**חלק ג – אנליזת מנקודת מבט אבולוציונית - וירוסים**

**שאלה 1 :**

**סעיף א**

הסבר: בסעיף זה עבור הקוד הגנטי המתאים לוירוס הקורונה חישבנו עבור כל קודון כמה עמדות הן סינונימיות, הפלט הוא מילון אשר מציג כל הקודונים השונים ומספר המוטציות הסינונימיות האפשריות.

תחת הנוסחא :

Fs = כמות המוטציות הסינונימיות לכל קודון.

N = כמות המוטציות האפשריות לא כולל התחלה וסוף.

פלט = Fs\*3/N

דוגמא לפלט:

**Table

Description automatically generated with medium confidence**

**שאלה 2 :**

**סעיף א**

בסעיף זה השוונו בן הקורונה מ2020 למוטציה של הקורונה לאחרונה (2022).

לקורונה הישנה והחדשה יש את אותו מספר גנים (11 גנים) ואכן גם משותפים, קיים גן אחד שווה לגמרי בשניהם ברמת החלבונים.

דוגמא לפלט:

Text

Description automatically generated with low confidence

**סעיף ב:**

בסעיף זה לקחנו 5 גנים משותפים וחישבנו את מדד הdnds, ותחת טבלה ניתן לראות פרטים על כל גן משותף  
)למשל שם, תפקיד, ופרטים נוספים (.., את תוצאות הdnds , וכן האם התרחשה בגן זה סלקציה חיובית, ניטרלית או שלילית.

כדי שנוכל היה לחשב את הdnds היינו צריכים לעשות Aligment לחלבונים , להבהיר לקודונים ורק אז לחשב את ה.dnds

Graphical user interface

Description automatically generated with low confidence

**סעיף א**הסבר: בסעיף זה התבקשנו להצליב בין הנתונים שיש לנו בקובץ ה GeneBank לבין הקובץ שהורדנו מ UniProt. את ההצלבה ביצעתי ע"י המזהה 'GOA'. מזהה זה הינו משותף ל2 המאגרים ומזהה חלבונים באופן ייחודי.  
דרך: על מנת לבצע את ההצלבה באופן האידיאלי מבחינת זמני ריצה, הכנתי 2 מילונים. מיליון עבור הערכים מ UniProt, ועבור הערכים מ GeneBank. בחרתי במילון על מנת לבצע שליפה ב O(1) על מנת לבצע את פעולת ההצלבה המלאה ב O(n). המפתח במילונים אלו היה המזהה 'GOA' ו Name והערכים היו רצף הגנים. כלומר סהכ 4 מילונים.  
תוצאות:

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| מקור | ערכים קיימים | ערכים עם מזהה GOA | ערכים עם מזהה Name | הצלבה ע"פ GOA | הצלבה ע"פ Name |
| UniProt | 8541 | 8541 | 6938 | 3381 | 3715 |
| GeneBank | 4237 | 3381 | 4171 | 3381 | 3715 |

הערות: נראה כי הרישומים הקיימים ב GeneBank עבור החלבונים - חסרים ולא מושלמים. כאשר קיימים חלבונים שלא כוללים את המזהה 'GOA'. להערכתי המזהים החסרים נובעים מכך שמאגר ה GeneBank עיקרו הינו גנים ולא חלבונים, לעומת UniProt שזה עיקר ייעודו. בנוסף אף על פי שיש מיפוי רחב יותר של GOA ב UniProt ההצלבה המוצלחת יותר בוצעה ע"י שם החלבון (כנדרש בתרגיל).  
צילומי מסך: ראה נספח **חלק ב(א)**

**סעיף ב**הסבר: בסעיף זה התבקשנו לזהות את החלבונים המכילים חלקים טרנסממברנלי,ולאפיין אותם.  
דרך: בעזרת מאגר UniProt הוספתי עמודה בשם Transmembrane, ע"פ עמודה זו ניתן לזהות את החלבונים המכילים את האיזורים האלו.  
תוצאות: עבור חלבונים אלו -> האורך הממוצע - 238.58, האורך המקסימלי- 493, האורך המינימלי- 134. צילום מסך של ההיסטוגרמה ניתן למצוא ב**נספח חלק ב(ב).**הערך הממוצע של חומצות האמינו ההידרופוביות בחלבונים אלו הינו : 0.496, זוהי כמות נכבדת מאוד של חומצות אמינו הידרופוביות, וזה אכן תואם את הציפיות שלנו מחלבונים המכילים מקטעים טרנסממברנלי. פירוט על כל חלבון ניתן לראות ב**נספח חלק ב(ב)**

**סעיף ג**הסבר: בסעיף זה נדרשנו לנתח את רצפי הגנים המקודדים (CDS), עם השוואה בין טרנסממברנלי לרגילים.  
דרך: סיוע בספריית Matplolib על מנת להכין את ההיסטוגרמות.  
תוצאות: את התוצאות ניתן לראות בנספח **חלק ב(ג)**

**נספח חלק ב(א)**

להלן פלט של התכנית, הערה חשובה את gn len הינו מספר החלבונים המכילים את המזהה 'GOA'

Text

Description automatically generated

**נספח חלק ב(ב)**היסטוגרמה עבור האורכים של החלבונים המכילים קטעים מסוג טרנסממברנלי

Chart, histogram

Description automatically generated

התפלגות חומצות האמינו על-פי החלבונים המכילים מקטעים טרנסממברנלי  
{'yrbG': 0.44954128440366975, 'ydbS': 0.5094339622641509, 'ydfS': 0.4723404255319149, 'ydbT': 0.44421906693711966, 'yshB': 0.5706214689265536, 'yxlG': 0.5077519379844961, 'ydfR': 0.4888888888888889, 'yetF': 0.42857142857142855, 'yshE': 0.4626865671641791, 'ykjA': 0.4732510288065844, 'yoaK': 0.5911111111111111, 'ecfT': 0.5622641509433962}

**נספח חלק ב(ג)**מניסוח השאלה לא היה ברור האם הנתונים הרצויים הינם עבור המופעים של GC או עבור האורך של החלבונים. ולכן עשיתי את שניהם:

עבור האורכים:Graphical user interface, chart, histogram

Description automatically generated

עבור ה GC:  
Chart, bar chart

Description automatically generated  
נתונים נוספים:

|  |  |
| --- | --- |
|  |  |