

Цель этих задач – научить студента работать с простыми готовыми программами, что вовсе не просто! Для начала не обязательно хорошо понимать, что эти программы делают – это обычная ситуация даже у квалифицированного программиста. Самому создавать подобные программы – следующий и гораздо более высокий уровень. Такие оригинальные программы представлены, например, по адресу <http://lab6.iitp.ru/ru/soft.html>

Все программы доступны для Win, MacOS и Linux.

Данные можно взять в <http://lab6.iitp.ru/ppc/redline116/fasta/RL00007f64.fasta>, а также можно брать другие семейства белков, которые получаются, задавая филогенетический профиль на сайте <http://lab6.iitp.ru/ppc/redline116/profile.php>.

Больше данных можно получить по адресам <https://www.ensembl.org/index.html> и <http://lab6.iitp.ru/ppc/> или придумать самому.

1) Программа для множественного выравнивания и одновременного построения дерева:

**ClustalX** <ftp://ftp.ebi.ac.uk/pub/software/clustalw2>

Larkin M.A. et al (2007), Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics*, 23:2947-2948.

2) Программа для множественного выравнивания:

**MAFFT 7.3** <https://mafft.cbrc.jp/alignment/software/>

Katoh K. et al (2013), MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution*, 30: 772–780; <https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>.

3) Программа для удаления неинформативных столбцов из выравнивания:

**trimAl** <http://trimal.cgenomics.org/> Использовать параметры `-gt 0.5 -st 0.001 -w 1 -cons 5`

Capella-Gutiérrez S. et al (2009), TrimAl: a tool for automated alignment trimming in large-scale phylogenetic analyses. *Bioinformatics*, 25: 1972–1973; <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp348>.

4) Первая (устаревшая) программа для построения дерева по (супер)матрице методом наибольшего правдоподобия: **RAxML** (Randomized Axelerated Maximum Likelihood)

<https://sco.h-its.org/exelixis/web/software/raxml/>

Stamatakis A. (2014), RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*, 30: 1312–1313.

<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu033>

5) Вторая (рекомендуемая) программа для построения дерева по (супер)матрице методом наибольшего правдоподобия: **IQ-TREE** <http://www.iqtree.org/>.

Nguyen Lam-Tung et al (2015), IQ-TREE: A fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 32(1): 268–274; <https://doi.org/10.1093/molbev/msu300>.

6) Программа для построения и визуализации деревьев, редактирования и выравнивания последовательностей разными методами, включая MUSCLE, формальной трансляции:

**MEGA** <http://www.megasoftware.net/>

Kumar S. et al (2016), MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33:1870-1874;

<https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>

7) Сервис для построения лигатуры последовательностей:

**Sequence Logo** <http://weblogo.berkeley.edu/logo.cgi>

Если программа строит выравнивание, то построить. Если программа строит дерево, то деревья построить всеми способами. Из множественного выравнивания удалить малоинформативные столбцы, применив программу trimAl, и повторить выравнивание.