

Biologický korespondenční seminář



Biozvěst

Ročník 0

Serie 3

Milí řešitelé,

nultý ročník Biozvěstu vstupuje do druhé poloviny. Doufám, že jste zdárně přežili shon na sklonku pololetí a že Vám během dlouhých zimních večerů zůstane pár chvil pro řešení další série Biozvěstu. Nyní vyrazíte i do zasněžené zimní krajiny na lov... Pokud Vám povinnosti neumožnily zúčastnit se minulé série, nevadí, pro konečné vyhodnocení se sečtou všechny body dohromady bez ohledu, ze které série je získáte. Připomínám pro úplnost termín terénní výpravy Biozvěstu od 16. do 21.5.2013, která se uskuteční pro 12 nejlepších řešitelů, kteří získají body z více než jedné série. Díky podpoře Přírodovědecké fakulty UK budou mít všichni účastníci ubytování zdarma.



Jak řešit

Veškeré pokyny k řešení semináře získáte na internetové stránce Biozvěstu

<http://web.natur.cuni.cz/~vosolsob/krouzek/bios.html>

(nebo zadejte „Biozvěst“ do Google). Nejdříve je třeba přihlásit se ke Google skupině „Řešitelé Biozvěstu“

Biozvest-resitele@googlegroups.com,

<https://groups.google.com/d/forum/biozvest-resitele>, vyplnit přihlášku a následné odesílání úloh se provádí prostřednictvím služby „Disk“ (dřívější „Dokumenty“) na Google.

Kdybyste měli jakýkoliv problém s uvedeným postupem, pošlete řešení na adresu biozvest@gmail.com.

V případě, že byste se ocitli bez internetu, můžete využít i klasickou poštu

Stanislav Vosolsobě

Katedra experimentální biologie rostlin

Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy v Praze

Viničná 5

128 44 Praha 2

opravené řešení však dostanete naskenované e-mailem.

Nelekejte se, když Vám přijdou úlohy na první pohled příliš těžké, ponořte se do informačních zdrojů a uvidíte, že na vše lze někde nalézt odpověď. Dobré tipy k řešení naleznete také na stránce Biozvěstu v sekci „Návody“. Není nutné abyste vyřešili všechny úlohy, stačí odeslat libovolně velký fragment. Oceníme, pokud přiložíte jakékoliv připomínky (např. úloha byla příliš lehká/těžká, nesrozumitelná, nudná), úlohy se pokusíme tvořit k Vaší maximální spokojenosti.

Veškeré dotazy či připomínky směrujte na adresy biozvest@gmail.com či vosolsob@natur.cuni.cz

Uzávěrka 3. série proběhne v neděli 3.3.2013 o půlnoci.

Úlohy můžete vypracovat přímo do zadání jednotlivých úloh, které se objeví ve Vašich sdílených dokumentech. Hotovou úlohu pojmenujte

Ročník-Série-Úloha-Jméno_Příjmení,

např. **0-1-2-Bioslav_Biomilný** v případě druhé úlohy první

série aktuálního ročníku. Poslední Vámi provedená změna by měla být ze dne uzávěrky. V případě opožděného odevzdání úloh se strhává za každý celý den jeden bod s výjimkou zvláště závažných situací. Z technických důvodů ukládejte úlohu ve formátu .doc, abychom Vám mohli přidávat do řešení komentáře.

Neboť nelze systémově blokovat kooperaci mezi řešiteli a navíc kooperace je základem úspěchu při vědecké práci, akceptujeme i skupinově řešené úlohy, v názvu a hlavičce úlohy však vyjmenujte všechny řešitele a tito řešitelé mohou odevzdat dohromady pouze jednu úlohu, všem bude přičten identický počet bodů. Případné spoluautory mimo řešitelů semináře taktéž uvádějte do hlavičky úlohy. Zdroje informací taktéž do řešení připište.

