

Построение эволюционного дерева sars-cov-2 из разных людей.

Где взять полные последовательности геномов sars-cov-2-seqs?

Wuhan-Hu-1 - SARS-CoV-2 (Dec 2019) Coronavirus accession number MN908947

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=MN908947>

База данных GenBank

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/sars-cov-2-seqs/>

Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 data hub

(>500 полных геномов вируса SARS-CoV-2 из людей разных стран)

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/virus/vssi/#/virus?SeqType_s=Nucleotide&VirusLineage_ss=SARS-CoV-2,%20taxid:2697049

Задание

1. Скачать полные последовательности геномов SARS-CoV-2 из разных людей разных стран (5-10 геномов)
2. Скачать полную последовательность генома SARS-CoV-1 с сайта вики
3. Сделать один фаста-файл со всеми геномами (*для страховки есть готовый в материалах к семинару*)
4. Произвести выравнивание последовательностей (*для страховки есть готовое в материалах к семинару*)
5. Исследовать файл выравнивания на неконсервативные сайты.
6. Построить матрицу попарных расстояний.
7. Построить филогенетическое дерево разными методами (расстояний) (максимального правдоподобия – будет долго работать! За семинар вряд ли построит) НО с бутстрепом.
8. Исследовать дерево.