

Extras

Atividade 2. Realizar análises detalhadas dos significados das conservações / mutações do arquivo fornecido com as sequências dos vírus. Outros conjuntos de dados de interesse também podem ser utilizados. Nesse caso, entregar um relatório de até 5 páginas com essas análises (5 pontos).

Utilizamos o Algoritmo de Needleman-Wunsch para alinhamentos globais par-a-par de sequências. Foram realizados alinhamento entre as sequências dos vírus disponibilizadas para a realização da atividade disponibilizado no Moodle.

Todas as sequências são referentes a glicoproteína da proteína S (Spike) da família dos Coronavírus em diferentes espécies.

Alinhamento entre sequências:

>sp|Q02385|SPIKE_CVMJC Spike glycoprotein OS=Murine coronavirus (strain JHMV / variant CL-2) OX=33735 GN=S PE=1 SV=1

>tr|W6A028|W6A028_MERS Spike glycoprotein OS=Middle East respiratory syndrome-related coronavirus OX=1335626 GN=S PE=3 SV=1

Tamanho sequência A: 1376 // Tamanho sequência B: 1353

Aminoácidos conservados: 498

A sequência “A” é um coronavírus em Murino , já a Sequência “B” trata-se da proteína S na espécie MERS causador da Síndrome Respiratória do Oriente Médio. Os pouco aminoácidos conservados entre eles.

>sp|Q02385|SPIKE_CVMJC Spike glycoprotein OS=Murine coronavirus (strain JHMV / variant CL-2) OX=33735 GN=S PE=1 SV=1

>sp|P0DTC2|SPIKE_SARS2 Spike glycoprotein OS=Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 OX=2697049 GN=S PE=1 SV=1

Tamanho sequência A: 1376 // Tamanho sequência B: 1273

Aminoácidos conservados: 484

A sequência “A” é um coronavírus em Murino , já a Sequência “B” trata-se da proteína S na espécie SARS2, pertencem à mesma família de espécies diferentes.

>sp|Q02385|SPIKE_CVMJC Spike glycoprotein OS=Murine coronavirus (strain JHMV / variant CL-2) OX=33735 GN=S PE=1 SV=1

>sp|P59594|SPIKE_SARS Spike glycoprotein OS=Severe acute respiratory syndrome coronavirus OX=694009 GN=S PE=1 SV=1

Tamanho sequência A: 1376 // Tamanho sequência B: 1255

Aminoácidos conservados: 479

A sequência “A” é um coronavírus em Murino , já a Sequência “B” trata-se da proteína S na espécie SARS2, pertencem à mesma família de espécies diferentes.

>sp|Q02385|SPIKE_CVMJC Spike glycoprotein OS=Murine coronavirus (strain JHMV / variant CL-2) OX=33735 GN=S PE=1 SV=1

>sp|P11224|SPIKE_CVMA5 Spike glycoprotein OS=Murine coronavirus (strain A59) OX=11142 GN=S PE=1 SV=2

Tamanho sequência A: 1376 // Tamanho sequência B: 1324

Aminoácidos conservados: 1201

A sequência “A” e “B” são coronavírus em Murinos pertencente à mesma família e possivelmente a variantes diferentes. apresentam alta taxa de conservação de aminoácidos

>sp|Q02385|SPIKE_CVMJC Spike glycoprotein OS=Murine coronavirus (strain JHMV / variant CL-2) OX=33735 GN=S PE=1 SV=1

>sp|P11223|SPIKE_IBVB Spike glycoprotein OS=Avian infectious bronchitis virus (strain Beaudette) OX=11122 GN=S PE=1 SV=1

Tamanho sequência A: 1376 // Tamanho sequência B: 1162

Aminoácidos conservados: 393

A sequência “A” é um coronavírus em Murino , já a Sequência “B” trata-se da proteína S causadora de bronquite infecciosa aviária. Os pouco aminoácidos conservados entre eles.

>sp|Q02385|SPIKE_CVMJC Spike glycoprotein OS=Murine coronavirus (strain JHMV / variant CL-2) OX=33735 GN=S PE=1 SV=1

>sp|P36334|SPIKE_CVHOC Spike glycoprotein OS=Human coronavirus OC43 OX=31631 GN=S PE=3 SV=1

Tamanho sequência A: 1376 / Tamanho sequência B: 1353

Aminoácidos conservados: 885

A sequência “A” e “B” são coronavírus em mamíferos, pertencente a espécies distintas, mas apresentam alta taxa de conservação de aminoácidos.

>sp|Q02385|SPIKE_CVMJC Spike glycoprotein OS=Murine coronavirus (strain JHMV / variant CL-2) OX=33735 GN=S PE=1 SV=1

>sp|P12651|SPIKE_IBVM Spike glycoprotein OS=Avian infectious bronchitis virus (strain M41) OX=11127 GN=S PE=3 SV=1

Tamanho sequência A: 1376 // Tamanho sequência B: 1162

Aminoácidos conservados: 414

A sequência “A” é um coronavírus em Murino , já a Sequência “B” trata-se da proteína S causadora de bronquite infecciosa aviária. Os pouco aminoácidos conservados entre eles.

>sp|Q02385|SPIKE_CVMJC Spike glycoprotein OS=Murine coronavirus (strain JHMV / variant CL-2) OX=33735 GN=S PE=1 SV=1

>sp|P15423|SPIKE_CVH22 Spike glycoprotein OS=Human coronavirus 229E OX=11137 GN=S PE=1 SV=1

Tamanho sequência A: 1376 // Tamanho sequência B: 1173

Aminoácidos conservados: 393

A sequência “A” e “B” são coronavírus em mamíferos, pertencente a espécies distintas, mas apresentam baixa conservação de aminoácidos.

>sp|Q02385|SPIKE_CVMJC Spike glycoprotein OS=Murine coronavirus (strain JHMV / variant CL-2) OX=33735 GN=S PE=1 SV=1

>sp|Q6Q1S2|SPIKE_CVHNL Spike glycoprotein OS=Human coronavirus NL63 OX=277944 GN=S PE=1 SV=1

Tamanho sequência A: 1376 // Tamanho sequência B: 1356

Aminoácidos conservados: 436

A sequência “A” e “B” são coronavírus em mamíferos, pertencente a espécies distintas e apresentam baixa conservação de aminoácidos

>sp|Q02385|SPIKE_CVMJC Spike glycoprotein OS=Murine coronavirus (strain JHMV / variant CL-2) OX=33735 GN=S PE=1 SV=1

>sp|O90304|SPIKE_BRV1 Spike glycoprotein OS=Breda virus 1 OX=360393 GN=S PE=3 SV=1

Tamanho sequência A: 1376 // Tamanho sequência B: 1583

Aminoácidos conservados: 382

A sequência “A” e “B” pertencente a espécies distintas. Apresentam baixa conservação de aminoácidos e a sequência B pertence a um gênero, ordem, família diferente dos Coronavírus.

Se houvesse o alinhamento entre todas as sequências, provavelmente a similaridade entre a de mesma família viral e espécies analisadas apresentariam alta proporcionalidade de aminoácidos conservados. Como o trabalho apresenta um número determinado de páginas e o intuito é apenas demonstrar a implementação do algoritmo esses alinhamentos não foram realizados.