V každé sérii se můžete těšit na jednu „zelenou“, jednu „bílou“, studijní, praktickou a naučnou úlohu, ta naučná je v tomto ročníku věnována bioinformatice.

Mnoho zdaru při řešení Vám za kolektiv autorů přeje

Stanislav Vosolsobě

Úloha 1: Rozšíření zvířat

Autor: Jiří Hadrava

Počet bodů: 10

Lidé si již dávno všimli, že určitá zvířata někde žijí a jinde nežijí. Ačkoli otázka, proč dané zvíře někde není, může na první pohled působit poněkud triviálně, odpovědět na ni nebývá vždy úplně jednoduché. V následující úloze byste se měli zamyslet nad rozšířením několika živočišných druhů a zkusit vymyslet, jaké jsou příčiny toho, že žijí pouze tam, kde žijí. Vzhledem k tomu, že úvahy typu "proč něco není jinak než jak to je" nemohou být moc dobře podloženy nějakým přímým a nezpochybnitelným pozorováním, oceníme smysluplná řešení i v případě, že se nebudou shodovat se současným většinovým názorem na danou otázku. Pokud by Vám při řešení nestačilo samotné zadání a potřebovali byste nahlédnout přímo do map areálů, najdete je na webu IUCN <http://www.iucnredlist.org>, kde si můžete konkrétní mapu vyhledat zadáním latinského (či anglického) jména požadovaného druhu.

1. Ve střední Evropě můžete potkat pouze jediný druh krtka, je jím krtka evropský *Talpa europaea*. Tento druh žije i ve Velké Británii, nikoli však v Irsku. Proč tam není?
2. Čím je dána severní hranice rozšíření krtka obecného?
3. Krtka evropský nežije na jihu Pyrenejského, Apeninského ani Balkánského poloostrova. Víte proč?
4. Jaké další druhy krtků žijí v Evropě? Ke každému z nich napište, kde přibližně žije.
5. Překrývají se areály některých evropských krtků? Pokud ano, tak jak je to možné?
6. Nyní se přesuňme od krtků někam jinam a podívejme se na rozšíření psovitých šelem. Proč jsou vlci *Canis lupus* jak v Eurasii, tak v Americe, zatímco šakali *Canis aureus* jsou jen ve Starém světě?
7. A teď ještě otázka z ptáčích říše. Budniček zelený *Phylloscopus trochiloides* hnízdí nejčastěji na Sibiři, v Evropě jej můžeme potkat jen zřídka. Co mu brání v masivnějším šíření z tradičních hnízdišť směrem na východ či západ?

8. Budníček zelený se někdy uvádí jako příklad tzv. ring species. Co to znamená?
9. Na závěr ještě drobná teoretičtější otázka k zamyšlení: Když jste v předchozích otázkách přemýšleli o důvodu, proč někde nějaké zvíře není, do jakých všech oblastí Vaše úvahy zabíhaly? Zkuste nějak stručně a co nejobjektivněji shrnout, jaké aspekty mohou být zodpovědné za omezenou rozlohu areálů.

Úloha 2: PCR

Autor: Stanislav Vosolsobě

Počet bodů: 12

Již na základní škole omrzely Bioslava chemické pokusy a chtěl dělat něco sofistikovanějšího. Už pár let má ale jasno: bude geneticky manipulovat svého kocoura. Nebo alespoň kytky, co má doma. Z počátku myslel, že to bude velice komplikované, ale pak zjistil, že to tak obtížné nebude. Největší problém je s PCR. A bez ní to nejde. Zjistil, že cycler na PCR není vůbec levný a po bazarech také nepochodil. Bioslav není z bohaté rodiny a přestože se již několik let živí pouze lovem, sběrem a pěstováním a veškeré dětské přídavky si pečlivě spoří, na koupi se nezmůže. Bude muset improvizovat. O to více to Bioslava vzrušuje.

