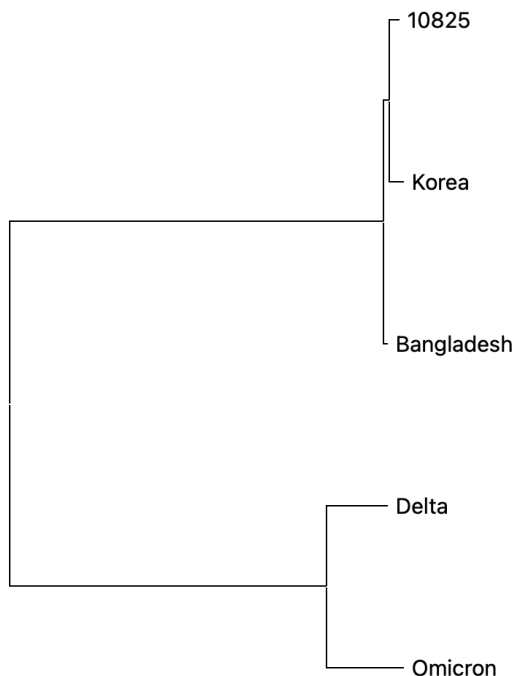


Задание 1. Скачал 5 нуклеотидных последовательностей спайк белка SARS-CoV-2 из NCBI (омикрон, дельта, Бангладеш, Корея) + добавил одну нуклеотидную последовательность с семинара (файл hw7.fasta). Произвел выравнивание ClustalW в MEGA. Посчитал попарные расстояния, построил лучшую модель maximum likelihood T93+G.



Вывод: последовательность спайк-белка штаммов дельта и омикрон ближе друг к другу, чем штаммы из Кореи, Бангладеша и присланный штамм.

2. Скачал 10 ортологов гена FOXP2 из NCBI (файл FOXP2\_refseq\_transcript.fasta) Произвел выравнивание ClustalW в MEGA, посчитал попарные расстояния, построил дерево maximum likelihood.

Организмы:

*Homo sapiens* - человек

*Macaca mulatta* - макака

*Bos taurus* - корова

*Felis catus* - кошка

*Mus musculus* - мышь

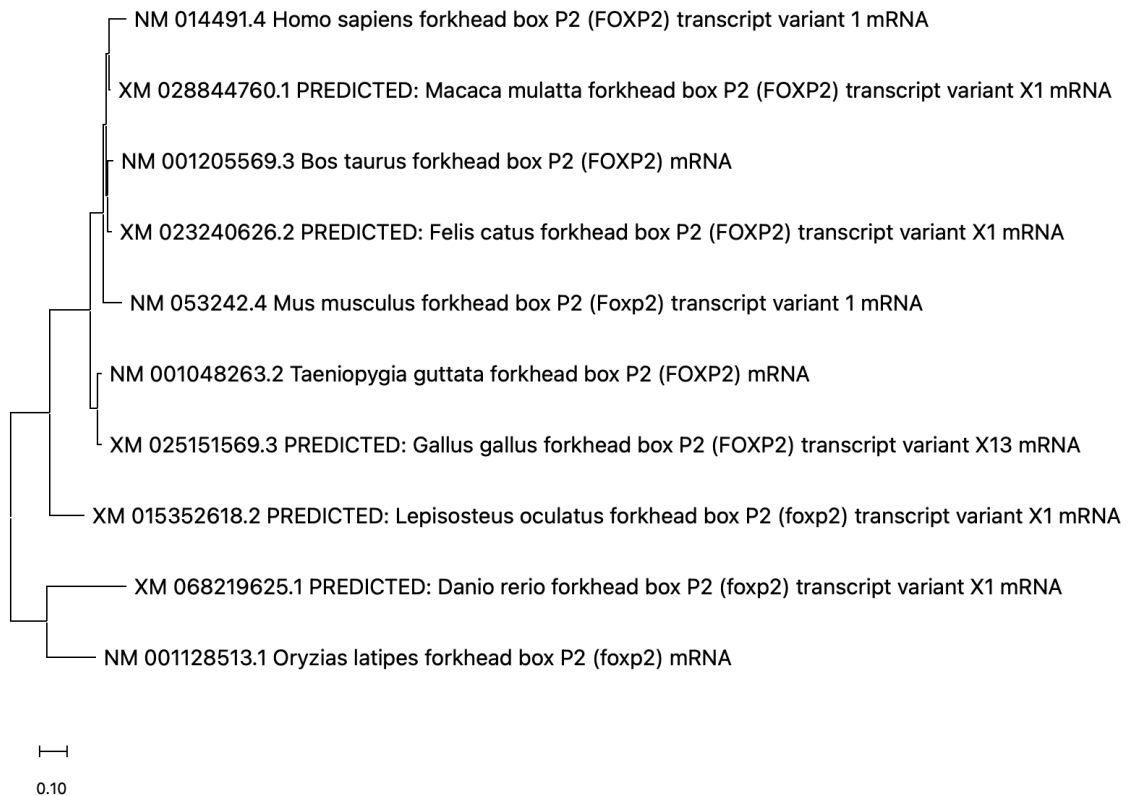
*Taeniopygia guttata* - зебровая амадина (птица)

*Gallus gallus* - курица

*Lepisosteus oculatus* - пятнистая щука

*Danio rerio* - данио рерио (рыба)

*Oryzias latipes* - японская оризия (рыба)



Выводы: рыбы отделены от остальных позвоночных на дереве, птицы и млекопитающие составляют отдельный кластер. Также есть кластер птиц (амадина и курица), в котором длина ветвей мала, ген почти не изменялся, и кластер млекопитающих. Интересно, что мышь наиболее отдалена от приматов, хотя филогенетически она ближе к приматам, чем корова и кошка.