**1.1小组 SARS-CoV-2微进化分析阶段性成果汇报**

**18级生物科学专业 刘婕**

**分析目标：**

1. **获取当前所有的 2019-nCoV 全基因序列，基于系统发育分析技术，研究在时间和空间轴向上 2019-nCoV 序列间的关联，探究其传播途径和传播规律。**
2. **分析 2019-nCoV 序列人传人的代间变异位点、变异类型、 变异模式和变异速率**

**分析流程：**

1. **从GISAID数据库下载带有采样时间、采样地点注释信息的序列；**
2. **从NCBI数据库获取参考序列**
   1. **人源SARS/ SARS-like 病毒近缘序列**
3. **使用megax进行序列比对，利用适当模型建构进化树**
   1. **基于全基因组**
   2. **基于特定ORF: ORF1a / ORF1b / S**
4. **根据变异位点分析变异速率**

**目前进度：**

**完成对21条不同国家、不同时间点采样的序列分析（以2条蝙蝠源SARS-like病毒和一条SARS序列作为参考基因组），利用邻接法、最大似然法建立进化树。**

**总结阶段成果和下一步计划：**

1. **总结阶段成果：进化树样本部分基本不存在分叉，原因分析如下：**
   1. **由于观测时间短，病毒序列本身差异微小**
   2. **比对基于全基因组而不是某个阅读框**
2. **下一步计划：提取样本中ORF1a / ORF1b / S 序列，分别建立系统发育树**

**问题： GISAID 数据库不提供单个ORF，仅提供全基因组**

**应对：**

1. **查询Ncbi等数据库是否与GISAID共享序列**
2. **寻找基于全基因组和参考序列，允许研究者自行提取部分ORF的软件工具。**