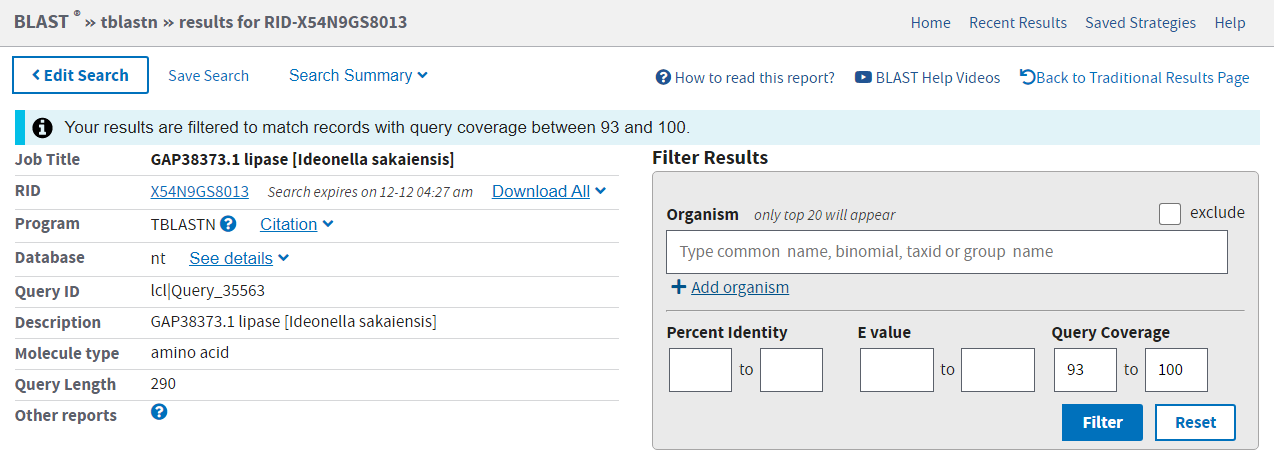
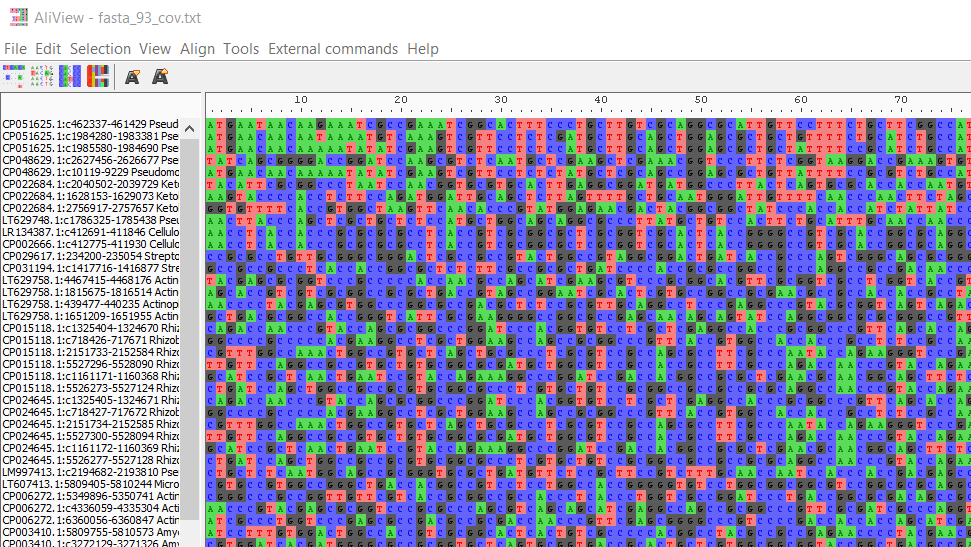
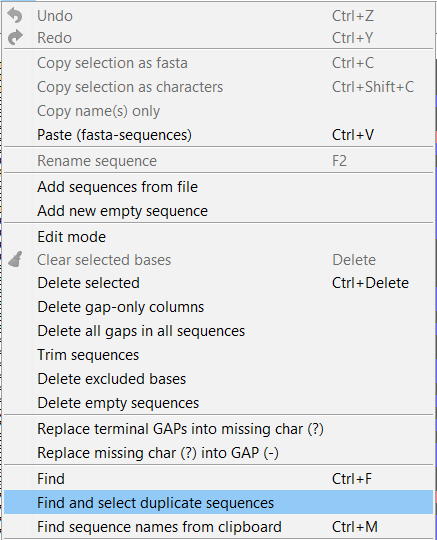
**Blast**

