

## Домашнее задание 2.

### Портнягин Егор

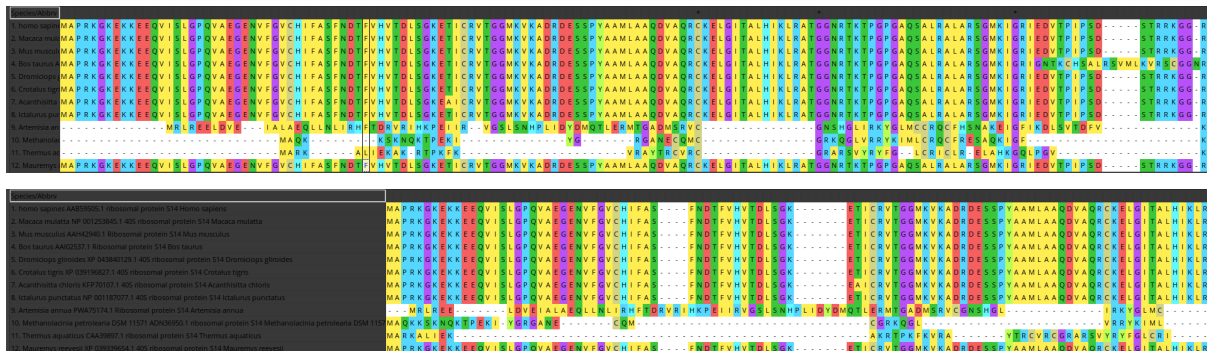
### 3 группа

Для обработки был взят ген Ribosomal protein S14.

С [NCBI](#) были скачаны следующие последовательности:

- 1.Человек - [Homo sapiens](#)
- 2.Обезьяна - [Macaca mulatta](#)
- 3.Грызуны – [Mus musculus](#)
- 4.Копытное - [Bos taurus](#)
- 5.Сумчатое - [Dromiciops gliroides](#)
- 6.Змея – [Crotalus tigris](#)
- 7.Птица - [Acanthisitta chloris](#)
- 8.Рыба - [Ictalurus punctatus](#)
- 9.Растение - [Artemisia annua](#)
- 10.Архея - [Methanobacillus thermoautotrophicus DSM 11571](#)
- 11.Бактерия - [Thermus aquaticus](#)
- 12.Черепаша - [Mauremys reevesii](#)

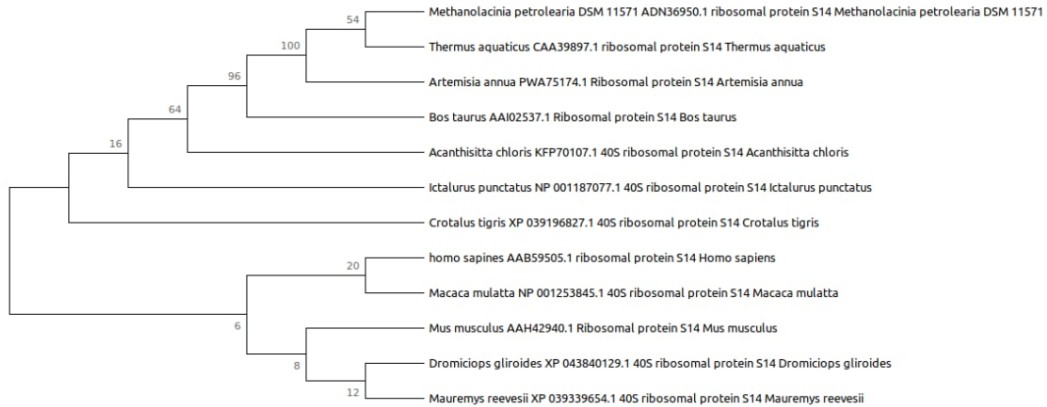
Далее, вставив все последовательности в один файл, в MEGA  
выравниваем методами Clustaw1 и Muscle:



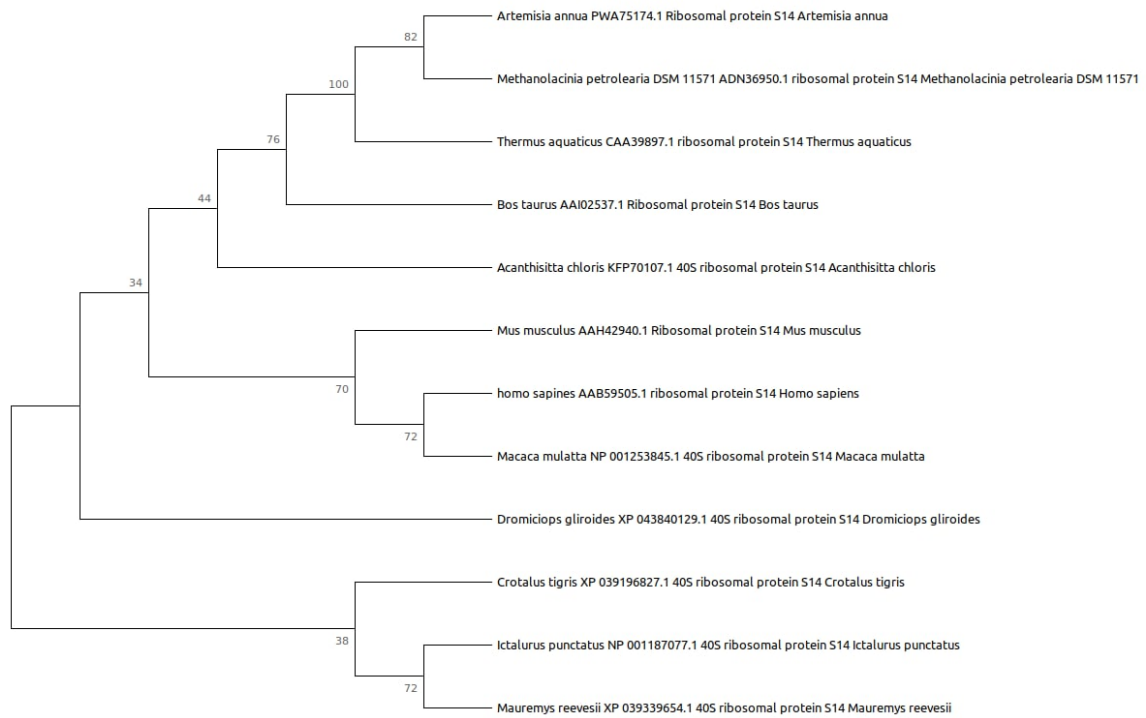
Заметим что последовательности отличаются при разных методах выравнивания.

Далее сохранив выравнивания в файлы clu.meg и mus.meg, для каждого строим филогенетические деревья тремя методами:

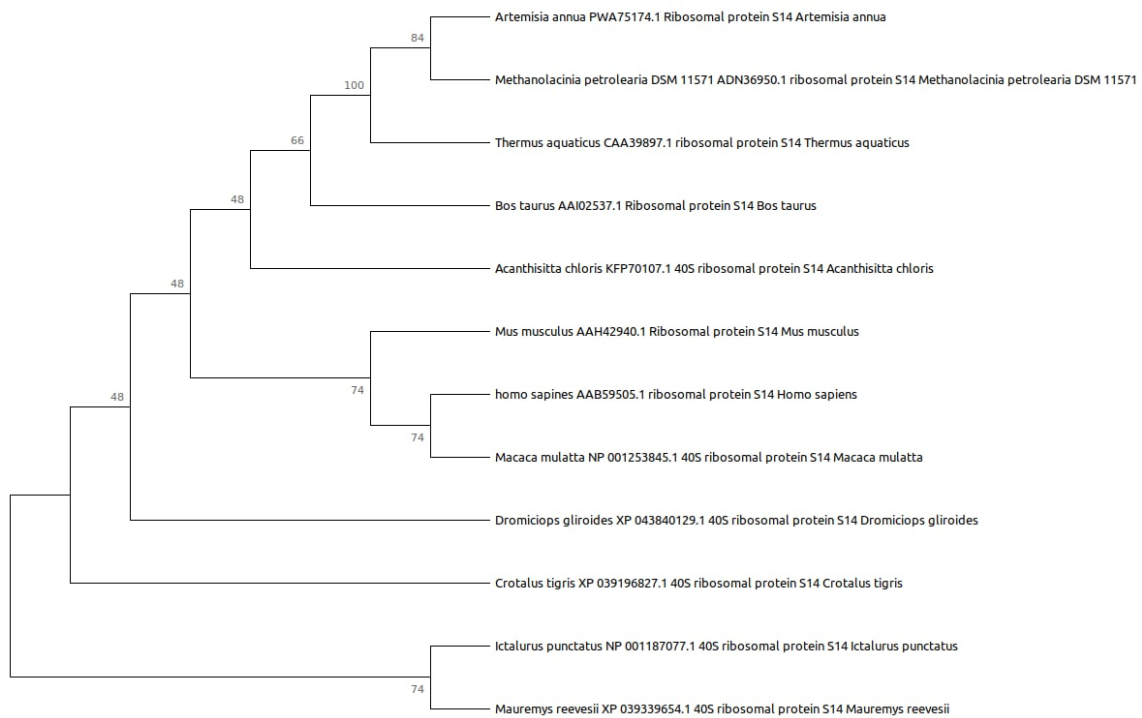
[clustawl\\_maximum\\_likelihood](#)



