

Домашнее задание 2

Изучение представленности генов в таксонах

Юрий Викторович Вяткин

E-mail: vyatkin@gmail.com

Факультет информационных технологий
Новосибирский государственный университет
Весенний семестр 2025

Домашнее задание 2

- Решение необходимо выслать преподавателю в виде ссылки на репозиторий github на почту vyatkin@gmail.com с обязательным указанием ФИО слушателя
- Срок выполнения задания – 2 недели (05.05.25)
- Наличие выполненного задания и срок сдачи влияет на допуск к экзамену и оценку

Домашнее задание 2

1. Взять **человеческий** ген (Gene symbol).

Можно воспользоваться порталами NCBI Genes, OMIM или другими.

2. Получить его последовательность в формате FASTA.

Можно воспользоваться базой NCBI Nucleotide.

3. С помощью NCBI BLAST найти не менее **10** (десяти) гомологичных генов в других видах.

Желательно, чтобы виды выходили за рамки отряда млекопитающих.

4. Построить единое множественное выравнивание полученных последовательностей.

Можно воспользоваться online версиями программ Muscle, MAFFT, Clustal Omega и других.

5. Проанализировать полученное выравнивание с точки зрения консервативных участков.

6. С помощью баз данных биологической систематики определить ближайший таксон, объединяющий виды, полученные в результате анализа.

Например, на порталах Tree of Life Web Project, NCBI Taxonomy Browser, Global Biodiversity Information Facility.

Домашнее задание 2

Необходимо получить и выслать следующие результаты:

1. Ответы на разминочные вопросы
2. Название выбранного гена (Gene Symbol)
3. Параметры BLAST, использованные для поиска гомологичных генов
4. Таблицу с названиями полученных гомологичных генов (Gene Symbol), систематических названий видов и русских названий видов
5. Файл множественного выравнивания в формате Clustal
6. Краткий анализ консервативности полученного выравнивания в произвольной форме
7. Полученное название объединяющего таксона на латыни и на русском и краткое описание таксона в произвольной форме