


Проходим (вместе с преподавателем) квиз по эволюции человека (ответы выбирает преподаватель голосованием)




<https://www.khanacademy.org/partner-content/amnh/human-evolutio/human-evolution-the-evidence/e/quiz-human-evolution-the-evidence>

Сравнительный анализ геномов человека и шимпанзе

Заходим на сайт

<http://genome.lbl.gov/vista/index.shtml>

**VISTA**
Tools for Comparative Genomics


 [About Us](#)  [Cite Us](#)  [Contact Us](#)

[VISTA Home](#) [Custom Alignment](#) [Browser](#) [Enhancer DB](#) [Downloads](#) [Publications](#) [Help](#)

VISTA is a comprehensive suite of programs and databases for comparative analysis of genomic sequences. There are two ways of using VISTA - you can submit your own sequences and alignments for analysis (VISTA servers) or examine pre-computed whole-genome alignments of different species.

Submit Your Sequences

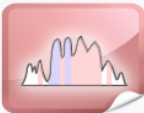
mVISTA



- » [mVISTA](#)
Align and compare your sequences from multiple species
- » [gVISTA](#)
Compare your sequences against whole-genome assemblies.
- » [wgVISTA](#)
Align pair of sequences up to 10Mb long (finished or draft) including microbial whole-genome assemblies.

Precomputed Alignments

VISTA Browser



- » [VISTA-Point](#)
Access complete data and visual presentation of pairwise and multiple alignments of whole genome assemblies.
- » [VISTA Browser](#)
Examine pre-computed pairwise and multiple alignments of whole genome assemblies.

Updates

April 2014
Updated the [Sorghum](#), [Monkey flower](#), [Moss](#), [Maize](#), [Medicago](#), [Switchgrass](#), and [Soybean](#) assemblies, and added 5 new plants: [C. grandiflora](#), [Drummond's rockcress](#), [Turnip mustard](#), [A. halleri](#), and [Hall's panicgrass](#).

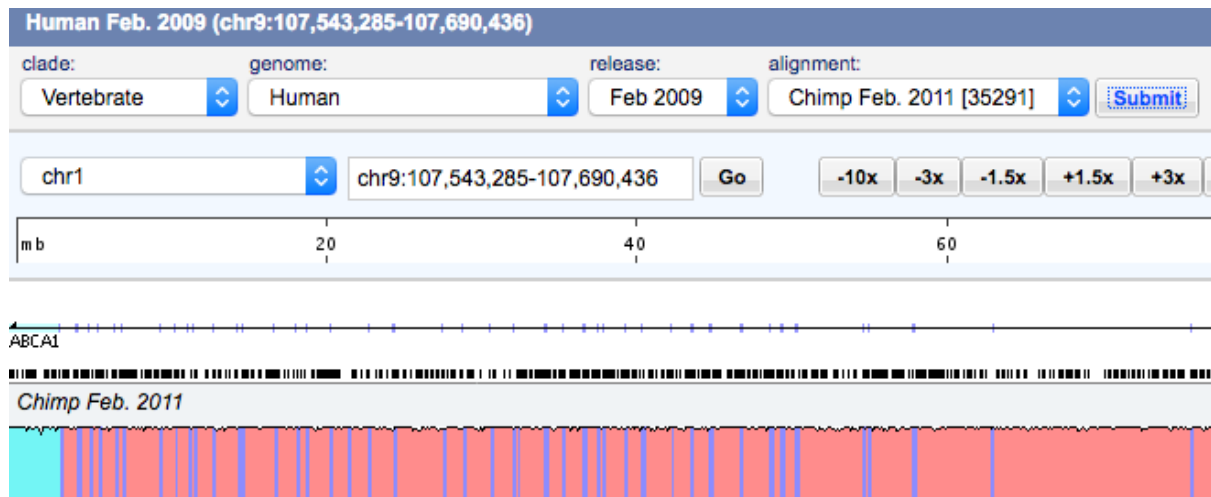
180 New whole-genome plant alignments are added to [VISTA Browser](#).

August 2013
Updated the [C. elegans](#) and [C. briggsae](#) assemblies, and added 5 new worms: [C. brenneri](#), [C. remanei](#), [C. japonica](#), [C. sp. 11](#), and [C. angaria](#).