1. Kolik let by musel Bioslav spořit dětské přídavky, aby si mohl dovolit cycler?
2. Princip cycleru je vlastně jednoduchý a přístroj půjde snadno vyrobit ze součástek, které má Bioslav doma (různé motorky, kolečka, tyčky, šrot z různých kuchyňských přístrojů...) a nebo si za uspořené peníze může dokoupit (teplotní čidla a časové spínače). Jak by mohl Bioslav přístroj vyrobit? Tento princip byl dokonce využíván v předpotopních dobách molekulární biologie!
3. Na jakém fyzikálním principu pracují současné PCR cyclery?
4. Dalším problémem je primer. Ten musí být komplementární k sekvencím na začátku a na konci úseku DNA, který chceme amplifikovat. Jak se žádaný oligonukleotid získává? Jak konkrétně by si ho mohl opatřit Bioslav a kolik by to stálo?
5. Funkční primer musí splňovat určitá kritéria. Odhalte mouchy u následujících primerů:
5'-CAATTGATTTAAGCAAATGAAATC-3'
5'-GACCAGGTATACCTGGACTTG-3'
5'-ATTAGAAGCAAATTATGGCGGCC-3'
6. PCR by nešla bez polymerázy. Kary Mullis vymyslel princip PCR přesně před 30 lety. Praktické rozšíření metody umožnilo až použití *Taq* polymerázy. V čem spočívá její výhoda?
7. Na kolik řádově přijde jedna obvyklá PCR reakce, když budeme brát v úvahu cenu *Taq* polymerázy, nukleotidů, PCR zkumavek a pipetovacích špiček?

Úloha 3: Pojd'me si číst...!

Autor: Anna Elexhauserová, Stanislav Vosolsobě

Počet bodů: 10

Základním způsobem, jak se něco nového dozvědět, je si to někde přečíst. Co se vědy týče, pro tyto účely nám slouží články (někdy taky zvané „pejpry“ – z anglického výrazu „paper“). Jsou to odborná pojednání, ve kterých autor (nebo

autoři) předkládají výsledky svého experimentu – pak se jedná o tzv. původní články, případně sepisují již známé informace k danému tématu od jiných autorů – pak jde o tzv. review. Takový článek má přesně danou formu, měl by obsahovat určité kapitoly. Začíná názvem, jmény autorů a jejich pracovištěm a podobnými informacemi. Dále je tu abstrakt, stručné shrnutí celé práce pro ty, kteří jsou líní číst celý text. Pak zpravidla následují „keywords“ – několik výrazů, kterých se článek týká a podle kterých může být případně vyhledán v databázích. Další je úvod, v němž se píše, co je již k dané problematice známo. V kapitole týkající se materiálu a metod se přesně popisuje, jakým způsobem byl výzkum prováděn. Výsledky stroze informují o tom, co bylo zjištěno. Naproti tomu v další kapitole, v diskusi, jsou výsledky zjištěné autorem konfrontovány s tím, co bylo již dříve k dané problematice známo. Závěr pak stručně shrnuje, co je tedy výsledkem práce. Za ním bývá zvykem psát poděkování všem, kteří se na výzkumu podíleli a také těm, kteří ho financovali. Poslední je pak seznam použité, citované literatury. A jako úplně poslední, v případě, že autor nějaké má, jsou to různé přílohy.

Vy si v této úloze vyzkoušíte, jaké to je, dolovat informace z vědeckého článku. Stáhnout si ho můžete na této adrese: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2692860/pdf/1471-2334-9-72.pdf>. (Flegr J. et al. (2009): Increased incidence of traffic accidents in *Toxoplasma*-infected military drivers and protective effect RhD molecule revealed by a large-scale prospective cohort study. BMC Infectious Diseases. 9:72) Pozorně si jej přečtěte a poté zodpovězte následující otázky. Informace čerpejte z tohoto článku, nemusíte hledat jiné zdroje informací o *Toxoplasma gondii* nikde jinde (navíc jiné zdroje, např. popularizující články, mohou původní výzkum chybně interpretovat).

