

1. Цели

- Сравнить результаты работы алгоритмов выравнивания ClustalW и Muscle на примере Ribosomal protein L7
- Сравнить топологии деревьев, полученные в результате различных методов построения
- Сравнить бутстрэп значения
- Сравнить деревья с принятыми деревьями видов

2. Скачивание данных

О данных

Данные используемые в данной работе взяты с сайта Национального центра биотехнической информации США [NCBI](#).

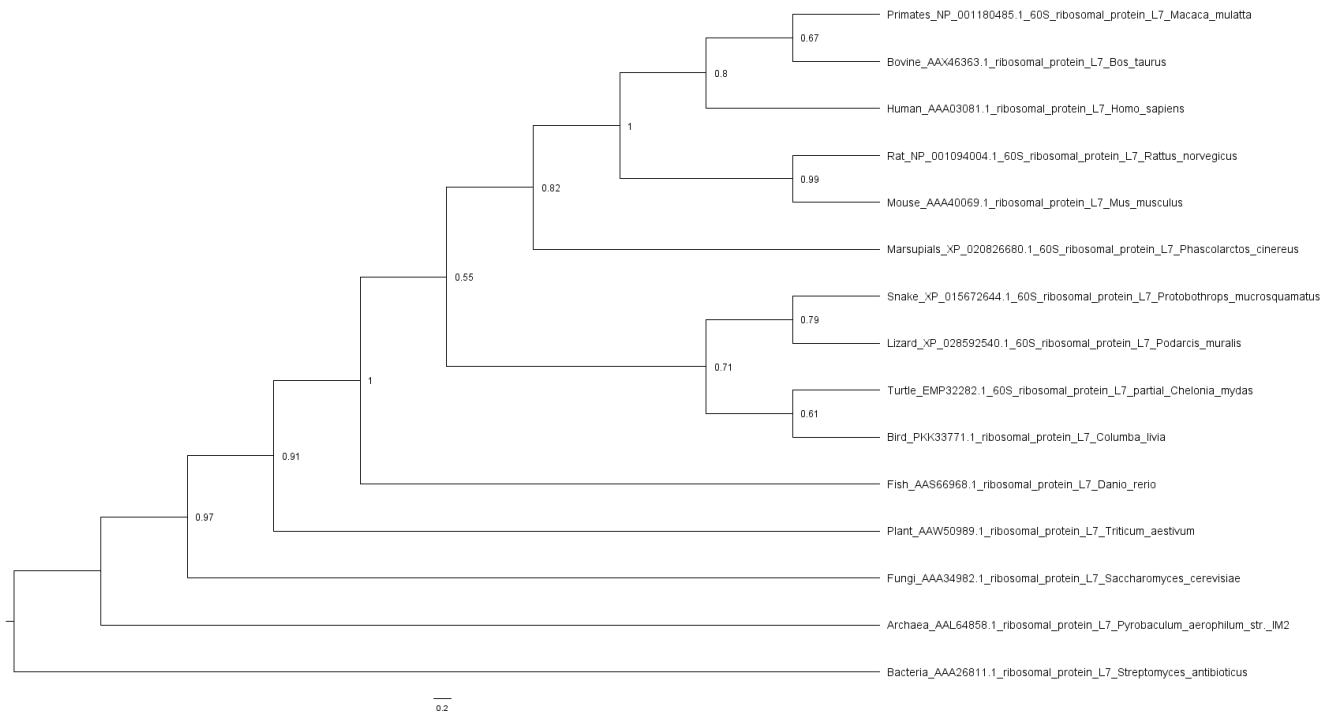
Данные об исследуемой белке могут быть найдены через поисковик белков [NCBI](#)

Также доступна [документация](#).

