

ВЫСШАЯ ШКОЛА ЭКОНОМИКИ МАЙНОР БИОИНФОРМАТИКА

Домашняя работа

Выравнивание и филогенетика

Студент: Ведерников Михаил

Преподаватель: Попцова М. С.

Содержание

1	Расчеты и данные	1
2	Алгоритм выравнивания ClustalW	1
3	Алгоритм выравнивания Muscle	4
4	Результаты	6

1 Расчеты и данные

Мною был выбран ген COX2 (или MT-CO2) - один из семейства генов, кодирующих протеин Cytochrome с oxidase, входящий в дыхательную электрон-транспортную цепь клетки. Данные (файл) были взяты с сайта UniProt. Информация об археях отсутствует, а для бактерий только несколько старых входов. Поэтому на их место был взят утконос.. Все бутстрап расчеты производились с количеством сэмплов равным 500.

2 Алгоритм выравнивания ClustalW

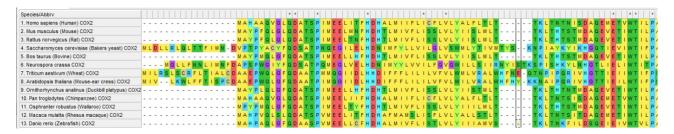


Рис. 2.1. Выравнивание через алгоритм ClustalW (файл)

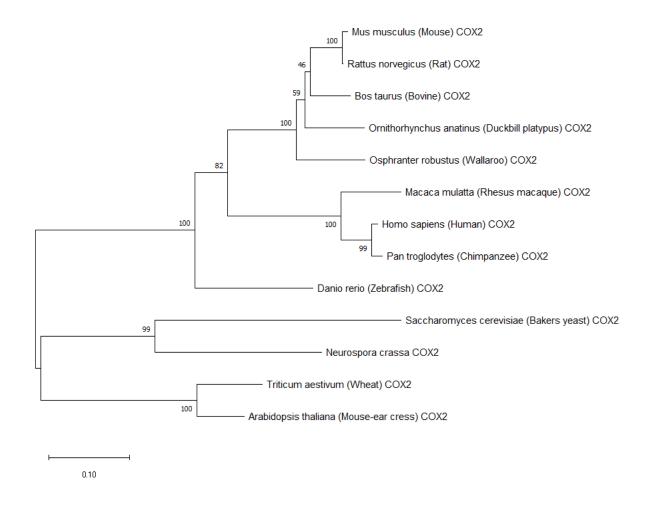


Рис. 2.2. Meтод Neighbor Joining

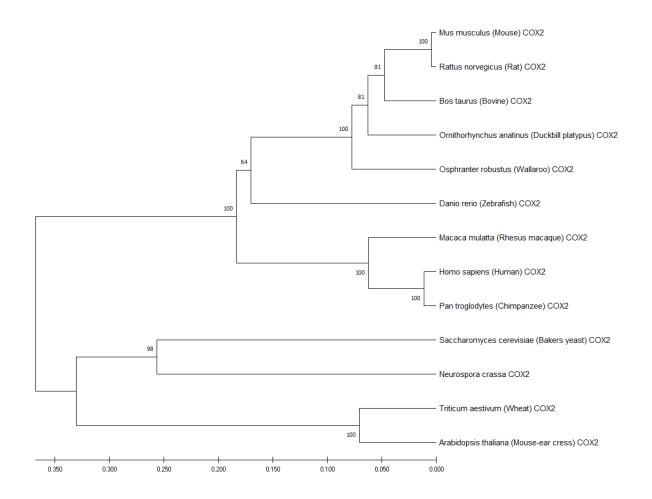


Рис. 2.3. Метод UPGMA

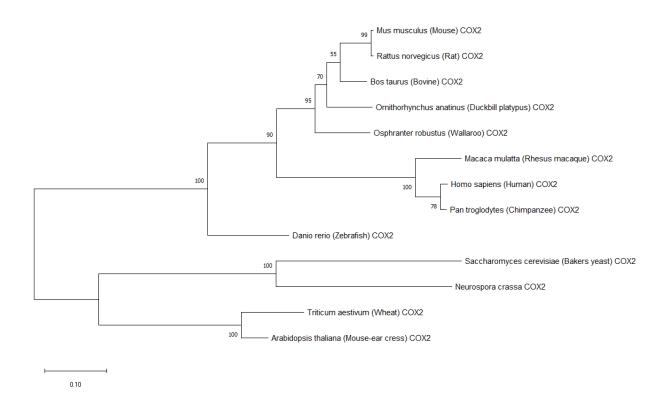


Рис. 2.4. Метод максимального правдоподобия

3 Алгоритм выравнивания Muscle

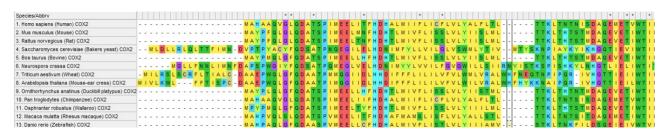


Рис. 3.1. Выравнивание через алгоритм Muscle (файл)