1. Берём последовательность GAP38373.1 из банка (протеиновую). И вбиваем её в нуклеотидный бласт.
2. Ставим высокий coverage, потому что последовательностей много



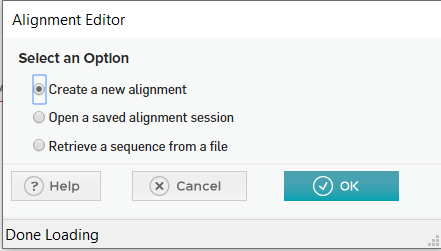
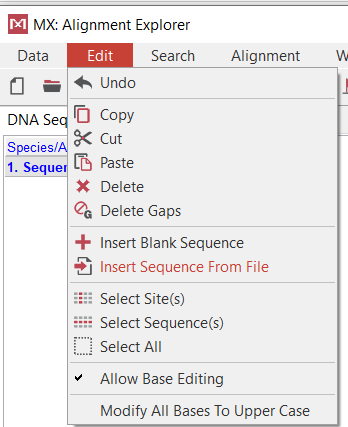
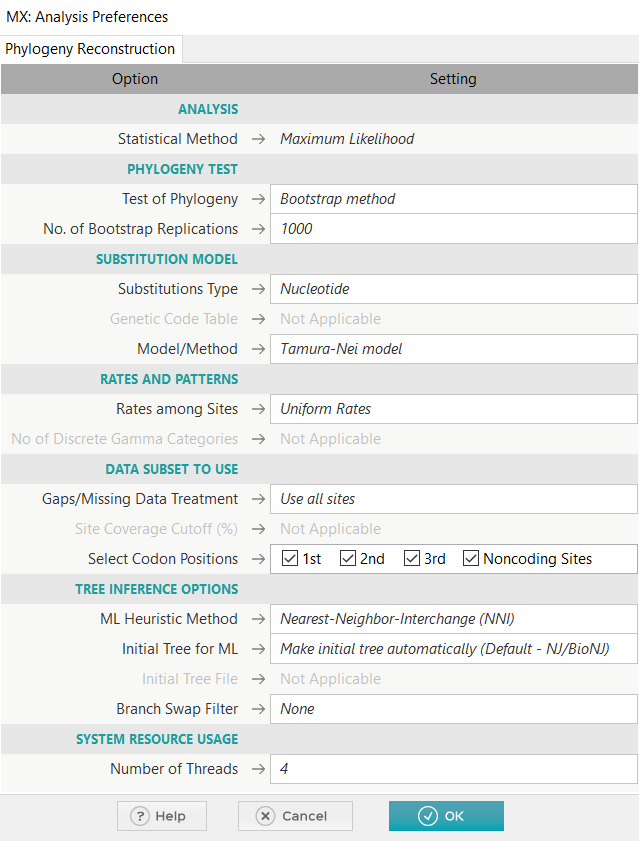
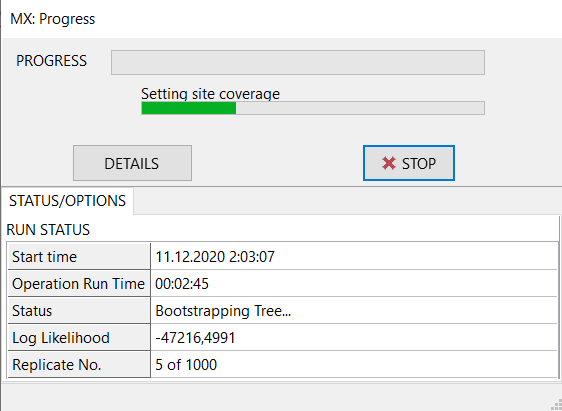
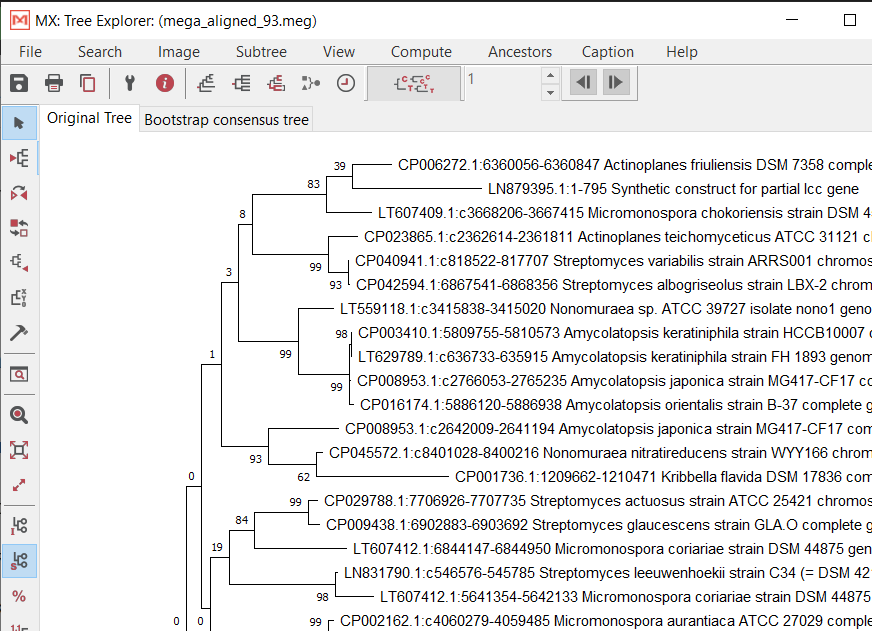
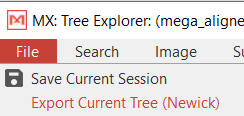
1. Скачиваем их (fasta\_93\_cov.txt)