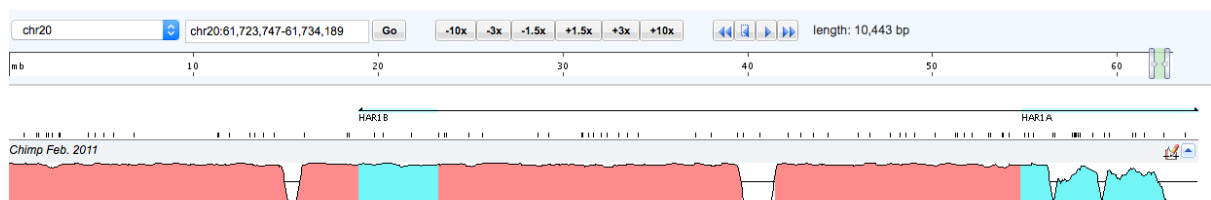
» [Vista News Archive](#)

Выбираем Precomputed Alignments, Vista-Point

Меняем mouse на chimp



Там, где координаты набиваем название гена HAR1, Go - выпадет HAR1A and HAR1B. Выбираем любой, потом немного уменьшаем вид и видим два гена рядом, сначала HAR1B, потом HAR1A.





Читаем, что такое HAR1A and HAR1B

https://ru.wikipedia.org/wiki/%D0%97%D0%BE%D0%BD%D1%8B_%D1%83%D1%81%D0%BA%D0%BE%D1%80%D0%B5%D0%BD%D0%BD%D0%BE%D0%B3%D0%BE_%D1%80%D0%B0%D0%B7%D0%B2%D0%B8%D1%82%D0%B8%D1%8F_%D1%83_%D1%87%D0%B5%D0%BB%D0%BE%D0%B2%D0%B5%D0%BA%D0%B0

HAR1 - консервативный участок для всех млекопитающих

- Шимпанзе-курица 2 замены
- Шимпанзе-человек 18 замен - **НАЙТИ 18 замен**

Внизу есть ссылка на загрузку выравнивания

 alignment in PDF get CNSs: Human		
Location on Human Feb. 2009 Feb 2009	Tools	Location on Chimp Feb. 2011 Feb 2011
chr20:61,723,747-61,723,813 (+) Sequence (softmasked) length: 67 bp 	rankVISTA pairwise alignments: Alignment: Human Feb. 2009 - Chimp Feb. 2011 MFA: Human Feb. 2009 - Chimp Feb. 2011 CNS: Human Feb. 2009 - Chimp Feb. 2011	chr20:60,474,361-60,474,427 (+) Sequence (softmasked) length: 67 bp  Vista Point  Vista Browser

нажать и полистать -

061726908	GGGTCCATGAGATATTTTGATACAGGCATCCAATGTGTAATAATCACAAACAGGGGAAACG	061726967
>>>>>>>>		<<<<<<<<<
060477899	GGGTCCATGAGATATTTTGATACAGGCATCCAATCTGTAATAATCACAAACAGGGGAAACG	060477958
061726968	GGGTGAAGCCGCTATGTTTGTGATAATTTTTAGAGCAGCCATAAAAAATATATGTAAATA	061727027
>>>>>>>>		<<<<<<<<<
060477959	GGGTGAAGCCGCTATGTTTGTGATAATTTTTAAAGCAGCCATAAAAAATATATGTAAATA	060478018
061727028	GGACCTAGTTAGATAACATATATTTTTGGCTTCTGCTCTGTAGAAACTCACACATGATTT	061727087
>>>>>>>>		<<<<<<<<<
060478019	GGACCTAGTTAGATAACATATATTTTTGGCTTCTGCTCTGTAGAAACTCACACATGATTT	060478078
061727088	GGGGAGTTGTGAAGGCCTGATTGTGTTTGTGTTTGTGCTTGCTTGCTTGCTTTTG	061727147
>>>>>>>>		<<<<<<<<<
060478079	GGGGAGTTGTGAAGGCCTGATTGTGTTTGTGTTTGTGCTTGCTTGCTTGCTTTTG	060478138
061727148	AGCCTGGTGTGCCGGGCGGGCAGGTGTTTCATTGAACCTGGCCCTTGCTTGTTCAAGTG	061727207
>>>>>>>>		<<<<<<<<<
060478139	AGCCTGGTGTGCCGGGCGGGCAGGTGTTTCATTGAATCTGGCCCTTGCTTGTTCAAGTG	060478198
061727208	TTGAGTGAGGGCAGTCTCCAGGTTCCGGGAGCTTCCGAGTGAGCCTCACGCCTCACGGCT	061727267
>>>>>>>>		<<<<<<<<<
060478199	TTGAGTGAGGGCAGCCTCCAGGTTCTGGGAGCTTCCGAGCGAGCCTCACCCCTCACGGCT	060478258
061727268	GCAGGTCAGAAAGTGATTGTGGCCAGAGACCCCGGACGTAGCTTCTGCTTTTCAGAA	061727327
>>>>>>>>		<<<<<<<<<
060478259	GCAGGTCAGAAAGTGATTGTGGCCAGAGACCCCGGACGTAGCTTCTGCTTTTCAGAA	060478318
061727328	TCTGTTTCATTATTAGCCCCAGGGGACCTCATCCCTGAATGTCCACACCGGGCATCAGA	061727387
>>>>>>>>		<<<<<<<<<
060478319	TCTGTTTCATTATTAGCCTCAGGGGACCCCATCCCTGAATGTCCACACCGGGCATCAGA	060478378
061727388	CCTGGTTGCAGAGTGGGTGGTTCCAGGAGGCAGTGATAGACCAGTGAAGGAGCAGCCA	061727447
>>>>>>>>		<<<<<<<<<
060478379	CCTGGTTGCAGAGTGGGTGGTTCCAGGAGGTAGCAGTGATAGACCCGTGAAGGAGCAGCCA	060478438
061727448	GGGCCTGAGTGAAGCTGGGGCAGCAGAAGCAGCTTTCGATATTTTTTTCTGCTGAGTCT	061727507
>>>>>>>>		<<<<<<<<<

