

Место для баллов:

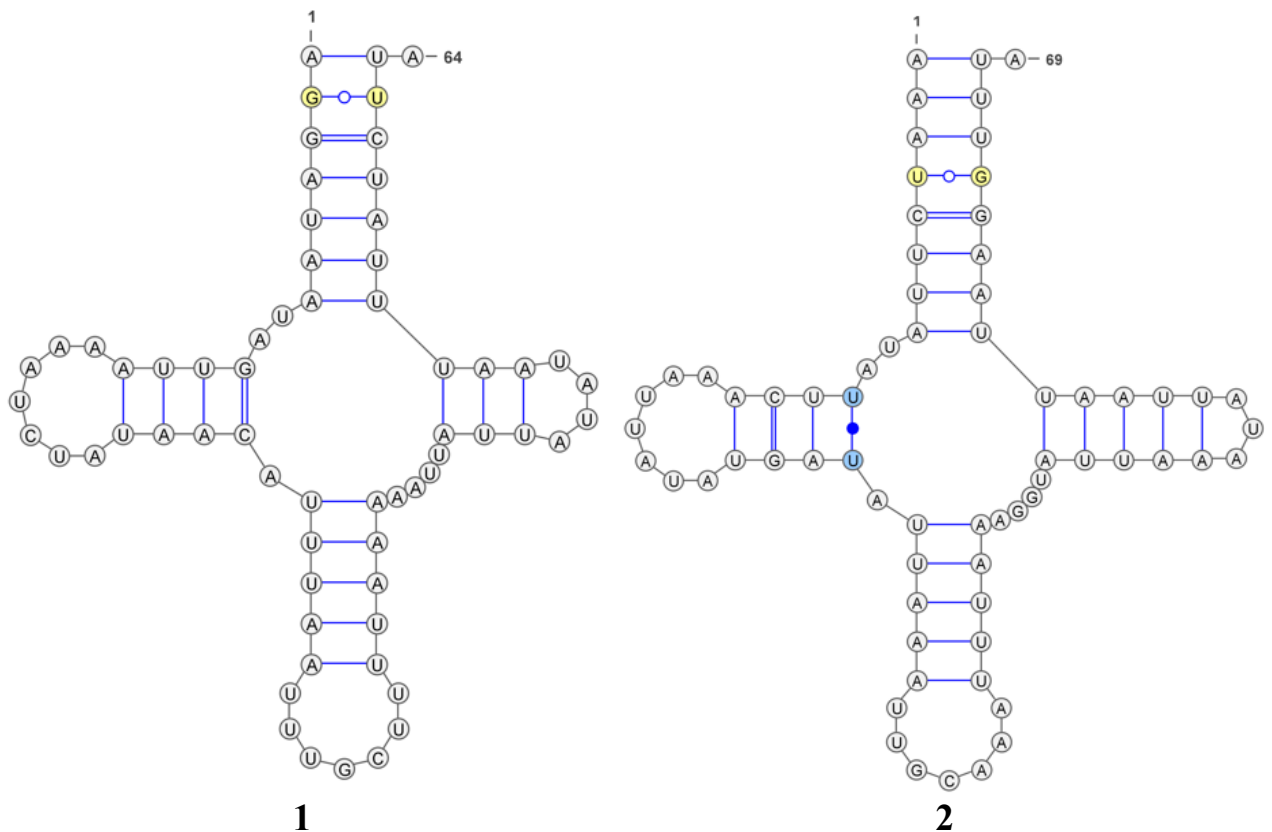
Код:

КАБИНЕТ № 2.
МОЛЕКУЛЯРНАЯ БИОЛОГИЯ
(30 баллов)

Продолжительность выполнения задания – 1 час 30 минут (90 минут).

ЗАДАНИЕ 1

Перед вами результаты моделирования вторичной структуры митохондриальных транспортных РНК.



