ЗАДАНИЕ 1

1. Выбраны организмы: E.coli (кишечная палочка - прокариоты) и S. cerevisiae (пивные дрожжи - эукариоты). Получены их геномы.
2. С помощью ncbi получены белковые последовательности геномов.
3. Так как бактерии и дрожжи далеко друг от друга возьмем консервативный домен - ДНК-полимераза, PolA\_DNA\_pol\_A (PF00476). На сайте InterPro получили файл .hmm расширения.
4. Используя HMMER получили файлы txt расширения с результатами поиска домена.
5. Из текстовых файлов получили:
   1. NP\_418300.1 для E.coli с наименьшим E-value
   2. NP\_014975.2 для S.cerevisiae с наименьшим E-value
6. С помощью ncbi получили аминокислотные последовательности по id (результаты скачали в виде fasta формата).
7. С помощью Clustal Omega сделали множественное выравнивание двух последовательностей (результат в соответствующем txt файле).
8. Выравнивание показало, что белки имеют некоторое сходство, но довольно невысокое. Также видно, что у дрожжей этот белок длиннее (это может быть связано с дополнительными доменами, которых нет у бактерий).
   1. искомый домен (полимеразы А) находится между 551 и 925 АМК (для бактерий), для дрожжей между 673 и 909
   2. между этими участками виднее большее сходство, чем в целом