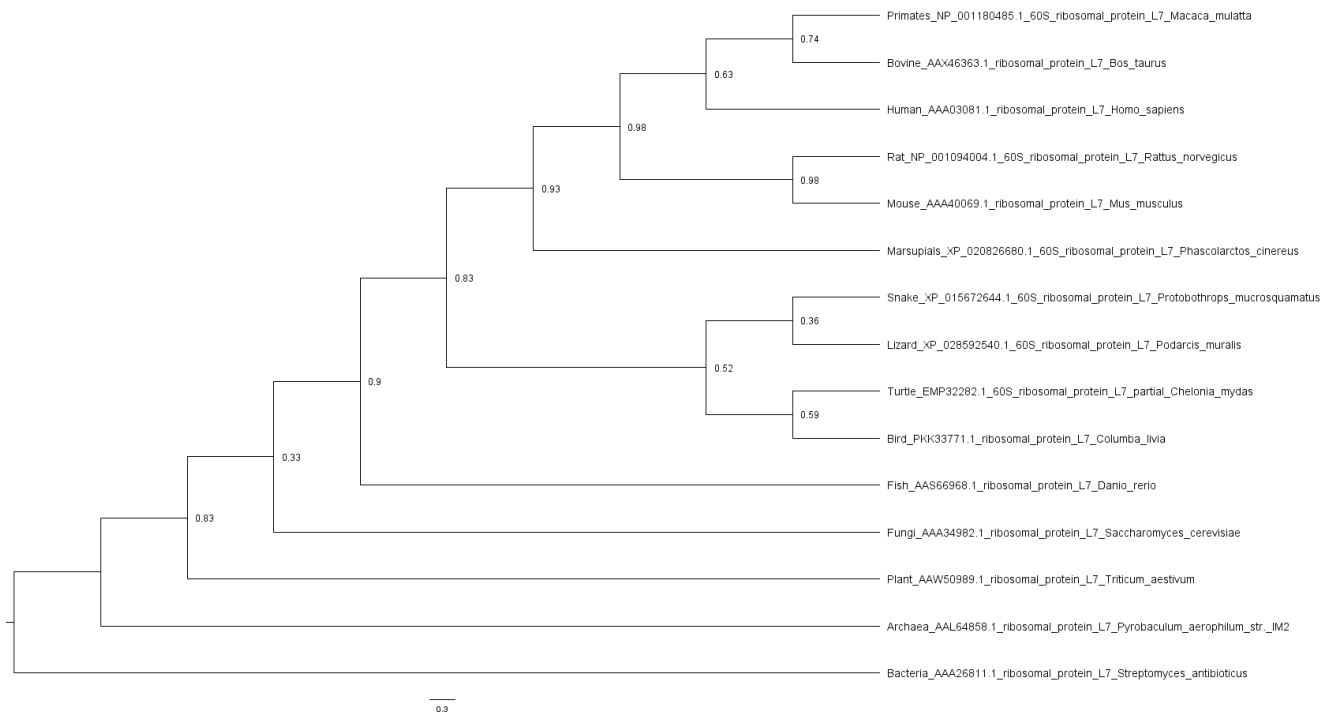
Скачивание

Скачаем последовательности в формате FASTA с NCBI:

- (1) Человек – [Homo sapiens](#)
- (2) Обезьяна – [Macaca mulatta](#)
- (3) Крыса – [Rattus norvegicus](#)
- (4) Мышь – [Mus musculus](#)
- (5) Копытное – [Bos taurus](#)
- (6) Сумчатое – [Phascolarctos cinereus](#)
- (7) Змея – [Protobothrops mucrosquamatus](#)
- (8) Ящерица – [Podarcis muralis](#)
- (9) Черепаха – [Chelonia mydas](#)
- (10) Птица – [Columba livia](#)
- (11) Рыба – [Danio rerio](#)
- (12) Растение – [Triticum aestivum](#)
- (13) Пекарские дрожжи – [Saccharomyces cerevisiae](#)
- (14) Архея – [Pyrobaculum aerophilum](#)
- (15) Бактерия – [Streptomyces antibioticus](#)