ГЕН РЕЧИ - FOXP2 - 2 мутации между человеком и шимпанзе

threonine to asparagine substitution at position 303 (T303N)

asparagine to serine substitution at position 325 (N325S).

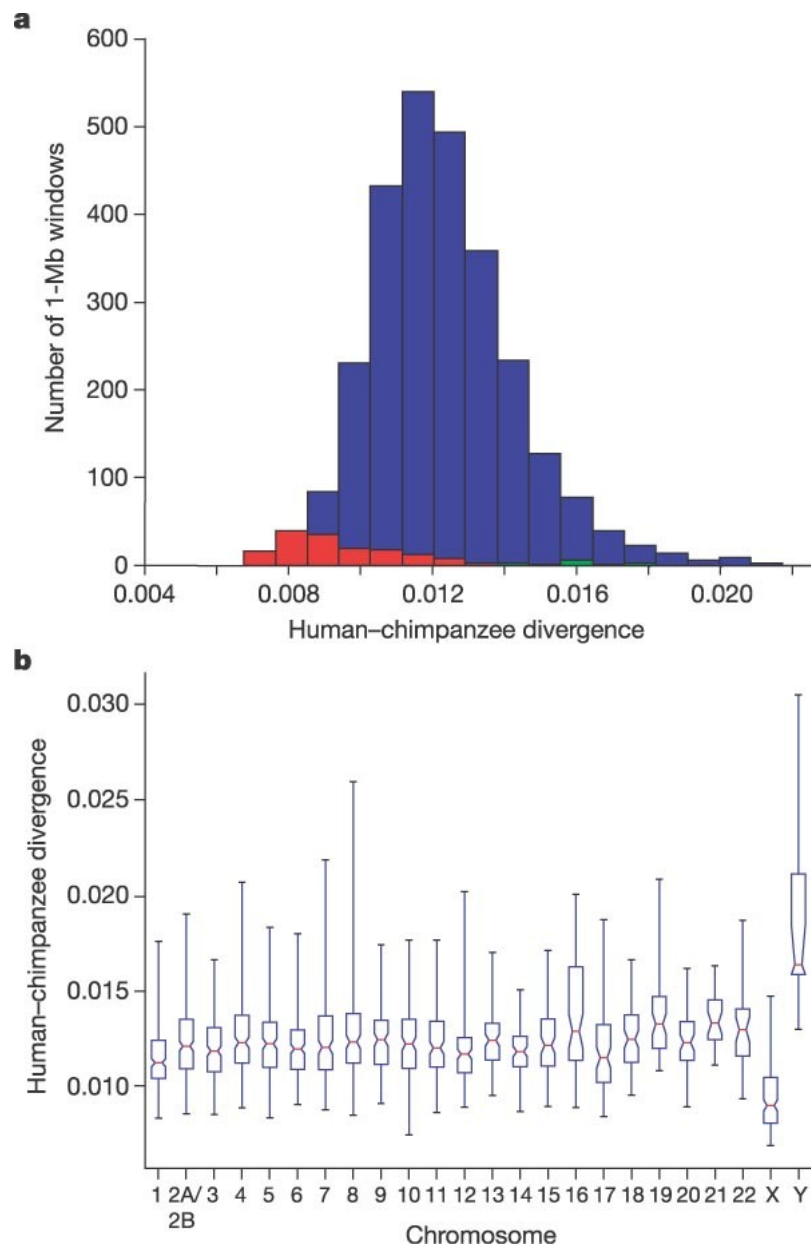
[Из Uniprot скачать белки](#)

По ссылке белки FOXP2 человека, мыши, крысы, 6-ти приматов и лягушки.

Выровнять (Mega)

Найти 2 мутации между человеком и шимпанзе в гене речи FOXP2

Дополнительная информация



Есть статьи с массой картинок по сравнению геномов:

[High-resolution comparative analysis of great ape genomes](#)

[Human–chimpanzee alignment: Ortholog exponentials and paralog power laws](#)

<https://www.nature.com/articles/nature04072>

[Список фенотипических отличий человека от других гоминид](#)