

Molecular Phylogeny IV

1. Какие программы использовали для анализа? Укажите версии программ. Инструкции по установке не обязательны, но лишними не будут.

- trimAl v1.4.rev15 build[2013-12-17]
- ModelTest-NG v0.1.7
- RAxML-NG v. 1.1.0
- FigTree v1.4.4
- IQ-TREE multicore version 2.2.0.3

2. Как вырезать плохие участки из выравнивания с помощью [trimAl](#)?

```
trimal -in ./SUP35_aln_prank.best.fas -out SUP35_aln_prank_trim.fas -automated1
```

Здесь `-automated1` - опция, которая производит обрезку с использованием [метода максимального правдоподобия](#), что бы это ни значило.

3. Как подобрать модель эволюции в ModelTest (ModelTest-NG)?

Устанавливаем, скачивая с официального [репозитория](#) , и запускаем, используя

```
modeltest-ng-static -i SUP35_aln_prank_trim.fas -o SUP35_aln_prank_trim_modeltest
```

Согласно BIC, лучшая модель - TIM3+G4

4. Какая(ие) модель(и) эволюции была признана наиболее подходящей для нашего выравнивания? (Скопируйте нужную часть вывода программы).

```
Best model according to BIC
-----
Model:                TIM3+G4
lnL:                  -8998.9374
Frequencies:          0.3401 0.1970 0.2260 0.2369
Subst. Rates:          1.7149 5.6649 1.0000 1.7149 14.5197 1.0000
Inv. sites prop:      -
```

```

Gamma shape:      0.4034
Score:            18180.5947
Weight:           0.4140

Best model according to AIC
-----
Model:            GTR+I+G4
lnL:              -8992.0690
Frequencies:      0.3359 0.1972 0.2318 0.2352
Subst. Rates:     2.6594 8.3924 1.9488 2.4777 22.3348 1.0000
Inv. sites prop:  0.3594
Gamma shape:      1.4099
Score:            18038.1381
Weight:           0.7674

Best model according to AICc
-----
Model:            GTR+I+G4
lnL:              -8992.0690
Frequencies:      0.3359 0.1972 0.2318 0.2352
Subst. Rates:     2.6594 8.3924 1.9488 2.4777 22.3348 1.0000
Inv. sites prop:  0.3594
Gamma shape:      1.4099
Score:            18038.1381
Weight:           0.7674

Partition 1/1:
-----

```

	Model	Score	Weight
BIC	TIM3+G4	18180.5947	0.4140
AIC	GTR+I+G4	18038.1381	0.7674
AICc	GTR+I+G4	18038.1381	0.7674

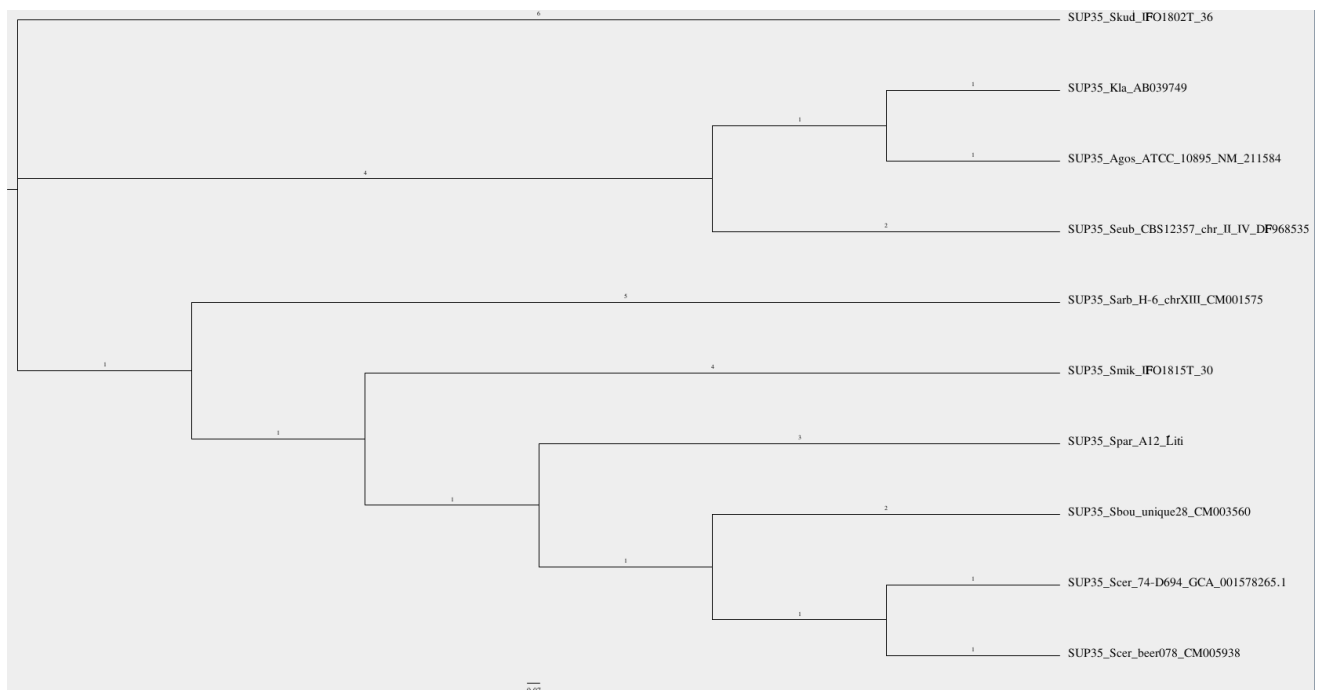
5. Постройте ML-дерево в RAxML-NG, используя выбранную модель. (Приведите код или описание действий). Давайте для единообразия ориентироваться на BIC.

```

raxml-ng --check --msa SUP35_aln_prank.trim.fas --model TIM3+G4 --prefix
SUP35_raxml_test

```

6. Отрисуйте полученное дерево (лучшее ML-дерево) и покажите рисунок. +1 балл за скрипт на любом языке, который принимает на вход название файла и автоматически рисует качественное дерево (скрипт можно привести внутри отчёта, вряд ли он очень длинный).