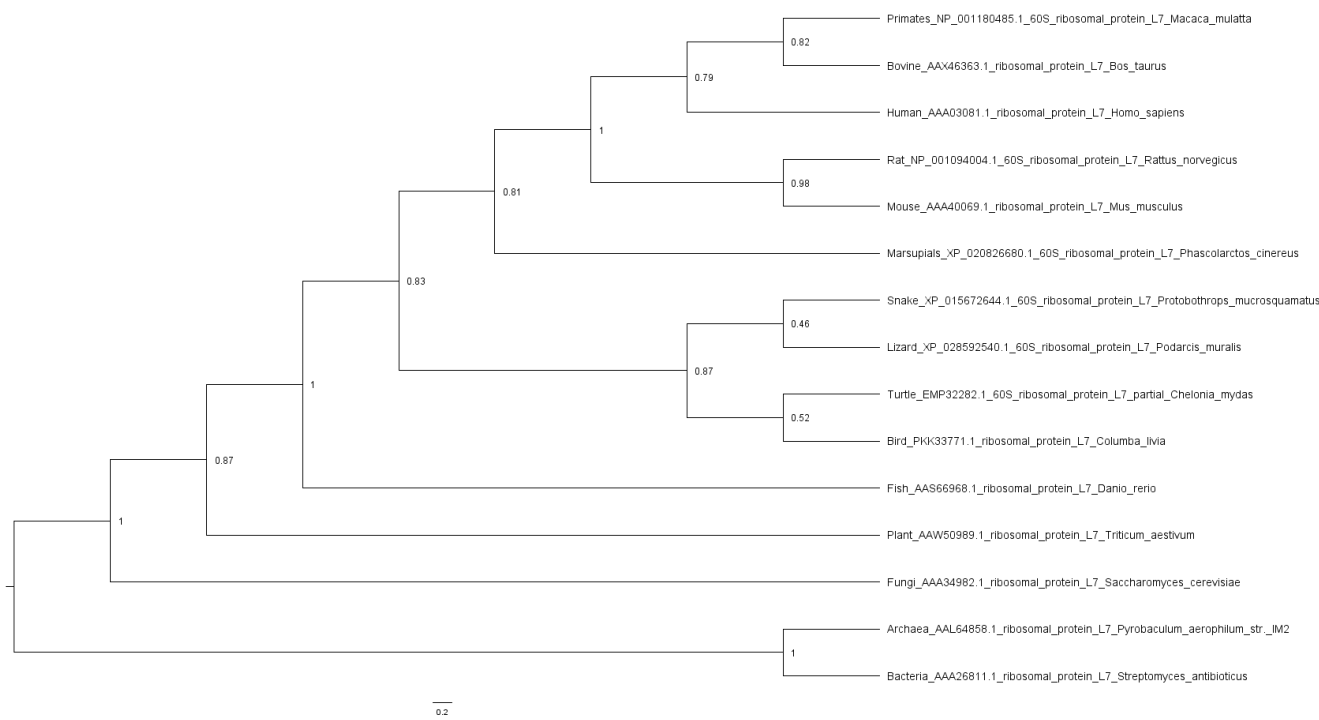


. Neighbor Joining

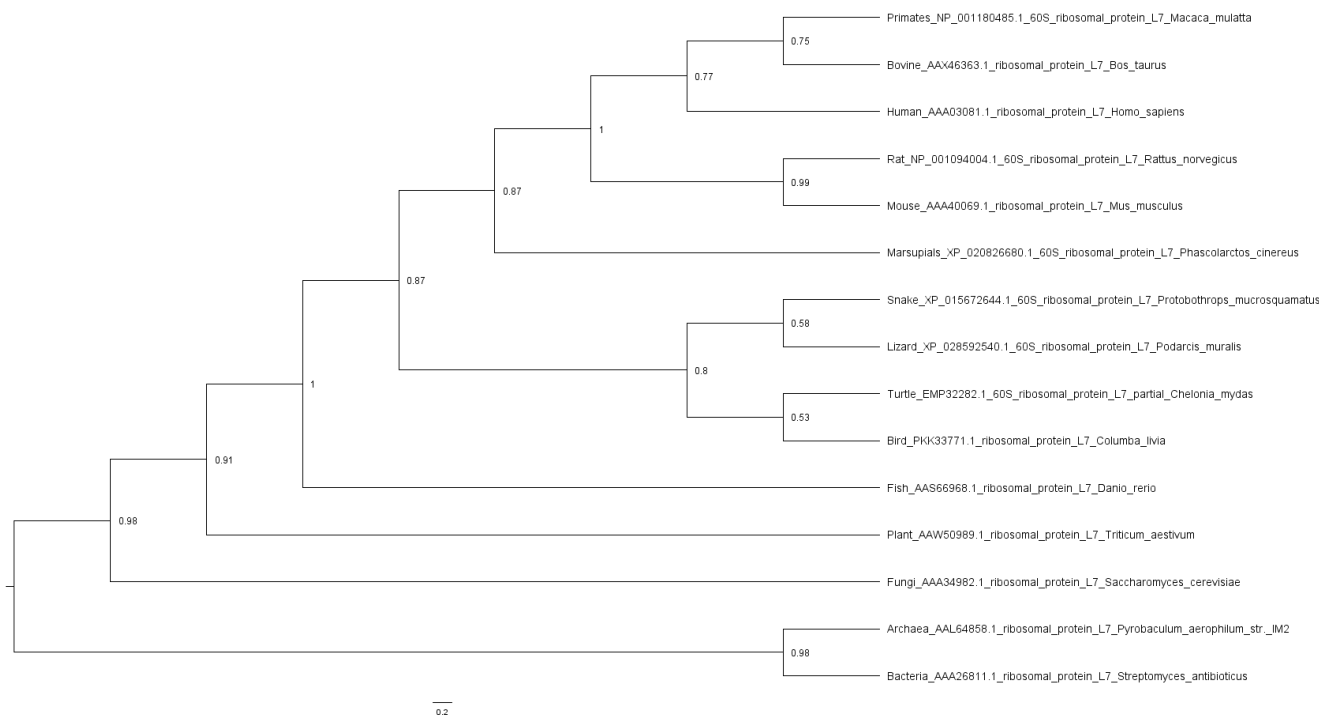


. Maximum Likelihood

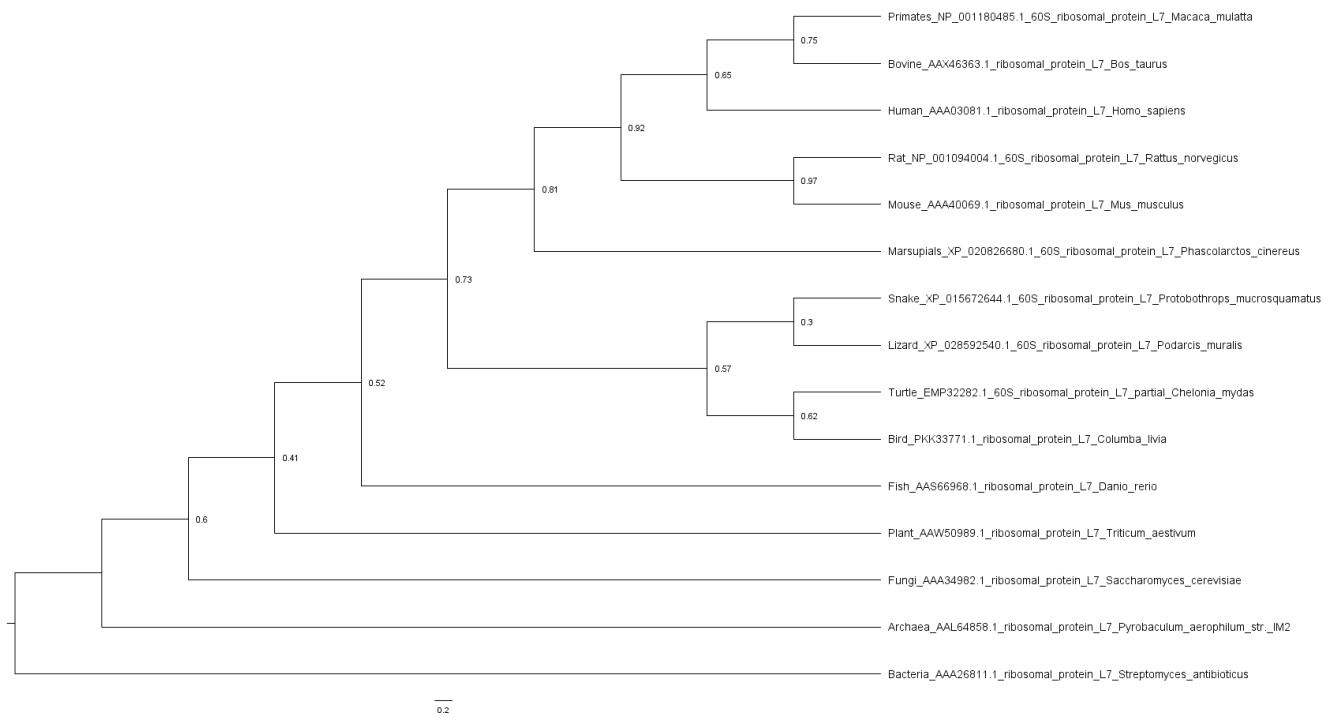
Muscle



. UPGMA



. Neighbor Joining



. Maximum Likelihood

4. Выводы

- Muscle, так как он помимо глобального выравнивания, выравнивает локально
Но при построении эти различия выявились только в методе UPGMA. Возможно, при большем количестве видов и большем значении bootstrap различия будут более заметными.
- Нет, топология деревьев различается.
Дерево, полученное в результате сортировки ClustalW и метода построения UPGMA отличается от всех остальных расположением птицы (*Columba livia*) и черепахи (*Chelonia mydas*). Все остальные деревья изоморфны
- Нет, значения различны.
- Нет, не совпадают, например во всех деревьях копытное к примату ближе, чем человек.