

1. Найти в NCBI геномы **двух** организмов, в которых вам было бы интересно найти гены с определенными мотивами.

Я выбрала собаки (**Canis lupus familiaris**)
и волка (**Canis lupus lupus**)

2. Скачала белковые последовательности этих геномов на сервер с помощью команды

```
datasets download genome accession <id генома вашего любимого организма>  
--include protein
```

3. На сайте <https://www.ebi.ac.uk/interpro/entry/pfam/#table> нашла HMM для моего любимого **белкового домена Ras (Ras family, PF00071)**, он отвечает за ГТФ-азную активность.

Используя HMMER нашла в этих геномах белки, содержащие выбранный домен.

4. Из текстовых файлов получили:

a. XP_004609231.1 для собаки с наименьшим E-value

b. NP_001003153.1 для волка с наименьшим E-value

5. С помощью ncbi получили аминокислотные последовательности по id
6. Для множественного выравнивания использовала Clustal Omega
7. Выравнивание показало, что у нас 100% совпадение. Находится на 10-175 позициях

все файлы прикрепила