		Вторая буква					
		U	C	A	G		
Первая буква	U	UUU } Phe UUC } UUA } Leu UUG }	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } UAA Stop UAG Stop	UGU } Cys UGC } UGA Trp UGG Trp	U C A G	
	C	CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }	U C A G	
	A	AUU } Ile AUC } AUA } Met AUG }	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA Stop AGG Stop	U C A G	
	G	GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }	U C A G	

Митохондриальный генетический код

1.1. Определите, тРНК каких аминокислот перед вами. (6 баллов)

- 1) _____
- 2) _____
- 3) _____
- 4) _____
- 5) _____
- 6) _____

1.2. Что обозначают цветные выделения некоторых оснований? (1 балл)

1.3. Из представленных шести тРНК у aberrантной тРНК под номером _____ (1 балл) отсутствует _____ (1 балл).

Из-за отсутствия данной структурной части тРНК не сможет

(2 балла).

1.4. Классифицируйте на основе полярности радикалов аминокислоты, кодируемые этими тРНК (6 баллов)

- 1) _____
- 2) _____
- 3) _____
- 4) _____
- 5) _____
- 6) _____

ЗАДАНИЕ 2

На филогенетическом дереве представлены гены полипептида А из одного отряда организмов (виды А, В, С, D, Е), в качестве внешней группы – ген полипептида А из родственного отряда вышеуказанных организмов.

Вам предстоит определить, какие из последовательностей являются ортологами, а какие — паралогами. С матрицей генетических дистанций можно ознакомиться в таблице 1.

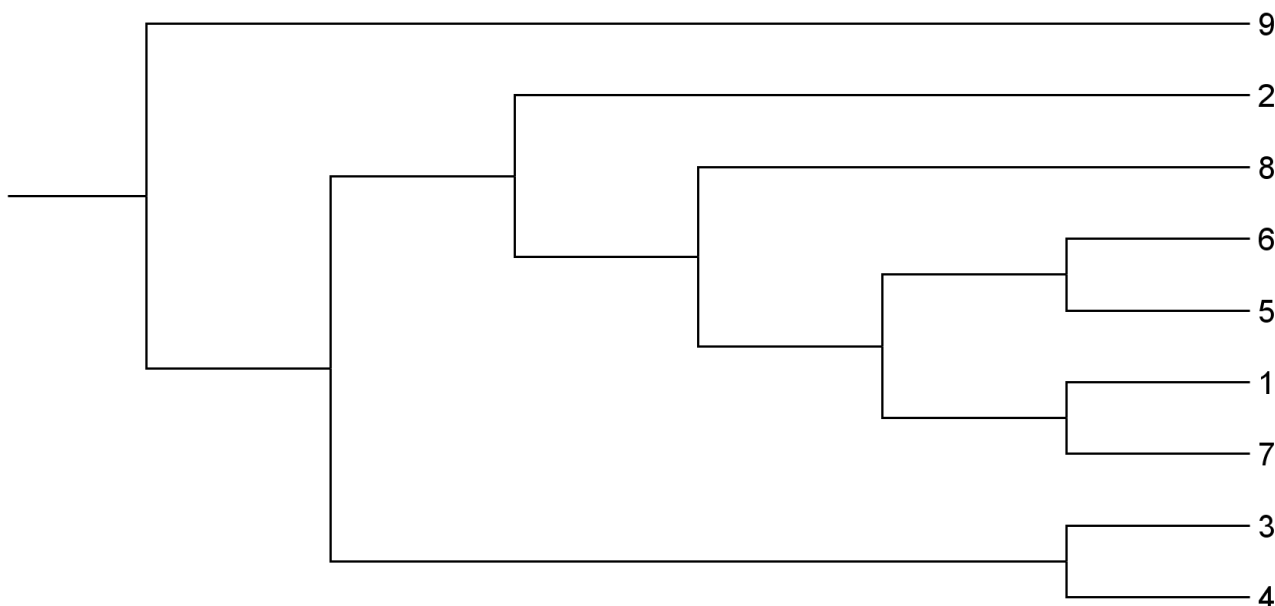


Таблица 1 – Матрица генетических дистанций

№ последовательности	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1									
2	0,53								
3	0,35	0,55							
4	0,17	0,34	0,24						
5	0,27	0,38	0,24	0,17					
6	0,42	0,60	0,49	0,4	0,17				
7	0,05	0,42	0,35	0,17	0,27	0,42			
8	0,24	0,38	0,36	0,21	0,21	0,45	0,2		
9	0,17	0,29	0,27	0,05	0,17	0,39	0,17	0,14	

