

1.
a)

[Download Alignment File](#) | [Show Colors](#) | [Send to ClustalW2_Phylogeny](#)

CLUSTAL 2.1 multiple sequence alignment

[illegible]

PLEASE NOTE: Showing colors on large alignments is slow

b)

Przykład sekwencji homologicznej:

[Mus	WERETWKARDMGRNFRVNLRTLLGYYNQSNDESHTLQWMYGCDVGPDRLLRGYCQEAYD	139
[Rattus	WERETRKARDTGRNFKVNLRTLLRYYNQSDDESHTLQWMYGCDVGPDRHLLRGYCQEAYD	238
[Homo	WDRETRSARDTAQIFRVNLRTLRYYNQSEAGSHTLQWMHGCELGPDRFLRGYEQFAYD	140
[Pan	WDRETRSARDTAQIFRVNLRTLRYYNQSEAGSHTLQWMHGCDLGPDRFLRGYEQFAYD	210

Szczególne podobieństwo (prawie identyczność!) - sekwencji jak i kolorów - zachodzi pomiędzy sekwencją u człowieka i szympansa oraz pomiędzy sekwencją u myszy i szczura.

Kolorystycznie większość się zgadza w porównaniu tych czterech sekwencji (np. w podanej powyżej linijce).

[Mus	-----	
[Rattus	MAGSENTFQPLLLQKVDLSILVLRSLVLEHTGECNNPCTSLKAVFWFISTNQTVIQSRL	60
[Homo	-----	
[Pan	-----MCFICGMLKEMSGRLS-----ECGSSKNTFIPGHV	30

[Mus	-----MLLFAHLLQLLVSATVPTQSS	21
[Rattus	SFLLDAGVCRSQSAQKFQSTSQQKHNPSCFSQSLGMRMLPPAYLLQLLAGTMVLTQTS	120
[Homo	-----MVDGTLTLLSALALTQTW	20
[Pan	SFFLDTHDADSVLIPNGCRVSRANQLRTQEGRLTQEGIMVDGTLTLLSALALTQTW	90
	: . * * * : . * * :	

[Mus	P--HSLRYFTTAVSRPGLGEPRIIVGYVDDTQFVRFDSDAENPRMEPRARWIEQEGPEY	79
[Rattus	S--HSLRYFYTALSRPGLGEPRIIVGYVDDTQFVRFDSDVENPRMEPRARWMEQEEEPAY	178
[Homo	AGSHSLKYFHTSVSRPGRGEPRIISVGVDOTQFVRFDNDAAASPRMVPRAPIWMEQEGSEY	80
[Pan	AGSHSLKYFHTSVSRPGRGEPRIISVGVDOTQFVRFDNDAAASPRMVPRAPIWMEQEGSEY	150
	. * * * * * : * * * * * : * * * * * : * * * * * : * * * * *	

[Mus	WERETWKARDMGRNFRVNLRTLLGYYNQSNDESHTLQWMYGCDVGPDRLLRGYCQEAYD	139
[Rattus	WERETRKARDTGRNFKVNLRTLLRYYNQSDDESHTLQWMYGCDVGPDRHLLRGYCQEAYD	238
[Homo	WDRETRSARDTAQIFRVNLRTLRYYNQSEAGSHTLQWMHGCELGPDRFLRGYEQFAYD	140
[Pan	WDRETRSARDTAQIFRVNLRTLRYYNQSEAGSHTLQWMHGCDLGPDRFLRGYEQFAYD	210
	* * * * * : * * * * * : * * * * * : * * * * * : * * * * *	

[Mus	GQDYISLNEDLRSWTANDIASQISKHKSEAVDEAHQRAYLQGPCVEWLHRYLRGNETL	199
[Rattus	GRDYISLNEDLRSWTATDMASQASKIKSEEVGEAHQRAYLQGPCVEWLHRYLRGNETL	298
[Homo	GKDYLTNEDLRSWTAVDTAAQISEQKSNDAEAEHQRAYLEDTCVEWLHRYLRGNETL	200
[Pan	GKDYLTNEDLRSWTAVDTAAQISERKSNDAEAEHQRAYLEDTCVEWLHRYLRGNETL	270
	* * * * * : * * * * * : * * * * * : * * * * * : * * * * *	

