Кондратюк Александр Николаевич

Группа 3.

- 1. Выравниваем последовательности алгоритмом Muscle.
- 2. Построим деревья с учетом генетических расстояний различными методами Maximum Likelihood (ML), UPGMA, Maximum Parsimony.

Maximum Likelihood (ML)

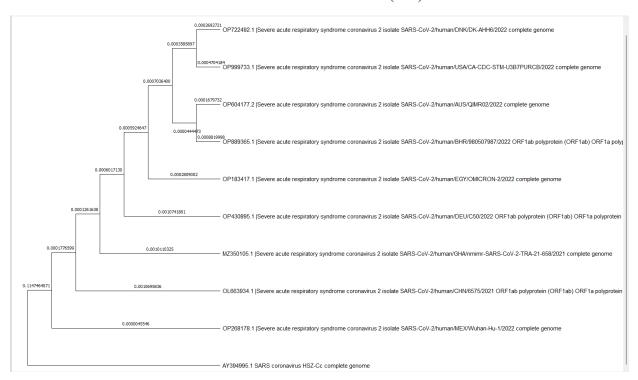


Рис 1 - ML

Заметим, что ближайшим к SARS-CoV-1 является геном SARS-CoV-2 из Ганы. Следовательно, из данной подборки он заразился первым. С учетом генетических расстояний, самым дальним от SARS-CoV-1 является геном из США, следовательно из перечисленных геномов он появился позже всех.

UPGMA.

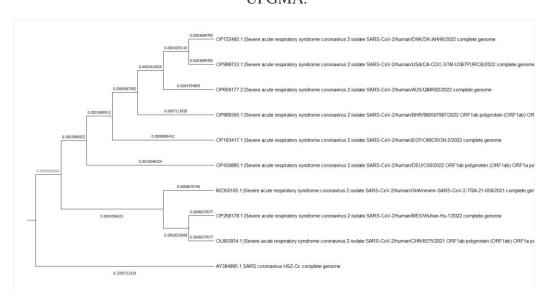
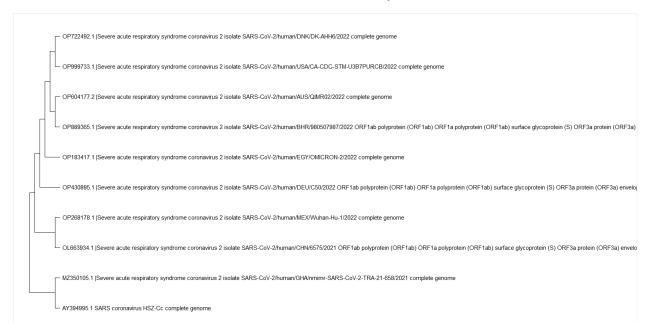


Рис 2 - UPGMA

Посчитав расстояния, заметим, что ближайшим к SARS-CoV-1 является Ghana, а самым дальним – USA.

Maximum Parsimony



Pис 3 - MP

Заметим, что ближайшим к SARS-CoV-1 является Ghana, а самым дальним – USA.

Посмотрим даты фиксации геномов на сайте:

Germany 14.09.2022

China 30.11.2021

Ghana 06.06.2022

Bahrain 24.11.2022

Egypt 09.08.2022

Australia 11.10.2022

Mexico 19.08.2022

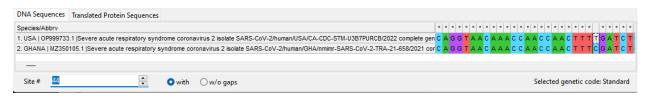
USA 13.12.2022

Denmark 26.10.2022

Как мы можем заметить, топология у всех деревьев получилась разная. Однако все три дерева SARS-CoV-1 сближают сильнее всего с Ghana, из чего можно сделать вывод, что он был заражён первым. Место последней заражённой страны, проанализировав все деревья, это USA.

Запишем 5 любых мутаций для Ghana и USA.

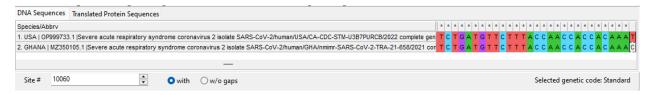
1) Мутация попадает в 44 сайт; так как самые первые гены начинаются с 266 сайта (кодирующие «orflab polyprotein» и «orfla polyprotein»), то мутация попадает в межгенное пространство до этих генов.



2) Данная мутация попадает в 9565 сайт. Согласно таблице, она попадает в ген, кодирующий «orflab polyprotein».

DNA Sequence	Translated Protein Sequences	-			•								
Species/Abbry						*	* * * * 1	* * * * *		* * * *	* * * *	* * * * *	
1. USA OP9997	733.1 Severe acute respiratory syn-	drome corona	avirus 2 isolate SARS-CoV	/-2/human/USA/CA-CDC-S	TM-U3B7PURCB/2022 o	omplete gen 🗛	ATACT	TTACI	ATT	CTTA	TGTC	TTCA	т
2. GHANA MZ3	50105.1 Severe acute respiratory	syndrome cor	ronavirus 2 isolate SARS-0	CoV-2/human/GHA/nmimr-	SARS-CoV-2-TRA-21-6	58/2021 cor A	ATACT	TTAC	ATT	CTTA	TGTC	ATTCA	С
													Ш
Site # 956	55	o with	○ w/o gaps						9	elected ge	netic code	e: Standard	

3) Данная мутация попадает в 10060 сайт. Согласно таблице, она попадает в ген, кодирующий «orflab polyprotein».



4) Данная мутация попадает в 23114 сайт. Согласно таблице, данная мутация попадает в ген, кодирующий «surface glycoprotein».

DNA Seque	ences	Translated Protein	Sequences												
Species/Abl	brv							* * *	* * * * *	* * * *	* * * *	* * * *	* * *	* * * *	* *
1. USA OP999733.1 Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/USA/CA-CDC-STM-U3B7PURCB/2022 complete gen TACTTTCCTTTTCCTTTTTCCTAATCCTTTTCCCTTTTTCCTTTTTCCTAATCTTTTCCTTTTTCCTAATCTTTTCCTAATCTTTTCCTTTTTCCTAATCTTTTCCTAATCTTTTCCTAATCTTTTCCTAATCTTTTCCTAATCTTTTCCTAATCTTTTCCTAATCTTTTCCTAATCTTTTCCTAATCTTTTTT										C G					
2. GHANA MZ350105.1 Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate SARS-CoV-2/human/GHA/nmimr-SARS-CoV-2-TRA-21-658/2021 cor TACCTTTCCTTTTCCCAATCTTTCCCAATCTCAATCTCCAATCTCCAATCTCCAATCTCCAATCTCCAATCTCCAATCTCCAATCTCCAATCTCCAATCTCCAATCTCCAATCTCCAATCTCCAATCTCCAATCTCCAATCTCAAT											CA				
									_						
Site #	23114		-	with	○ w/o gaps						Sele	cted gen	etic cod	e: Stand	lard

5) Данная мутация попадает в 26778 сайт. Согласно таблице, данная мутация попадает в ген, кодирующий «membrane glycoprotein».