1. Jaké povolání vykonávali testovaní lidé? Jakého byli povolání?
2. „Bude-li Bioslav RhD pozitivní, bude u něj zvýšené riziko nakažení *Toxoplasma gondii*.“ Je toto tvrzení pravdivé?
3. Ve studii bylo použito mnoho různých sofistikovaných statistických metod. Podle kterého kritéria je rozhodováno, zda-li má či nemá daný faktor signifikantní vliv na výsledek pozorování? Jak byla stanovena mez průkaznosti?
4. Jak tedy ovlivňuje *Toxoplasma gondii* řidiče?
5. Lidé nakažení *Toxoplasma gondii* se povahově liší od těch nenakažených. Popište problém, který to může způsobovat při děláni výzkumu na těchto osobách.
6. Jak autoři článku ví, že procento nakažených *Toxoplasma gondii* v populaci závisí na hygienických standardech, klimatu a stravovacích návycích?
7. Koncentrace kterého hormonu se u mužů zvyšuje po nakažení *Toxoplasma gondii*? Jaké to má následky?

Úloha 4: Stopování savců

Autor: Anna Elexhauserová

Počet bodů: 15

Chceme-li se dozvědět co nejvíce o životě zvířat, ideální je samozřejmě sledovat je na živo. To bývá ovšem většinou obtížné – můžeme se sice vypravit do ZOO a pozorovat zvířata tam, nebude to však pozorování v jejich přirozeném

prostředí a naopak, budeme-li chtít sledovat volně žijící živočichy, vyžaduje to mnoho času a trpělivosti. Musíme si proto najít jiný způsob. A právě v souvislosti s nadcházející zimou se jeden takový způsob přímo nabízí. Jde o sledování stop. (Dobrym pomocníkem pro tento úkol vám může být kniha *Poznáváme naše savce* od autorů Miloše Anděry a Ivana Horáčka.)



1. Vydejte se ven, ideální dobou pro pozorování je ráno po noci, kdy sněžilo a na zemi tudíž leží vrstva čerstvého sněhu. Dívejte se po stopách a napište, které druhy savců (tedy jejich stopy) jste potkali a kdy a v jakém prostředí to bylo. Pokuste se porovnat různé biotopy (les, křoviny, louky, u vody aj.) a různé typy krajiny (antropogenní, zemědělská, přírodní a pod.).
2. Vyberte si v terénu stopy jednoho zvířete a pokuste se je co nejdéle sledovat. Napište, o jaký druh se jednalo, jak dlouho se vám podařilo stopy sledovat, co jste po cestě potkali a kde se stopy ztratily. Pokuste se ze stop vyčíst co nejvíce o chování zvířete. Můžete nakreslit i mapku. Pokud by Vám počasí nepřálo a byl nedostatek sněhu, můžete se zaměřit na stezky velkých savců, které jsou dobře patrné i v měkké půdě.
3. Co je to stopní dráha? Proč je pro určování druhů podle stop důležitá?
4. Kuna skalní *Martes foina* a kuna lesní *Martes martes* jsou si poměrně hodně podobné a to platí i pro jejich stopy, které od sebe dokáže spolehlivě rozlišit jen dobře trénované oko. Podle čeho jiného byste mohli bezpečně určit, stopu kterého druhu jste našli?
5. U kterých našich savců byste našli plovací blány mezi prsty? Patří všichni do jedné čeledi?
6. Je možné najít kromě otisků nohou i otisky jiných částí těla savců? Jestli ano, o které části těla se jedná a u kterých savců tomu tak je?
7. Kterému savci patří první největší a druhá největší stopa, se kterou se u nás můžeme setkat? Kde konkrétně může k tomuto setkání dojít?
8. Bonusová otázka: Kdo se ve šlépějích nevyzná?