[Mus	QRSPPKAHVTHHPRSEDEVTLRCWALGFYPADITLTWQLNGEELTQDMELVETRPAGDG	259
[Rattus	LRSDPPKAHVTLHPRPEGDVTLRCWALGFYPADITLTWQLNGEDLTQDMELVETRPAGDG	358
[Homo	LHLEPPKTHVTHHPISDHEATLRWALGFYPAEITLTWQDGEHTQDTLVETRPAGDG	260
[Pan	LHLEPPKTHVTHHPISDHEATLRWALGFYPAEITLTWQDGEHTQDTLVETRPAGDG	330
	: * * * * * : * * * * * : * * * * * : * * * * * : * * * * *	

[Mus	TFQKWAADVPLGKEQYITCHVYHEGLPEPLTLRWEPPTVSNMVIIVL--VVLGAV	316
[Rattus	TFQKWAADVVPSSGEEKYITCHVYHEGLPEPLTLRWEPPTVSNMVIIVLGAIVGAV	418
[Homo	TFQKWAADVVPSSGEEKYITCHVYHEGLPEPLTLRWKP--ASQPTIPIVGIAGLVLLGSV	318
[Pan	TFQKWAADVVPSSGEEKYITCHVYHEGLPEPLTLRWKP--ASQPTIPIVGIAGLVLLGSV	388
	* * * * * : * * * * * : * * * * * : * * * * * : * * * * *	

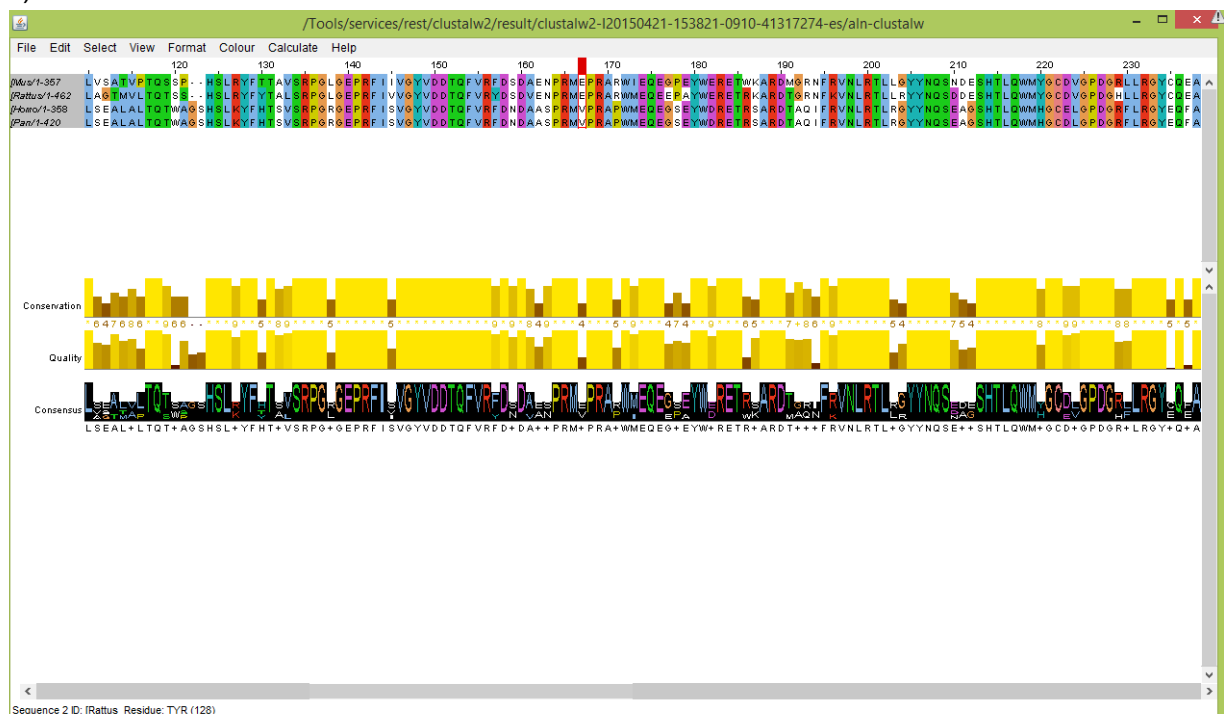
[Mus	IILGAVVAF---VMKRRRHIGVKG-CYAHVLGSKSFQTSQWPKA	357
[Rattus	AIIGAVAIIGAVVRRRKRTGKNG-SYAHVLGSKAFQISQWPKA	462
[Homo	VS-GAVVAA---VINRKKSSGGKGSYSKAEWSDSAQGSESHSL-	358
[Pan	VS-GAVVAA---VMNRKKSSGGKGRSYSKAEWSDSA-----	420
	* * * . * * * : * * * : * * * : * * * : * * *	

c)

