

Отчет по практикуму 2 четвертого семестра

Дорофеева Вероника, группа 201

Список животных и дерево по систематике можно посмотреть в предыдущей домашней работе: [практикум1](#).

Для построения выравниваний сначала при помощи команды `seqret` были получены аминокислотные последовательности цитохромов В выбранных ранее животных.

```
seqret @cyb.list cyb.fasta
```

Выравнивание было проведено с помощью программы `muscle` (параметры по умолчанию):

```
muscle -align cyb.fasta -output cyb-alignment.fasta
```

Адаптировали формат файлов для программы `Fastme`:

```
from Bio import AlignIO
from sys import argv
inh = open("cyb-alignment.fasta", "r")
outh = open("cyb.phy", "w")
alignment = AlignIO.parse(inh, "fasta")
AlignIO.write(alignment, outh, "phylip-relaxed")
inh.close()
outh.close()
```

Далее реконструируем дерево тремя способами:

1) Программой `fastme`, оценивая эволюционные расстояния как p-distance, остальные параметры по умолчанию. `Fastme` строит деревья на основе матриц расстояний между биологическими последовательностями. Она оптимизирует топологию дерева с помощью алгоритмов перестановки ветвей для минимизации длины.

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

3) Программой `iqtree` со всеми параметрами по умолчанию. Ее алгоритм основан на методе максимального правдоподобия. Она автоматически подбирает лучшую модель эволюции, строит дерево, используя эвристические алгоритмы поиска, и оценивает его надежность с помощью бутстрепа, что обеспечивает высокую скорость и точность.

Строили деревья:

```
fastme -i cyb.phy -pP -o Ptree.from.fastme - параметр p-distance
```

```
fastme -i cyb.phy -pM -o Mtree.from.fastme - параметр MtREV
```

```
iqtree -s cyb.phy - программой IQ-Tree
```

Полученные деревья, визуализированные в программе `iTOL` представлены ниже:

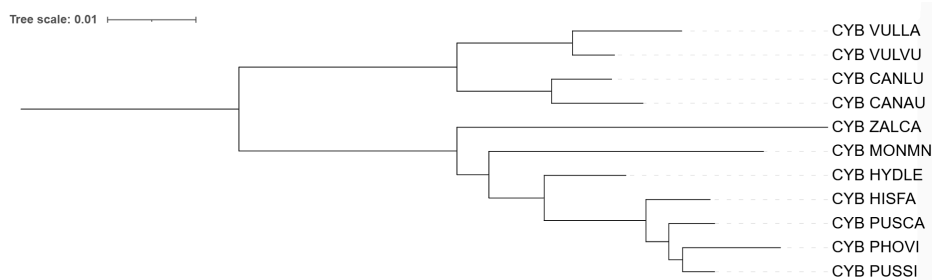


Рис 1. Реконструкция филогенетического дерева программой fastme при оценке эволюционные расстояния как p-distance

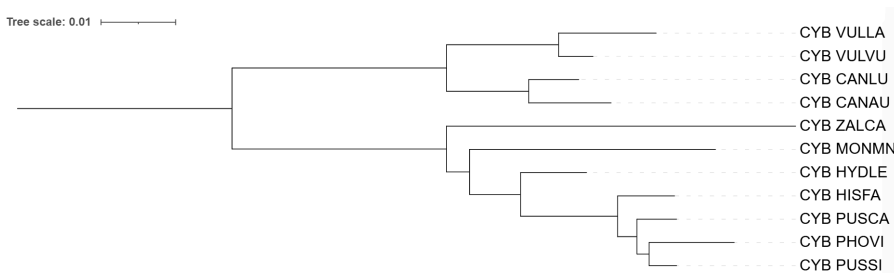


Рис 2. Реконструкция филогенетического дерева программой fastme при оценке эволюционные расстояния с помощью модели MtREV

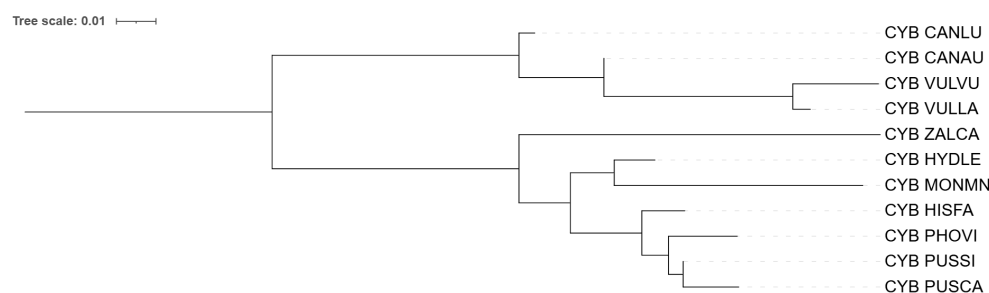


Рис3. Реконструкция филогенетического дерева программой IQ-Tree

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 родственниками. 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, не информативно вышло, опять же потому что очень близкородственные представители.