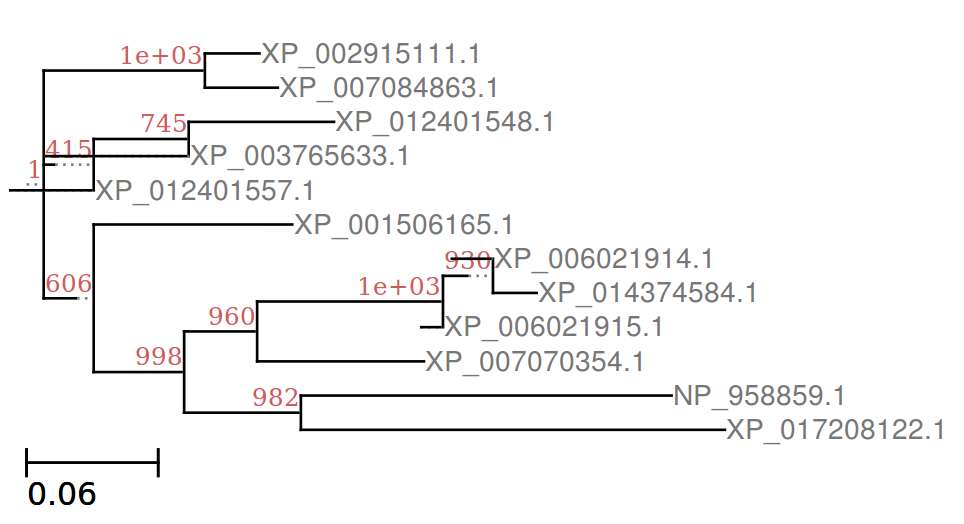
*Tussenproduct E.1*

* Er zijn in totaal 12 eiwitten gevonden in 8 verschillende soorten organismen die gelijk waren aan ons eiwit. Al deze 12 eiwitten zijn in de boom verwerkt.



Figuur . Fylogram van geänalyseerde eiwitten.

* Over het algemeen komt de boom overeen met de species tree. (nog niet af)
* XP\_002915111.1 afkomstig uit het organisme *Ailuropoda melanoleuca* en XP\_007084863.1 afkomstig uit het organisme *Panthera tigris altaica.* Deze twee eiwitten zijn afkomstig uit verschillende organismen, maar vervullen dezelfde functie; het zijn orthologen.  
    
  XP\_012401548.1, XP\_012401557.1en XP\_003765633.1 zijn alle drie afkomstig uit hetzelfde organisme; *Sarcophilus harrisii.* Dit zijn paralogen van elkaar.  
    
  XP\_017208122.1 en NP\_958859 zijn beide afkomstig van het organisme *Danio rerio* en zijn paralogen.  
    
  XP\_006021914.1, XP\_00602915.1 en XP\_014374584.1 zijn alle drie paralogen afkomstig uit ons eigen organisme de *Alligator sinensis.*
* Na de boom 990 keer te bootstrappen kwamen de volgende bootstrap waardes voor de verschillnde vertakkingen er uit:



Figuur 2. Gebootstrapte boom.

De meeste vertakkingen hebben een waarde van boven de 70% ( >693) en kunnen betrouwbaar geacht worden.

*Tussenproduct E.2*

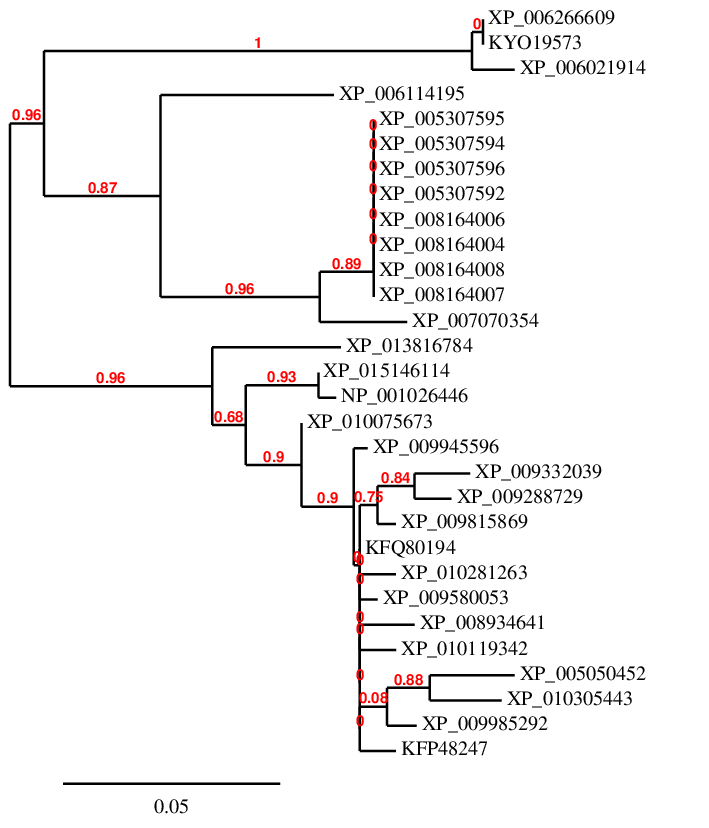
* Code:

blastp -db nr -query XP\_014374584.1 -remote -max\_target\_seqs 30 -outfmt 5 -out Blasttest

cat Blasttest | awk '/<Hit\_accession>/{print}/<Hsp\_hseq>/{print}' | sed ':again;$!N;$!b again; s/<[^>]\*>//g' | tr -d ' ' | sed 's/^/>/;n' > tpE\_XP\_sequentie

clustalw -TYPE=PROTEIN -ALIGN -infile=tpE\_XP\_sequentie -outfile=tpe2boom.aln

* Boom:



Figuur . Fylogram van eerste 30 blast hits.