## Bioinformatika Pirmas laboratorini darbas Ataskaita

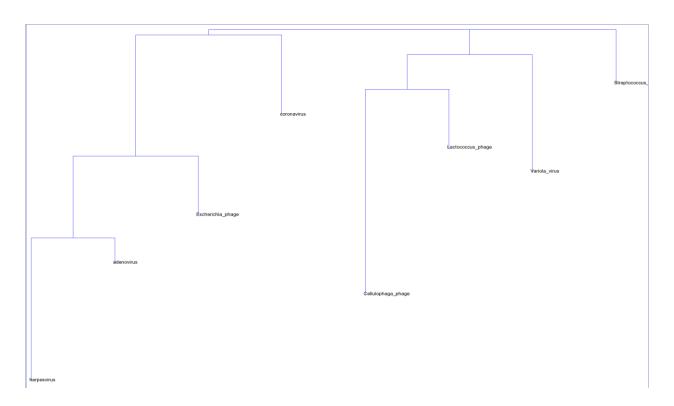
Paruošė Raimond Sobolevskij

## Darbo eigos žingsniai:

- 1. Suradau koduojančias sritis duotuose sekose(suradau ORF ir toliausiais stovintį kodoną)
- 2. Gautuose sekose, skaičiavau kiekvieno įmanomo kodono ir dikodono dažnius
- 3. Pagal dažnius suradau atstumo matricą. Vienoje sekoje vieno kodono dažnį sudėjau su kitos sekos kodonu dažniu ir padalinau iš dviejų, gaunasi vidutinis atstumas(vėliau sugalvojau kitą formulę, iš vienos sekos kodono dažnio atimti kitą ir vėliau jas sudėti, bet rezultatas gavosi toks pat, todėl pasirinkau seną formulę). Analogiškai padariau ir su dikodonais. Vėliau gautus atstumus sudėjau ir gavosi, kad kuo arčiau nulio rezultatas, tuo daugiau yra panašesnės sekos.
- 4. Pagal gautas matricas gavau medžius:

## Kodonų klasterizavimas:

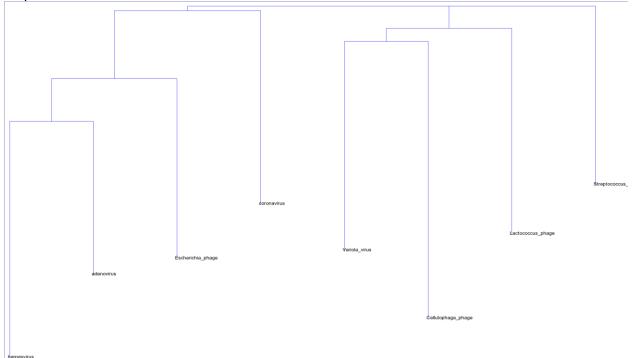
Lactococcus\_phage Escherichia\_phage Streptococcus\_phage Cellulophaga\_phage Coronavirus Adenovirus Variola\_virus Herpesvirus  $\begin{array}{c} 0.000000\ 22.479071\ 12.746277\ 19.488247\ 15.057989\ 26.012020\ 15.577873\ 34.702412\ 22.479071\ 0.000000\ 17.729023\ 33.322479\ 19.212234\ 12.267434\ 24.260656\ 20.957825\ 12.746277\ 17.729023\ 0.000000\ 23.589684\ 10.307942\ 21.261972\ 14.527863\ 29.952364\ 19.488247\ 33.322479\ 23.589684\ 0.000000\ 25.901396\ 36.855427\ 26.421280\ 45.545818\ 15.057989\ 19.212234\ 10.307942\ 25.901396\ 0.000000\ 22.745184\ 16.839575\ 31.435575\ 26.012020\ 12.267434\ 21.261972\ 36.855427\ 22.745184\ 0.000000\ 27.793606\ 12.392833\ 15.577873\ 24.260656\ 14.527863\ 26.421280\ 16.839575\ 27.793606\ 0.000000\ 36.483997\ 34.702412\ 20.957825\ 29.952364\ 45.545818\ 31.435575\ 12.392833\ 36.483997\ 0.000000\end{array}$ 



## Dikodonų klasterizavimas:

Lactococcus\_phage
Escherichia\_phage
Streptococcus\_phage
Cellulophaga\_phage
Coronavirus
Adenovirus
Variola\_virus
Herpesvirus

 $\begin{array}{c} 0.000000\ 50.980408\ 43.154545\ 52.610386\ 45.201710\ 52.667023\ 45.410488\ 61.494442\ 50.980408\ 0.000000\ 45.768349\ 59.938667\ 46.868801\ 39.892769\ 52.738770\ 48.720188\ 43.154545\ 45.768349\ 0.000000\ 52.112804\ 39.989651\ 47.454964\ 44.912907\ 56.282383\ 52.610386\ 59.938667\ 52.112804\ 0.000000\ 54.159969\ 61.625282\ 51.624565\ 70.452705\ 45.201710\ 46.868801\ 39.989651\ 54.159969\ 0.000000\ 48.555416\ 46.960075\ 57.382835\ 52.667023\ 39.892769\ 47.454964\ 61.625282\ 48.555416\ 0.000000\ 54.425385\ 41.324326\ 45.410488\ 52.738770\ 44.912907\ 51.624565\ 46.960075\ 54.425385\ 0.000000\ 63.252804\ 61.494442\ 48.720188\ 56.282383\ 70.452705\ 57.382835\ 41.324326\ 63.252804\ 0.000000\ \end{array}$ 



Iš gautų medžių galima pastebėti, jog "Sreptococcus phage" daugiausiai išsiskiria iš kitų virusų, kadangi yra atsiskyręs nuo kitų bakterijų ir žinduolių virusų. Taip pat "Escherichia phage" yra daugiau panašesnis į žinduolių virusus, kaip tarp kodonų taip pat ir tarp dikodonų. Didžiausias skirtumas yra tarp "herpesvirus" ir "Cellulophaga" virusų, kadangi jie priklauso skirtingoms virusų grupėms, nes kaip žinduoliai taip ir bakterijos yra linkę klasterizuotis kartu, nors ir yra išimčių, kaip pavyzdžiui "Variola virus", kuris klasterizavosi kartu su bakterijų virusais. Tarp kodonų ir dikodonų skirtumas nedidelis, tik apsikeitė bakterijų klasteris.