

# Домашнее задание 2 по биоинформатике

Коломникова Дарья

1. Какой ближайший таксон объединяет
  - a. человека и мышь - **euarchontoglires**
  - b. человека и бабочку - **nephrozoa** (объединяет первичноротых и вторичноротых)
  - c. человека и дрожжи - **opisthokonta** (заднежгутиковые)
  - d. человека и капусту - **эукариоты**
2. Согласно схеме <http://tolweb.org/Eukaryotes/3>, какой из организмов является ближайшим к человеку, а какой самым удаленным от человека:
  - эвглена зеленая (эукариоты, excavata)
  - фитифтора (эукариоты, diaphoretikes)
  - **ламинария сахаристая** - самый удаленный (эукариоты, diaphoretikes) (?)
  - **дизентерийная амеба** - ближайший, объединены таксоном amorphea

## Задание

**Ген: APOE apolipoprotein E**

NCBI Gene ID: 348

NCBI source: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/348>

Функция: участвует в метаболизме липидов

**FASTA:**

[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC\\_000019.10?report=fasta&from=44905796&to=44909393](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_000019.10?report=fasta&from=44905796&to=44909393)

**Гомологи:**

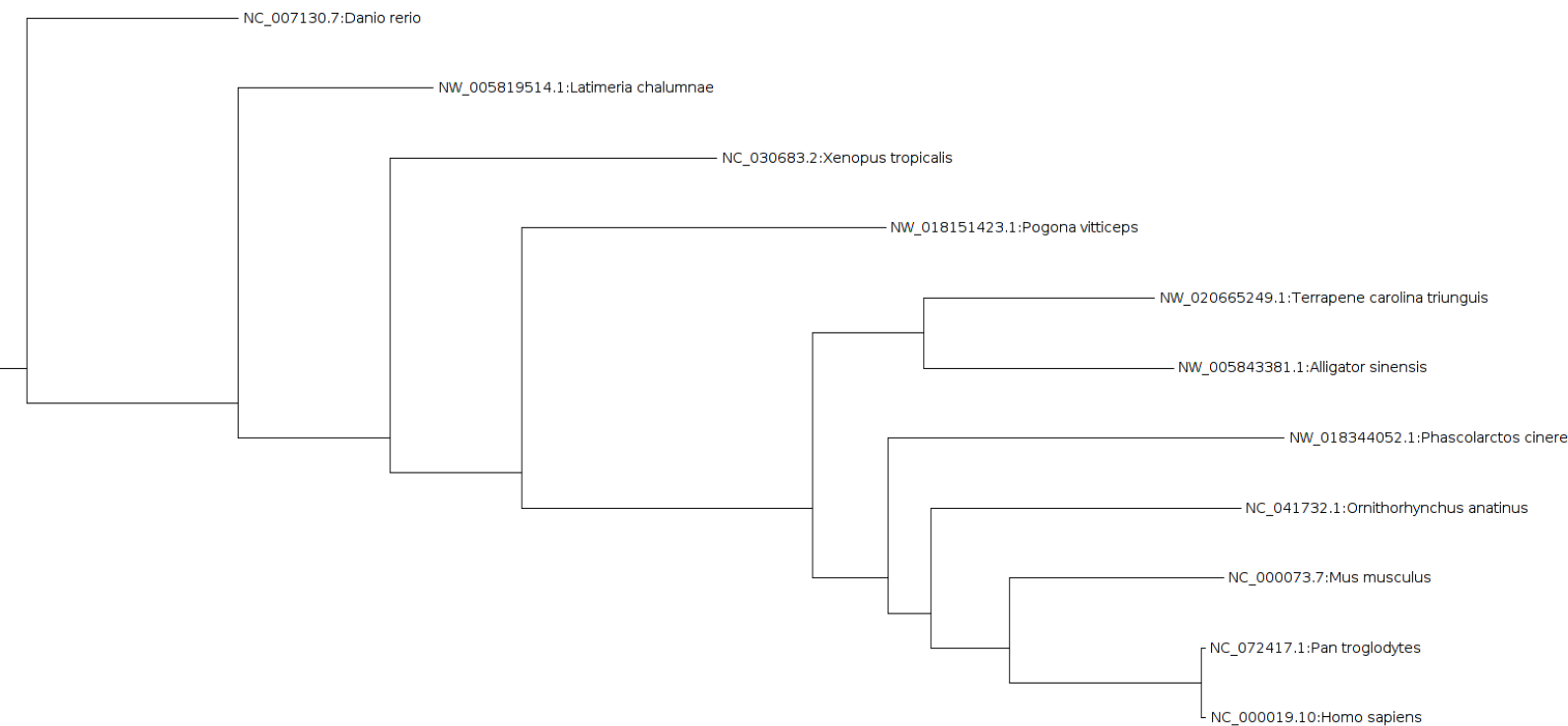
Были взяты из вкладки Orthologs человеческого гена.

