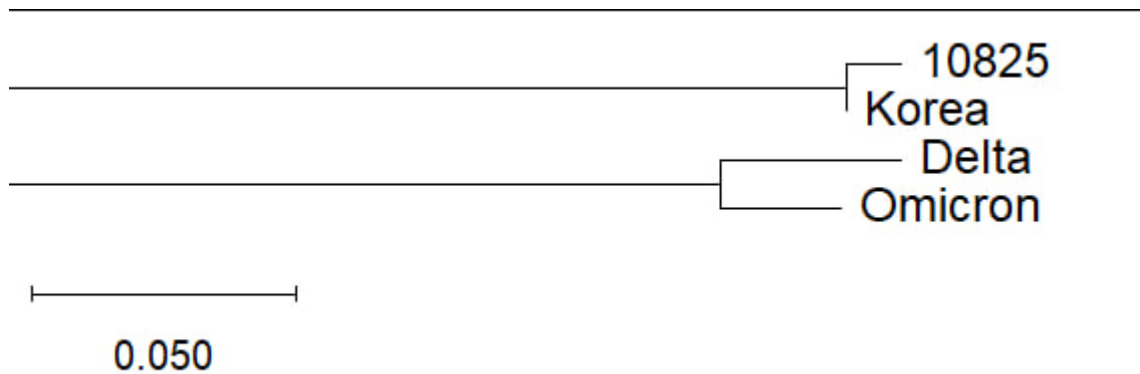


ДЗ 7, Сорокина Тамара, Б06-204.

Скачала 4 нуклеотидные последовательности спайк белка SARS-CoV-2 из NCBI (омикрон, дельта, 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.

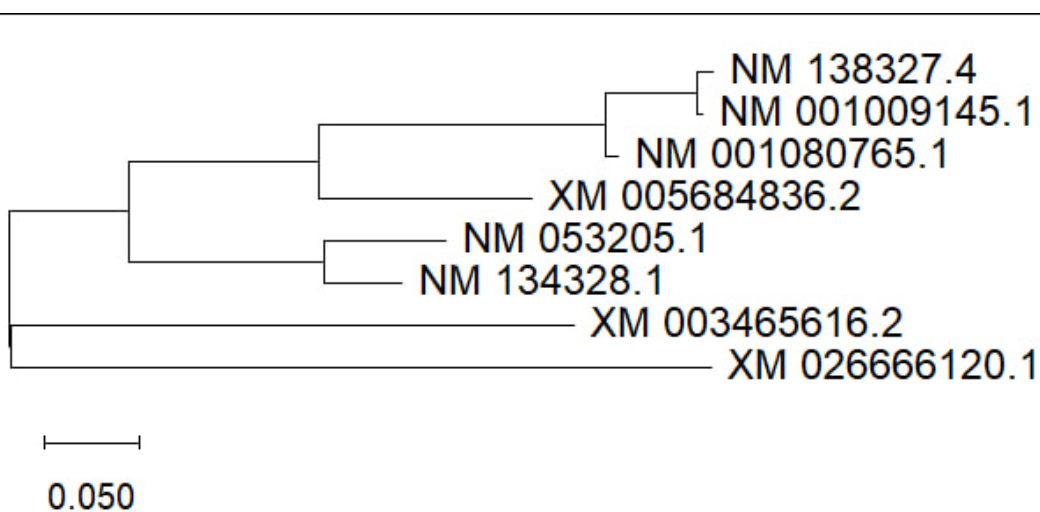


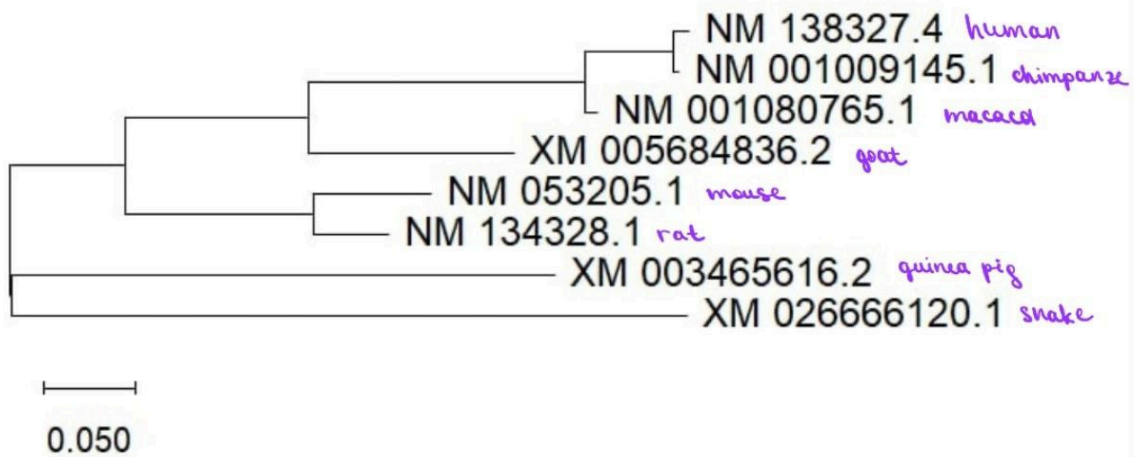
Вывод: последовательность спайк-белка штаммов дельта и омикрон ближе друг к другу, чем штаммы из Кореи и штамм с семинара.

2. Скачала 8 ортологов гена TAAR1 из NCBI. Произвела выравнивание ClustalW в MEGA, посчитал попарные расстояния, построил дерево maximum likelihood.

Организмы:

1. *Mus musculus* - house mouse (NM\_053205.1)
2. *Homo sapiens* - human (NM\_138327.4)
3. *Rattus norvegicus* - Norway rat (NM\_134328.1)
4. *Macaca mulatta* - Rhesus monkey (NM\_001080765.1)
5. *Pan troglodytes* - chimpanzee (NM\_001009145.1)
6. *Cavia porcellus* - domestic guinea pig (XM\_003465616.2)
7. *Capra hircus* - goat (XM\_005684836.2)
8. *Notechis scutatus* - mainland tiger snake (XM\_026666120.1)





Вывод: ближе всего к человеческому гену TAAR1 ген шимпанзе, потом идет макака и коза. В другой кладе мышь и крыса, а еще до этого в другой кладе морская свинка и змея. Предполагаю, что морская свинка и змея сами по себе тоже находятся в разных кладах, просто здесь такая выборка.