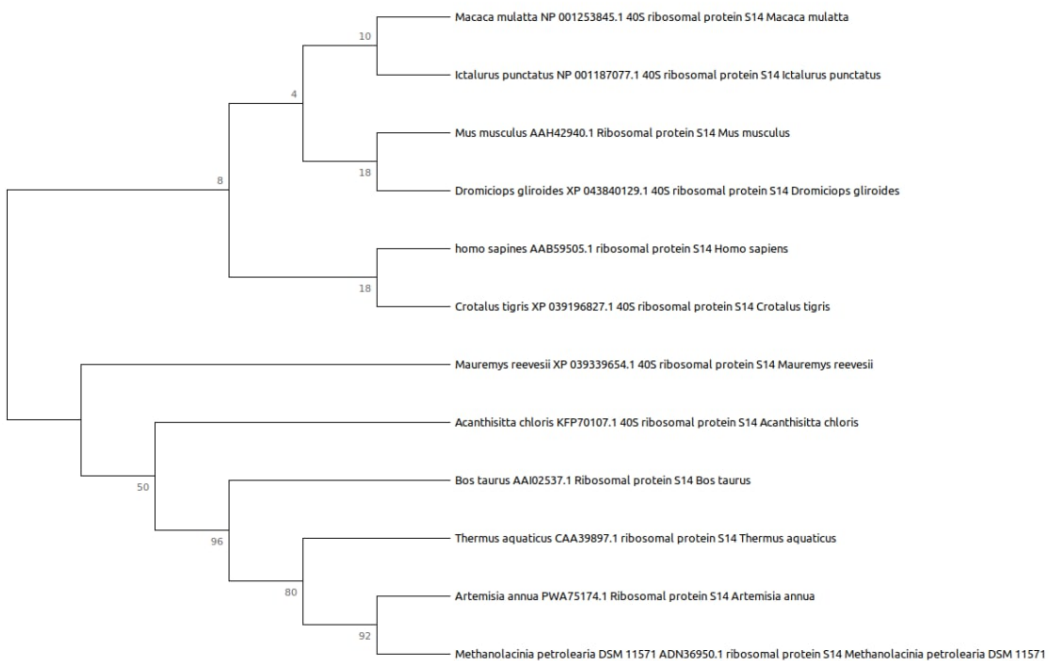
## clustawl\_minimum\_evolution



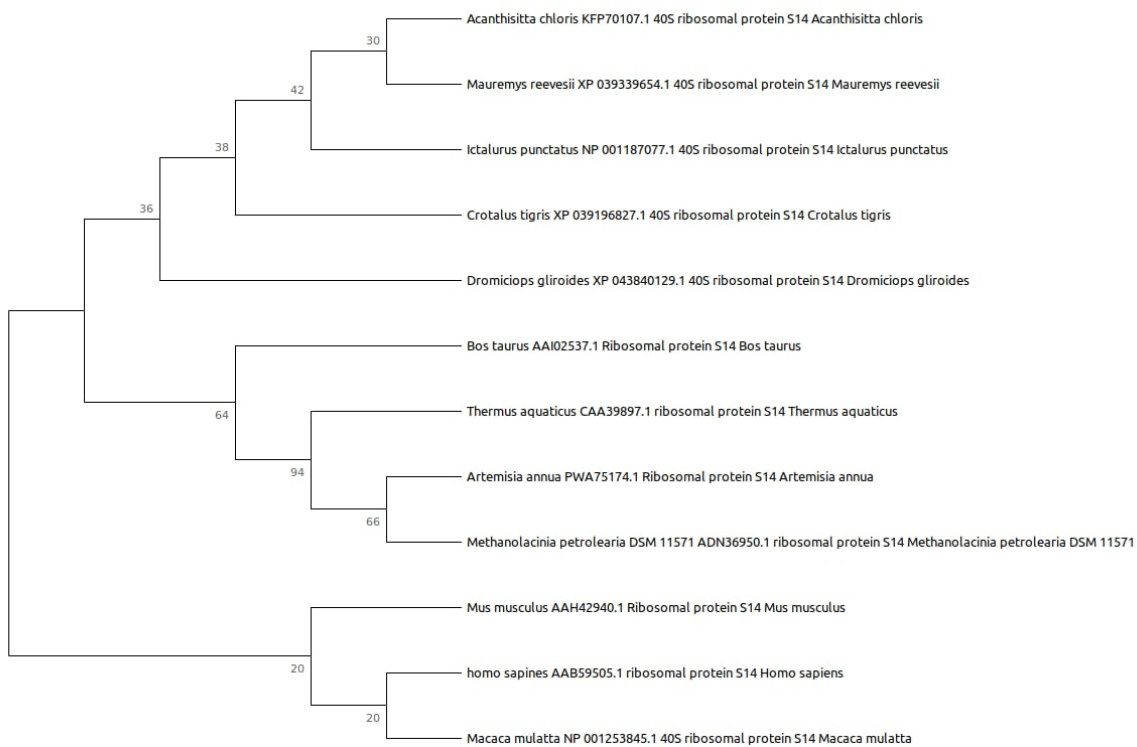
## clustawl\_neighbor\_joining



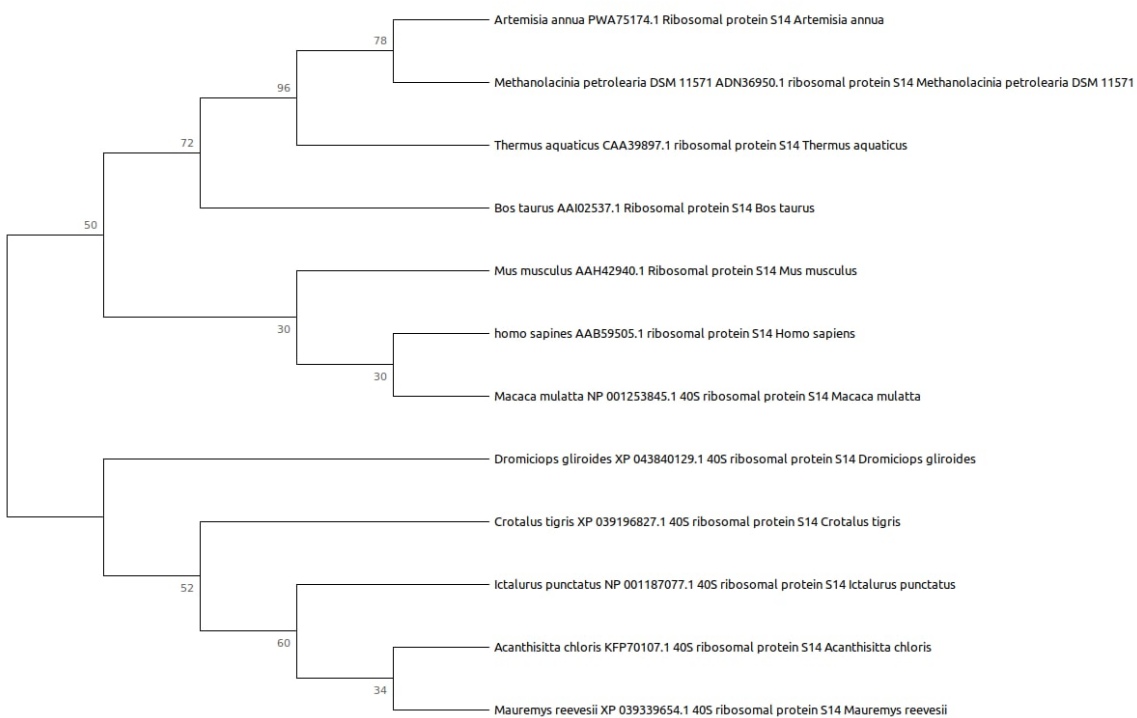
## muscle\_maximum\_likelihood



## muscle\_minimum\_evolution



### muscle neighbor joining



Muscle работает быстрее, но т.к. данные небольшие различий особенных не видно.

Деревья получились очень похожие, различия малы.

Бутстреп значения сильно различаются при выравнивании разными методами.

Деревья примерно соответствуют принятым деревьям вида, отличия присутствуют, но незначительные.