Если это можно назвать скриптом,

```
figtree <tree_file> ## or
figtree -graphic PNG -width 320 -height 320 <tree_file> tree.png
```

7. Как выбрать модель в ModelFinder (можно через **IQ-TREE**)?

```
iqtree2 -s SUP35_aln_prank_trim.fas -m MF
```

или

```
iqtree2 -m MFP -s SUP35_aln_prank_trim.fas --prefix SUP35_MF2
```

8. Какая модель эволюции была признана наиболее подходящей для нашего выравнивания? (Скопируйте нужную часть вывода программы). Отличаются ли модели, выбранные ModelTest и ModelFinder, и насколько сильно?

```
ALISIM COMMAND
-----
--alisim simulated_MSA -t SUP35_MF2.treefile -m
"TIM3{1.8241,6.02511,15.4148}+F{0.341253,0.192696,0.224879,0.241172}+G4{0
.39893}" --length 2025
```

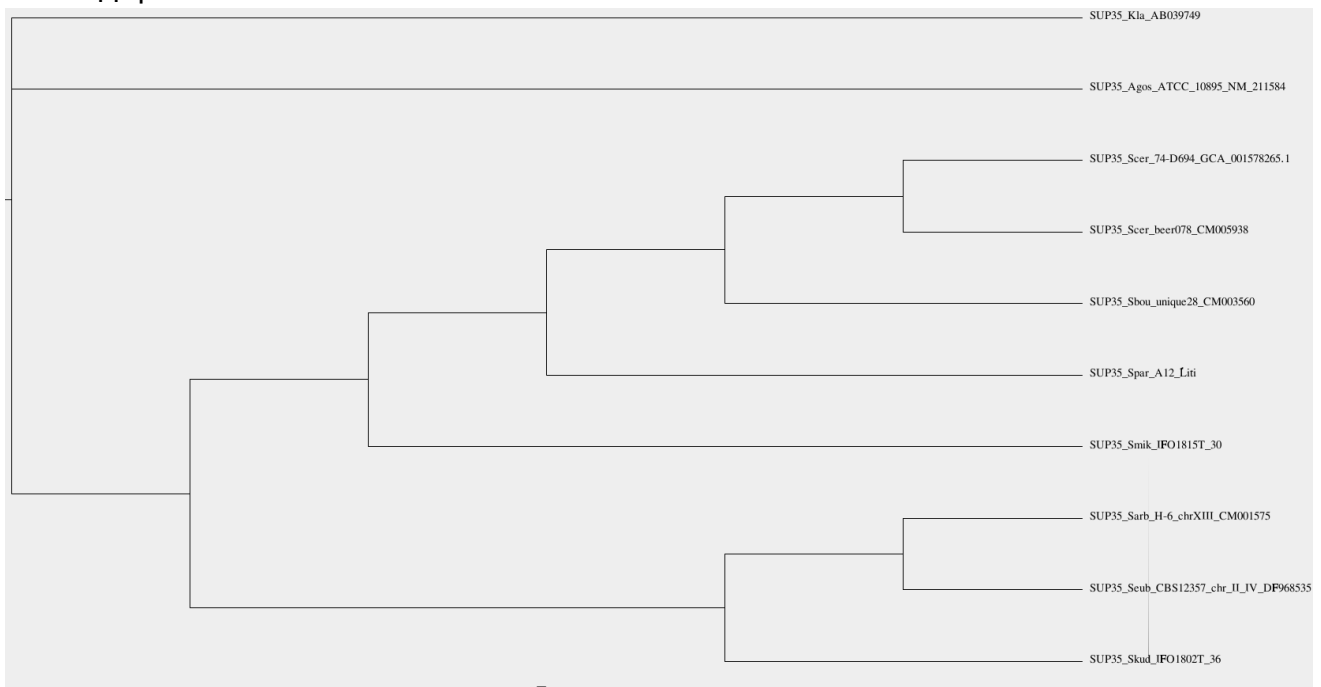
Да, в модели, предложенной IQ-TREE, присутствует F.

9. Постройте ML-дерево в IQ-TREE, используя выбранную модель. (Приведите код или описание действий.)

Предыдущий код уже строит дерево:

```
Analysis results written to:  
  IQ-TREE report:          SUP35_MF2.iqtree  
  Maximum-likelihood tree: SUP35_MF2.treefile  
  Likelihood distances:    SUP35_MF2.mldist  
  Screen log file:        SUP35_MF2.log
```

Само дерево:



10. Отрисуйте полученное дерево (лучшее ML-дерево) и покажите рисунок.

В предыдущем пункте.