Также перед вами набор выравниваний последовательностей исследуемых генов. Отберите те из них, что необходимы Вам для

дальнейшего анализа – подсчета dS , dN и dN/dS , где:

dS – отношение количества синонимичных замен к количеству вариантов синонимичных замен (полученные значения сокращать до 2 знака после запятой). Например, у кодона GUU (валин) 3 варианта синонимичных замен.

dN – отношение количества несинонимичных замен к количеству вариантов несинонимичных замен (полученные значения сокращать до 2 знака после запятой). Например, у кодона GUU (валин) 6 вариантов несинонимичных замен.

dN/dS – отношение показателя dN к dS (полученные значения сокращать до 2 знака после запятой).

См. ниже стандартный генетический код.

См. ниже таблицу для заполнения.

```
1 ATGATAGTATATAATCTGATCGGAGCTCTAGCGCCGTAG
7 ATGATAGTATATAACCTGATCGGAGCTCTAGCGTCGTAG
3 ATGATTATCTATAATATGGTCCGAACCTATATCGTCGTAA
2 ATGATCGTCATCAACCTCATGAGAGCTGTACAGTCGTAA
2 ATGATCGTCATCAACCTCATGAGAGCTGTACAGTCGTAA
4 ATGATAGTCTACAATCTGATCCGAGCTCTAACGTCGTAA
2 ATGATCGTCATCAACCTCATGAGAGCTGTACAGTCGTAA
8 ATGATCGTCTATAACCTAATCGGATCTCTAACGACGTAA
2 ATGATCGTCATCAACCTCATGAGAGCTGTACAGTCGTAA
9 ATGATCGTCTACAATCTGATCGGAGCTCTAACGTCGTAA
3 ATGATTATCTATAATATGGTCCGAACCTATATCGTCGTAA
4 ATGATAGTCTACAATCTGATCCGAGCTCTAACGTCGTAA
4 ATGATAGTCTACAATCTGATCCGAGCTCTAACGTCGTAA
9 ATGATCGTCTACAATCTGATCGGAGCTCTAACGTCGTAA
5 ATGATTGTCTATAATCTCATCAGAACCTCTAACGTCCTAA
6 ATGATTGTATATGATCTCATTAAGAACCCCTGACATCCTAA
5 ATGATTGTCTATAATCTCATCAGAACCTCTAACGTCCTAA
9 ATGATCGTCTACAATCTGATCGGAGCTCTAACGTCGTAA
6 ATGATTGTATATGATCTCATTAAGAACCCCTGACATCCTAA
2 ATGATCGTCATCAACCTCATGAGAGCTGTACAGTCGTAA
7 ATGATAGTATATAACCTGATCGGAGCTCTAGCGTCGTAG
9 ATGATCGTCTACAATCTGATCGGAGCTCTAACGTCGTAA
8 ATGATCGTCTATAACCTAATCGGATCTCTAACGACGTAA
6 ATGATTGTATATGATCTCATTAAGAACCCCTGACATCCTAA
8 ATGATCGTCTATAACCTAATCGGATCTCTAACGACGTAA
9 ATGATCGTCTACAATCTGATCGGAGCTCTAACGTCGTAA
```