**AliView**

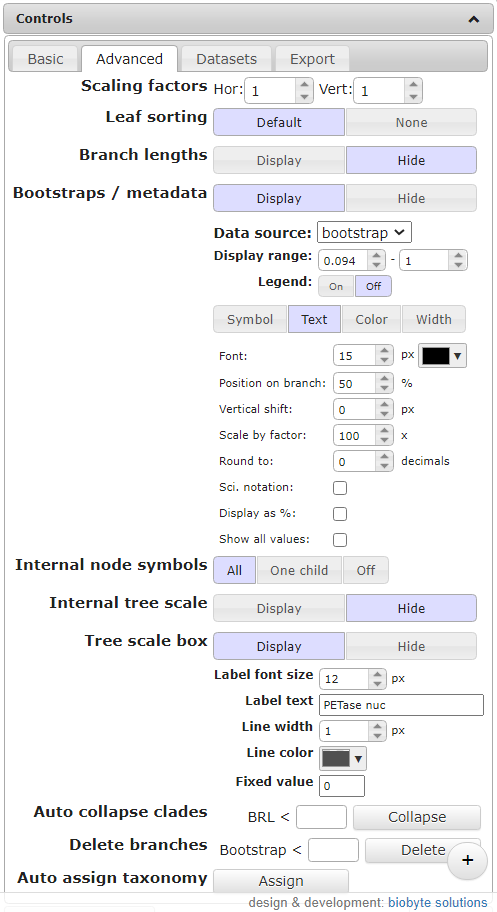
1. 
2. Удаляем дубликаты и скачиваем ещё раз (fasta\_93\_cov\_no\_repeat.txt)
3. Осталось 57 последовательностей
4. 

**MEGA X**

Открываем MEGA X

1. 
2. 
3. Сохраняем выравнивание (mega\_aligned\_93)
4. Строим дерево
5. 
6. Поехали
7. 
8. Получили дерево:
9. 
10. Сохраняем его в формате newick (newick\_93)
11. 

**ITOL**

1. Заменяем в дробях ‘,’ на ‘.’
2. Запускаем ITOL
3. 
4. Результат в PETase\_nuc.pdf