Úloha 5: Mnohočetné přiřazování

Autor: Stanislav Vosolobě

Počet bodů: 8

Po předchozí sérii byste měli mít shromážděny sekvence několika reprezentativních keratinů člověka a k nim nalezené homologické sekvence z kompletně sekvenovaných živočichů které leží na vývojové větvi směrem k člověku, optimálně od nejjednodušších (houbovci, vložkovci, žahavci), přes bazální druhoústé a strunatce (např. kopinatec),

ryby až po příbuzné savce. Případně i sekvence z octomilky, pro porovnání paralelního vývoje v prvoústé linii.

Homology k určitému genu, které nalézáme v konkrétním druhu nazýváme paralogy (to je těch několik desítek keratinů u člověka či několik různých keratinů u želvy atd...). Naopak termínem ortholog nazýváme vztah mezi Keratinem 1 u člověka, odpovídajícím Keratinem 1 u psa a pak třeba jejich homologem u kopinatce. Během evoluce bohatství genových rodin narůstá a tak se z nějakého konkrétního keratinu, který měl prakopinatec v prekambriu¹ vyvinulo duplikacemi větší množství různých keratinů, které nalezneme třeba u savců. Všechny odvozené geny u savců jsou také orthology k jednomu genu u (pra)kopinatce.

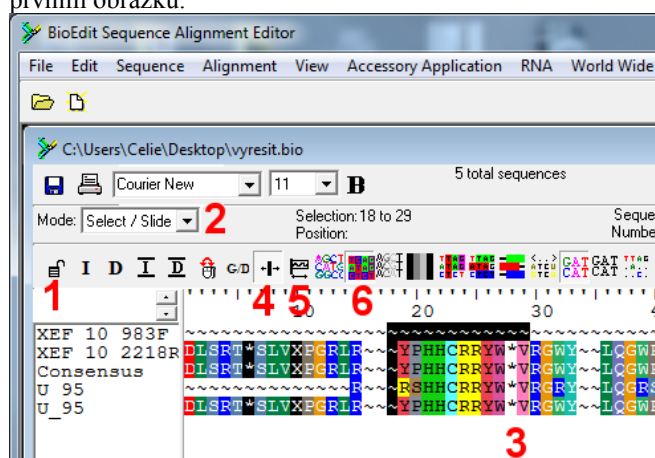
Cílem bioinformatické analýzy genových rodin je právě rekonstrukce výše zmíněných vztahů. Výstup analýzy je pak podkladem pro evolučně-vývojové spekulace, například můžeme rekonstruovat evoluci oka, když zjistíme, že určitý kožní a rohokový keratin jsou paralogy a že k jejich diverzifikaci došlo třeba už u ploštěnců...

OsCBSX1	MTKREELHVVKSTTSV-DEALEMLVEHRITGFPVID-
OsCBSX2	MTKRPNLHVVTBATSVD-EALETLVQHKISGFPVVD-
OsCBSX3a	EAMSA PVLVATAEQTL-EEVECHF--ETVSGLPVID-
OsCBSX3b	EAMSA PVLVATAEQTL-EEVECHF--ETVSGLPVID-
OsCBSX3c	EAMSA PVLVATAEQTL-EEVECHF--ETVSGLPVID-
OsCBSX3d	EAMSA PVLVATAEQTL-EEVECHF--ETVSGLPVID-
OsCBSX3e	EAMSA PVLVATAEQTL-EEVECHF--ETVSGLPVID-
OsCBSX4a	KSADG SWLWCTTDDSV-YDAVKSMTQHNVGALVVVK-
OsCBSX4b	KSADG SWLWCTTDDSV-YDAVKSMTQHNVGALVVVK-
OsCBSX4c	KSADG SWLWCTTDDSV-YDAVKSMTQHNVGALVVVK-
OsCBSX4d	KSADG SWLWCTTDDSV-YDAVKSMTQHNVGALVVVK-
OsCBSX4e	KSADG SWLWCTTDDSV-YDAVKSMTQHNVGALVVVK-
OsCBSX4f	MDLGGSGALLMTLSMML-SNL--YMTQHNVGALVVVK-
OsCBSX5	EVMSRLVQVAMADQRL-ADIDAFF--AAQSGLPVLD-
OsCBSX6	EAKAGAVYWCCTSHFV-HEAIKHMHTAHNVGALVVLK-
OsCBSX7a	FMSLDEVIIVNSGDLI-LEAFKCMKDNKIGGVPVVE-
OsCBSX7b	FMSLDEVIIVNSGDLI-LEAFKCMKDNKIGGVPVVE-
OsCBSX8	DPNRPLA MLRPNTSL-SAALNLVQAGVSSIPIVD-
OsCBSX9	VGVGGAVLAVASGTKV-IEAVRAMRAASLAAPVVD--
OsCBSX10	FANTTKPVSVYSQQLT-ALHLILSKEKI-GVAVVD-