SeqA	Name	Length	SeqB	Name	Length	Score
1	[Homo	358	2	[Pan	420	95.81
1	[Homo	358	3	[Mus	357	62.18
1	[Homo	358	4	[Rattus	462	61.45
2	[Pan	420	3	[Mus	357	62.75
2	[Pan	420	4	[Rattus	462	53.81
3	[Mus	357	4	[Rattus	462	79.27

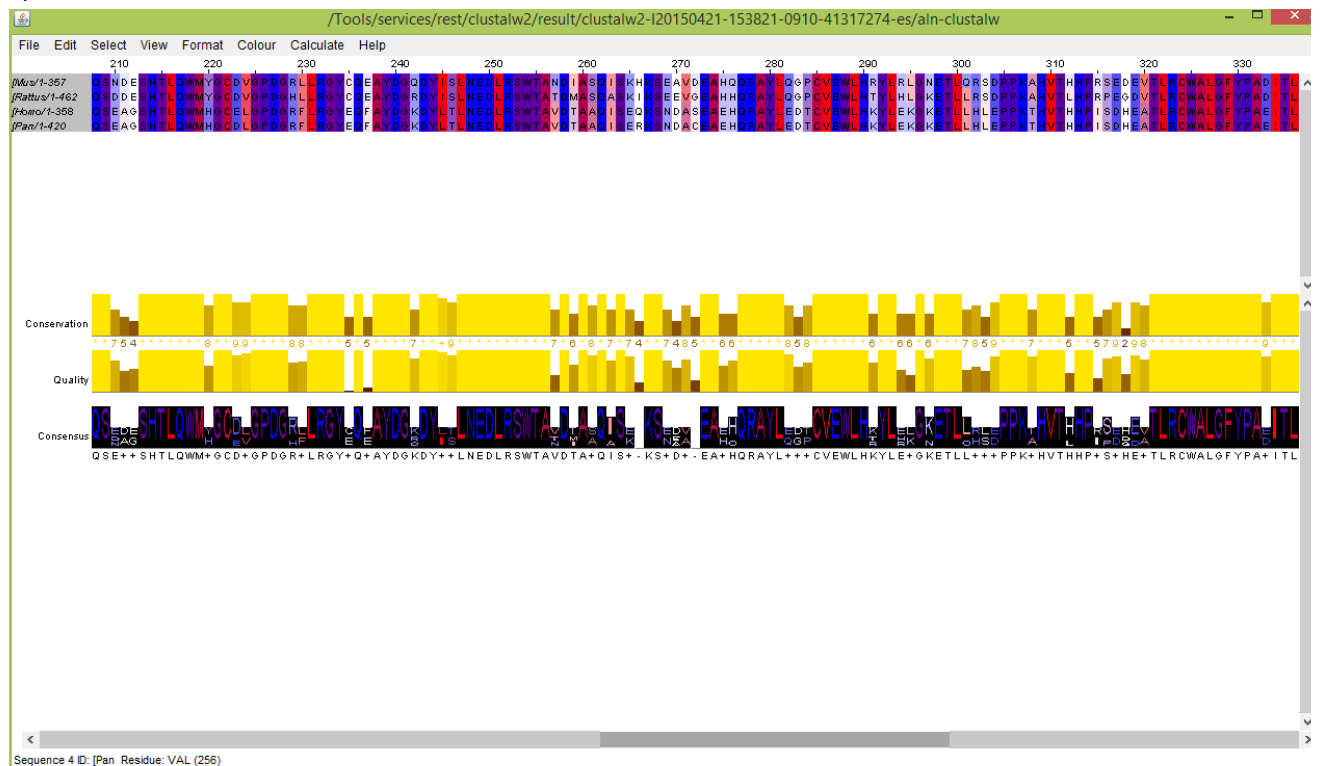
Jak można było zgadywać, największe podobieństwo występuje pomiędzy sekwencjami człowieka i szympansa (~96%) oraz pomiędzy sekwencjami myszy i szczura (~79%).

d)