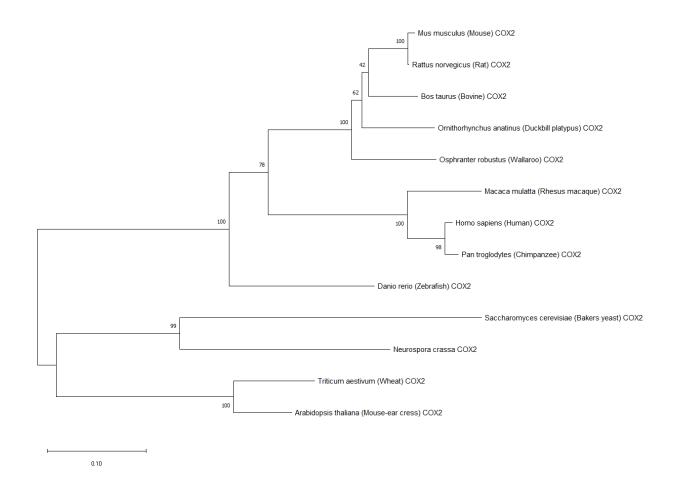


Рис. 3.2. Метод Neighbor Joining

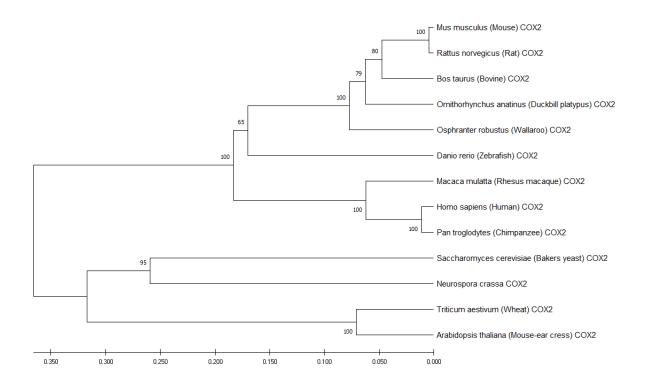


Рис. 3.3. Метод UPGMA

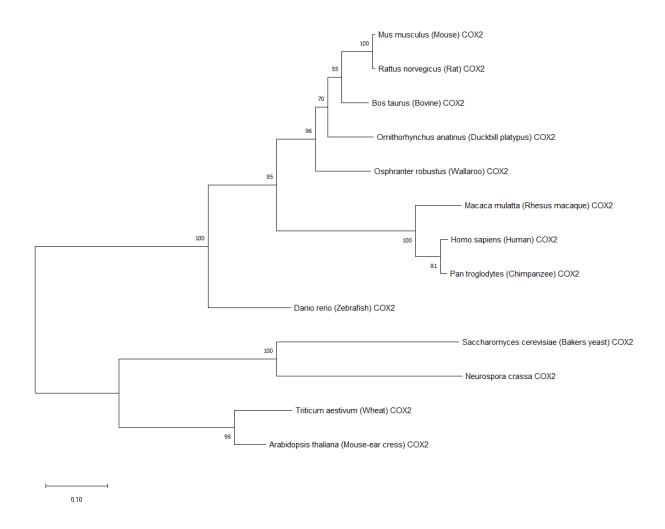


Рис. 3.4. Метод максимального правдоподобия

4 Результаты

- Полученные выравнивания (Рис 2.1,3.1) отличаются друг от друга в отдельных сайтах, но общая картина очень схожа.
- Для всех трех рассматриваемых методов алгоритмы выравнивания ClustalW и Muscle породили схожую оценку с близкими, достаточно высокими бутстрап значениями.
- Топология деревьев изоморфна во всех случаях, кроме построений методом UPGMA (рыба Danio rerio оказалась среди млекопитающих).
- Удивительно, но постороенные деревья довольно хорошо совпадают с принятым "древом жизни" (кроме случая с млекопитающей рыбой).