V této části seriálu přistoupíme k vlastní homologisaci proteinových sekvencí, které jsme stahovali v minulých dvou dílech. Představte si, že sekvenční záznam je vlastně obdobným druhem dat, jako tabulka, se kterou jste pracovali v úlohách zaměřených na kladistiku, akorát místo dat typu „barva květu-modrá; chlupy-ano; listy-složené;...“ máme záznam „Keratin3: posice1-methionin; posice2-serin; posice3-cystein;...“. U kladistiky jsme viděli, že základní otázkou je správná homologisace znaků (ruka-křídlo-ploutev), abychom neporovnávali znaky, jak se říká, na „holinkách a hodinkách“. Ten stejný problém nás čeká i nyní: která posice v sekvenci Keratinu 1 je homologická ke třeba 154. posici v Keratinu 2, tj. aby obě posice měly základ ve stejné posici prakeratinu prapředka? V morfologické kladistice nám pomůže třeba embryologie, které se jeví příbuznosti struktur mnohem zřejmější, či histologie, která homologisujeme útvary na základě mikrostruktury. U sekvenčních dat je to složitější. Hypoteticky bychom mohli osekvenovat všechny organismy a pak bychom mohli stopovat změny sekvencí po jednotlivých mutacích mezi příbuznými druhy. To je možné

¹ Protože dle fosilního záznamu se dnešní kopinatci od prekambriických prakticky neliší, usuzujeme, že genom prakopinatce byl víceméně totožný s genomem současného kopinatce. Toto je uplatnění statutu „živoucí fosilie“ v moderní fylogenetice, kdy předpokládáme, že takto mohl vypadat prapředek. Nemusí to však být vždy úplně spolehlivé, větve k člověku i ke kopinatci mají za sebou půl miliardy let evoluce.

jen u mladých skupin, kdy většina zástupců existuje, těžko takto budeme rekonstruovat vývoj do prvohor. Místo histologie se naskytá funkční analýza sekvence – pokud je u dvou organismů konzervována např. katalytická funkce enzymu a v obou případech se nám podaří popsat, které aminokyseliny leží v katalytickém centru, můžeme je s vysokou pravděpodobností homologisovat. Toto je však nadmíru pracné. V praxi se používá formální přístup, kdy předpokládáme, že evoluce je spíše pomalá a tudíž pokud u dvou sekvencí nalezneme podobné úseky, budou *nejspíše* homologické. Tato procedura se nazývá přiřazení, alignment a pokud máme více než dvě sekvence, tak mnohočetné přiřazení, *multiple alignment*. Provádí se tak, že algoritmus nalezne nejdříve konzervované úseky mezi sekvencemi a pak se pokouší vkládat do sekvencí mezery tak, aby rostl počet konzervovaných pozic (sloupců), výsledek vidíte na prvním obrázku.



