

Разминка

1. Какой ближайший таксон объединяет:

1. человека и мышь?
Euarchontoglires
2. человека и бабочку?
Bilateria
3. человека и дрожжи?
Opisthokonta
4. человека и капусту?
Eukaryota

2. Согласно схеме <http://tolweb.org/Eukaryotes/3>, какой из организмов является ближайшим к человеку, а какой самым удаленным от человека:
ламинария сахаристая: удаленный
дизентерийная амеба: ближайший

Основная часть

1. Взять человеческий ген.

KRT1

2. Получить его последовательность в формате FASTA.

см. файл krt-1.fasta

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

выбран был Somewhat similar sequences (blastn)

найдено с помощью BLAST было больше генов, часть из них:

Gorilla gorilla gorilla keratin 1 (KRT1), mRNA - западная горилла
Hylobates moloch keratin 1 (KRT1), mRNA - серебристый гиббон
Macaca mulatta keratin 1 (KRT1), transcript variant X1, mRNA - макак-резус
Myotis myotis keratin 1 (KRT1), mRNA - большая ночница
Equus quagga keratin, type II cytoskeletal 1-like (LOC124225722), mRNA - Бурчеллова зебра
Pteropus alecto keratin 1 (KRT1), mRNA - бавеанская летучая лисица
Rousettus aegyptiacus keratin 1 (KRT1), mRNA - египетская летучая собака
Phyllostomus hastatus keratin 1 (KRT1), mRNA - большой копыенос
Lemur catta keratin 1 (KRT1), mRNA - кошачий лемур
Callithrix jacchus keratin 1 (KRT1), mRNA
- обыкновенная игрунка

4. Построить единое множественное выравнивание полученных последовательностей.

см. файл alignment.txt

5. Проанализировать полученное выравнивание с точки зрения консервативных участков.

В конце находится больше всего консервативных участков. Много консервативных участков находится в начале выравнивания (но меньше, чем в конце).

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

Использовался NCBI Taxonomy Browser.

ближайший таксон - Boreoeutheria