Все имеют название APOE

Систематическое название вида	Русское название вида	Ссылка на фасту
Mus musculus	Мышь домовая	<a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_000073.7?report=fasta&amp;from=19430169&amp;to=19434326&amp;strand=true">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_000073.7?report=fasta&amp;from=19430169&amp;to=19434326&amp;strand=true</a>
Pan troglodytes	Обыкновенный шимпанзе	<a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_072417.1?report=fasta&amp;from=47862165&amp;to=47865661">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_072417.1?report=fasta&amp;from=47862165&amp;to=47865661</a>
Danio rerio	Данио-реριο	<a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov">https://www.ncbi.nlm.nih.gov</a>

		<a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_007130.7?report=fasta&amp;from=10855158&amp;to=10859694">/nuccore/NC_007130.7?report=fasta&amp;from=10855158&amp;to=10859694</a>
<i>Latimeria chalumnae</i>	Коморская латимерия	<a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NW_005819514.1?report=fasta&amp;from=1018892&amp;to=1021709">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NW_005819514.1?report=fasta&amp;from=1018892&amp;to=1021709</a>
<i>Xenopus tropicalis</i>	Западная шпорцевая лягушка	<a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_030683.2?report=fasta&amp;from=109270850&amp;to=109276343">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_030683.2?report=fasta&amp;from=109270850&amp;to=109276343</a>
<i>Pogona vitticeps</i>	Бородатая агама	<a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NW_018151423.1?report=fasta&amp;from=457307&amp;to=463806">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NW_018151423.1?report=fasta&amp;from=457307&amp;to=463806</a>
<i>Alligator sinensis</i>	Китайский аллигатор	<a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NW_005843381.1?report=fasta&amp;from=26662&amp;to=29316">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NW_005843381.1?report=fasta&amp;from=26662&amp;to=29316</a>
<i>Terrapene carolina triunguis</i>	Трехпалая коробчатая черепаха	<a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NW_020665249.1?report=fasta&amp;from=120484&amp;to=124020&amp;strand=true">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NW_020665249.1?report=fasta&amp;from=120484&amp;to=124020&amp;strand=true</a>
<i>Ornithorhynchus anatinus</i>	Утконос	<a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_041732.1?report=fasta&amp;from=3864514&amp;to=3866700&amp;strand=true">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_041732.1?report=fasta&amp;from=3864514&amp;to=3866700&amp;strand=true</a>
<i>Phascolarctos cinereus</i>	Коала	<a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NW_018344052.1?report=fasta&amp;from=10447864&amp;to=10451097">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NW_018344052.1?report=fasta&amp;from=10447864&amp;to=10451097</a>

## Представленные виды на дереве:



Таким образом, ближайший общий таксон всех организмов - **Euteleostomi** (костные позвоночные). Этот таксон объединяет всех *костных рыб*, *лопастепёрых рыб* и всех *четвероногих*.

## Выравнивание



Ориентируясь на статистический график выравнивания, можно сказать, что в гене не много строго консервативных участков. Короткие консервативные участки наблюдаются в середине гена, самые консервативные - в конце.

Большое количество гэпов может быть обусловлено

1. Широким эволюционным “разбросом” организмов (от костных рыб до гоминид)
2. Шумами в данных (например, обрезанные концы некоторых генов)
3. Малой кодирующей частью (длина гена человека - 3597 п.н., длина белка - 299 аа)