Všimněte si pomlček uvnitř sekvencí, to jsou mezery vložené programem. Barevně jsou zvýrazněny podobné aminokyseliny. Vytvořený obrazec respektuje evoluci sekvencí, která probíhá mutacemi, insercemi a delecemi. Podobnost aminokyselin či nukleotidů na konkrétních pozicích (sloupcích) alignmentu se určuje pomocí substitučních matic, což jsou tabulky, které odhadují pravděpodobnost mutačních přeměn mezi jednotlivými aminokyselinami či nukleotidy (substituční matice reflektuje funkční záměnost, např. valin – leucin – isoleucin i podobnost tripletů, kdy mutací jediné báze vzniká odlišná aminokyselina). Substituční matice byly zpravidla odvozeny analýzou mnoha příbuzných sekvencí s malým počtem insercí a delecí, kdy lze pravděpodobnost mutací vyhodnotit statisticky. Je však třeba zdůraznit, že výsledek vytvořený programem může být mnohdy nedokonalý a je nutné ho manuálně zkontrolovat a „zkušeným okem“ případně odhalit nedostatky. Při tom nám pomůže znalost co největšího počtu příbuzných sekvencí, které se od sebe liší málo a můžeme využít i znalosti o funkci proteinu, jak jsem již zmínil výše. Tvorba alignmentu je klíčovou událostí při rekonstrukci evoluce zkoumaných sekvencí. V dalším kroku se budou na základě alignmentů vyrábět fylogenetické stromy, avšak kvalita těchto stromů bude nejvýše tak vysoká, jako kvalita vstupního alignmentu, podobně jako je tomu v morfologické kladistice...

Nejznámějším programem pro alignment je ClustalW, který si vyzkoušíte právě nyní. Otevřete si soubor se všemi sekvencemi ve fasta formátu z minulé série v BioEditu, vyberte v menu „Accessory Application > ClustalW Multiple align-

ment“, vyskočí Vám okno, kde nemusíte nic přenastavovat, pouze stisknete „Run ClustalW“. Začne výpočet, který může trvat několik minut podle počtu sekvencí. Nakonec Vám vyskočí nové okno s homologisovanými sekvencemi.

Pro manuální úpravy nejdříve nový alignment uložte, opět jako fasta, poté pomocí tlačítka (1) (viz druhý obrázek) alignment odemkněte (kliknete dvakrát a symboly v alignmentu „-“ se změni na „~“) a potom se ujistíte, že pracujete v modu „Select / Slide“ (2), kdy můžete upravovat alignment (v modu „Edit“ můžete mazat či přepisovat pozice). Nyní myši označte nějakou oblast alignmentu (3), která tím změni inverzně barvu, vyberte režim úprav – v režimu (4) pohybuje pouze vybraným blokem, zatímco v režimu (5) posouváte celou sekvenci až do konce a přesuňte bloky tak, abyste k sobě přiřídili ty pozice, které program nezvládl. Přehlednou barevnou visualisaci alignmentu dosáhnete pomocí tlačítka (6). Kritéria pro manuální úpravy jsou ryze subjektivní a pokud si nebudete jisti, čím alignment vylepšit, není tato modifikace nutná. Při vkládání mezer buďte však střídmi, pokud byste vyrobili alignment s mezerami mezi každou pozicí, dosáhli byste sice možná stoprocentního seřazení, ale asi by to neodráželo skutečnou evoluci... Pro zpřehlednění alignmentu je taktéž možné přesouvat vertikální pozice sekvencí (kliknete na název sekvence až zčerná a pak přetáhnete jinam).

A co bude tedy Vaším úkolem:

1. Proveďte multiple alignment všech stažených sekvencí živočišných keratinů pomocí programu ClustalW v BioEditu či jiném odpovídajícím software. Alignment případně ručně dolaďte a uložte jako fasta soubor, který přiložíte k řešení.
2. Diskutujte, jak se keratiny liší v rámci celé proteinové rodiny - jak vypadají homology keratinů u nejjednodušších živočichů, co vše se z nich během evoluce vyvinulo a jak se odlišují jednotlivé paralogy keratinů u odvozených druhů?

