### Разминка

1. Какой ближайший таксон объединяет:

1. человека и мышь?

Euarchontoglires

1. человека и бабочку?

Bilateria

1. человека и дрожжи?

Opisthokonta

1. 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 копьенос

Lemur catta keratin 1 (KRT1), mRNA - кошачий лемур

Callithrix jacchus keratin 1 (KRT1), mRNACallithrix 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