

Создаем на кодом выравнивание программой muscle последовательностей цитохромов В из выбранных нами при выполнении предыдущего практикума животных. Список животных и дерево по систематике можно посмотреть в предыдущей домашней работе: [практикум1](#).

Реконструируем дерево тремя способами:

1) Программой fastme, оценивая эволюционные расстояния как p-distance, остальные параметры по умолчанию.

2) Той же программой, но оценивая эволюционные расстояния с помощью модели MtREV.

3) Программой iqtree со всеми параметрами по умолчанию.

Полученные деревья, визуализированные в программе iTOL представлены ниже:

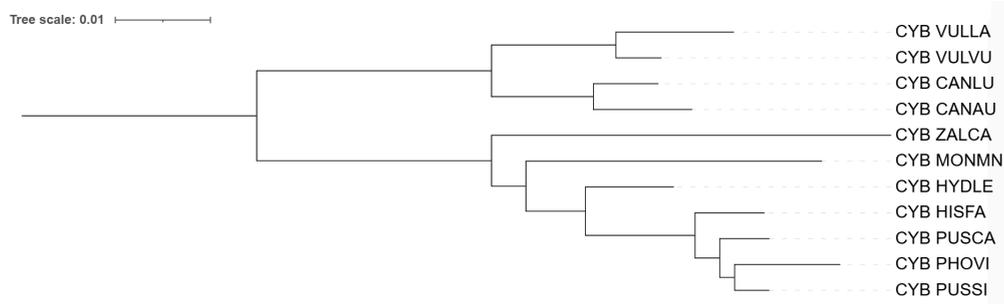


Рис 1. Fastme, эволюционные расстояния как p-distance

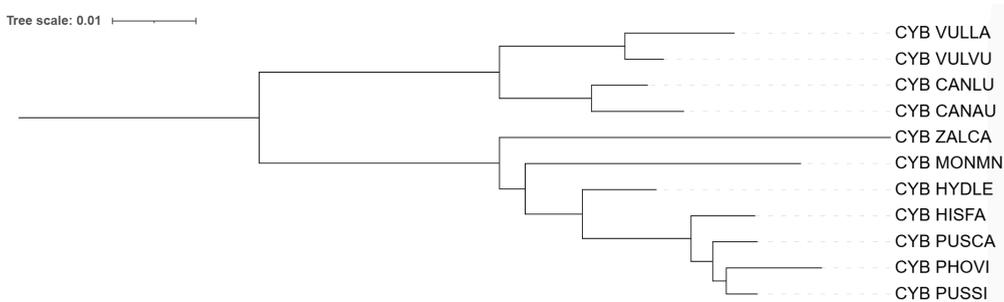


Рис 2. Fastme, эволюционные расстояния с помощью модели MtREV

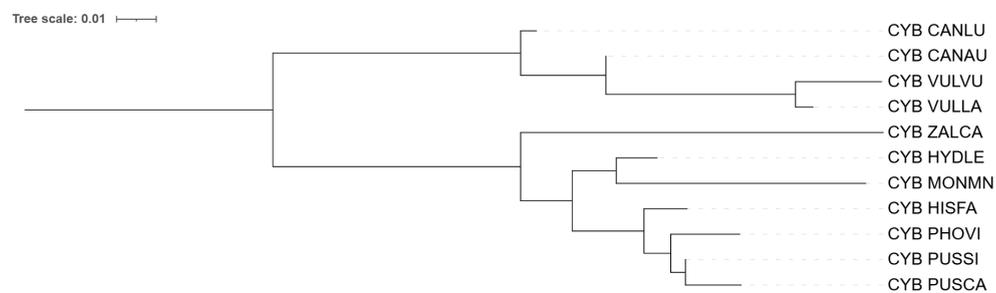


Рис3. Iqtree с параметрами по умолчанию

Если сравнивать полученные деревья с деревом таксономии, видим, что проблемы начинаются на настоящих тюленях (*Phocidae*), к которым относятся *Monachus*

*monachus*(MONM), *Hydrurga leptonyx*(HYDLE), *Phoca vitulina*(PHOVI), *Histiophoca fasciata*(HISFA), *Pusa sibirica*(PUSSI), *Pusa caspica*(PUSCA). К тому же для данных особей плохо вычисляются длины ветвей, то есть эволюционные расстояния. А все потому что он и генетически очень близки и последовательность цитохрома В у них различается мало.

Можно также заметить, что Fastme лучше справляется с более далекими особями, а Iqtree с близкими родственникамим. Реконструкция Iqtree вполне близка к настоящему дереву по кладе настоящих тюленей, в то время как Fastme точно объединил серого волка(*Canis lupus*) и шакала(*Canis aureus*).

Если сравнивать p-distance и MtREV, то они различаются только по длине листа для серого волка. Тут едва ли что можно сказать, неинформативно вышло, опять же потому что очень близкородственные представители.