Consensus - w każdej kolumnie jest wypisany znak najczęściej się powtarzający (i $\geq 50\%$), a gdy dwa mają tę samą największą wartość (np. sequence position 162 - 50% E i 50% A) lub żaden nie wystąpił w $\geq 50\%$ wtedy widnieje '+'.
 Sequence 2 ID: [Rattus Residue: TYR (128)]

e)



Sequence position: 376, szczór - L (czerw), reszta - Q (nieb)

Sequence position: 340, szczór i mysz - L (czerw), człowiek i szympan - Q (nieb)

Sequence position: 194, szczór i mysz - N (nieb), człowiek i szympan - I (czerw)

f)

Phylogram

Branch length: ☒ Cladogram ☐ Real



[Homo 0.00324
[Pan 0.03866
[Mus 0.07947
[Rattus 0.12781

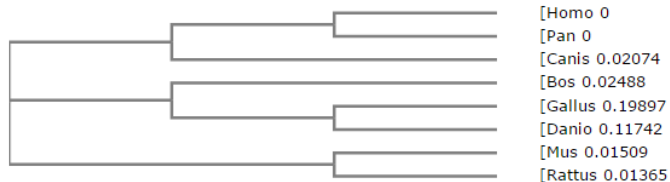
2. Analogicznie. Co ciekawsze wyniki:

SeqA	Name	Length	SeqB	Name	Length	Score
1	[Homo	348	2	[Pan	348	100.0
5	[Mus	348	6	[Rattus	348	97.13
3	[Canis	358	5	[Mus	348	95.69
1	[Homo	348	3	[Canis	358	95.4
2	[Pan	348	3	[Canis	358	95.4
3	[Canis	358	6	[Rattus	348	95.4
1	[Homo	348	6	[Rattus	348	95.11
2	[Pan	348	6	[Rattus	348	95.11
1	[Homo	348	5	[Mus	348	94.83
2	[Pan	348	5	[Mus	348	94.83
3	[Canis	358	4	[Bos	348	94.25
4	[Bos	348	6	[Rattus	348	93.68
1	[Homo	348	4	[Bos	348	93.39
2	[Pan	348	4	[Bos	348	93.39
4	[Bos	348	5	[Mus	348	93.39
4	[Bos	348	8	[Danio	354	79.31
6	[Rattus	348	8	[Danio	354	78.74
5	[Mus	348	8	[Danio	354	77.3
1	[Homo	348	8	[Danio	354	77.01
2	[Pan	348	8	[Danio	354	77.01
3	[Canis	358	8	[Danio	354	76.55
4	[Bos	348	7	[Gallus	355	70.11
3	[Canis	358	7	[Gallus	355	69.58
1	[Homo	348	7	[Gallus	355	69.54

Jak widać, sekwencje człowieka i szympansa pokrywają się całkowicie. Myszy i szczóra pokrywają się niemal całkowicie. Ogólnie tylko ryba i kurczak odbiegają od reszty ssaków (co w sumie zgadza się z intuicją).

Phylogram

Branch length: ☒ Cladogram ☐ Real



3.

Wydaje mi się, że gen rodopsyny jest bardziej homologiczny, szczególnie patrząc na "scores tables". Jeżeli się nad tym zastanowić, to możemy zauważyć parę przyczyn takich a nie innych wyników:

- a. "Geny MHC kodują białka lokalizowane na powierzchni komórek, które są odpowiedzialne za wykrywanie niebezpieczeństw grożących naszemu organizmowi (np. wirusów)" => różne gatunki mogą z różnych powodów mogły być bardziej narażone na jedne typy wirusów czy innych "wrogów" niż inne, stąd też może wynikać ich troszkę podwyższone zróżnicowanie w budowie ich MHC. (np. szympana i szczór, ~54%)
- b. "rodopsyna - światłoczuły barwnik występujący w siatkówce oka" => u ssaków zmysł wzroku działa mniej więcej tak samo, szczególnie jeżeli gatunki są blisko odległościowo w drzewie ewolucyjnym - przez to sekwencje rodopsyny u człowieka i szympana pokrywają się w 100%, ale np. sekwencje rodopsyny w człowieku i ptaka - kurczaka - już się różnią bardziej, pokrywają się w ~70%. Wciąż daje to jednak lepsze dopasowanie rodopsyny sekwencyjne niż dla MHC (szczególnie, jeżeli byśmy zapuścili porównywanie sekwencji rodopsyny tylko dla człowieka, szympana, myszy i szczóra - wtedy scores dla każdego z nich wciąż >94%)