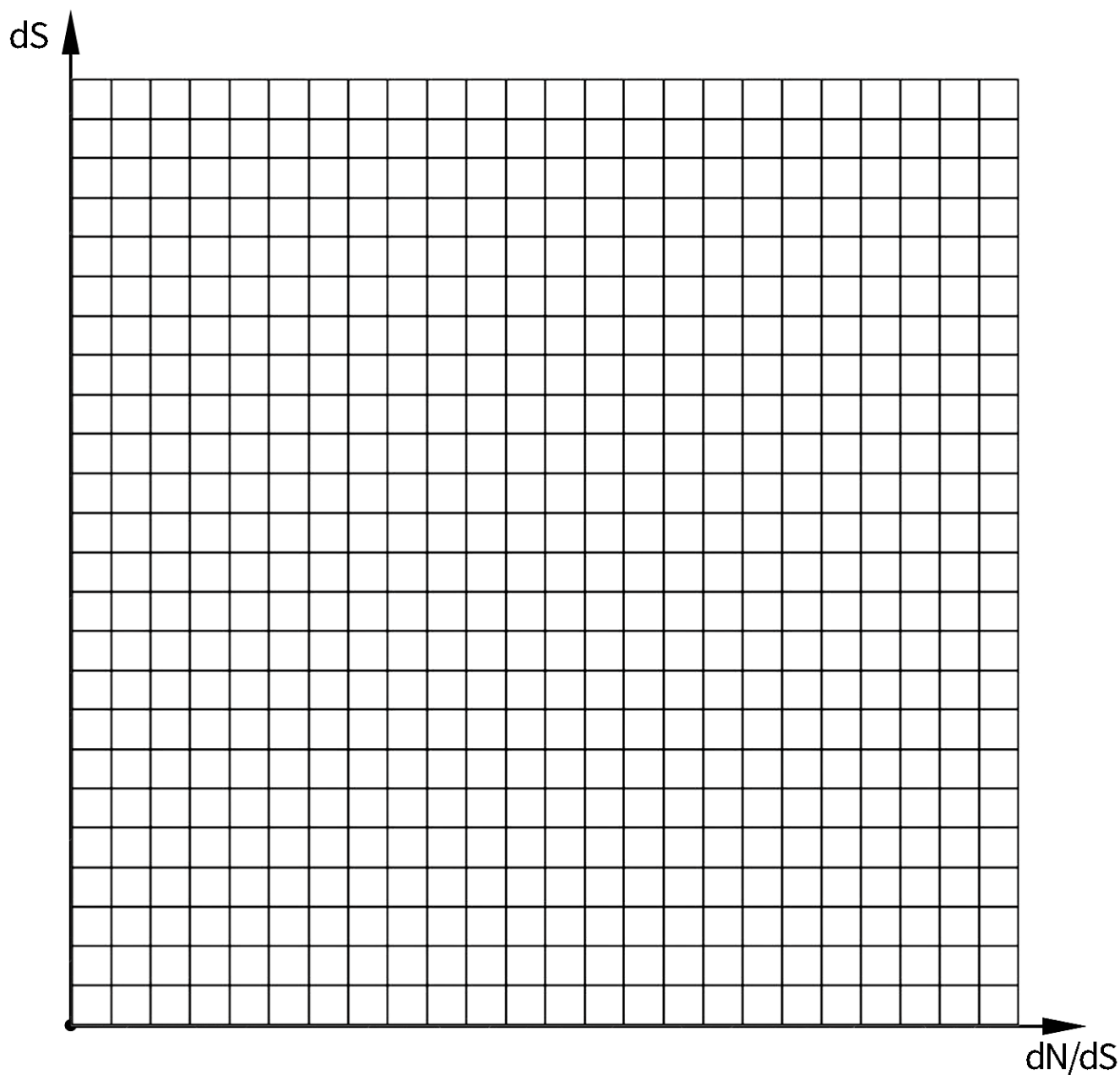
		ВТОРАЯ БУКВА					
		U	C	A	G		
ПЕРВАЯ БУКВА	U	UUU } Фенил-аланин F UUC } UUA } Лейцин L UUG }	UCU } UCC } Серин S UCA } UCG }	UAU } Тирозин Y UAC } UAA } Стоп-кодон UAG } Стоп-кодон	UGU } Цистеин C UGC } UGA } Стоп-кодон UGG } Триптофан W	U C A G	
	C	CUU } CUC } Лейцин L CUA } CUG }	CCU } CCC } Пролин P CCA } CCG }	CAU } Гистидин H CAC } CAA } Глутамин Q CAG }	CGU } CGC } CGA } CGG } Аргинин R	U C A G	
	A	AUU } AUC } Изолейцин I AUA } AUG } Метионин M старт-кодон	ACU } ACC } Треонин T ACA } ACG }	AAU } AAC } Аспарагин N AAA } AAG } Лизин K	AGU } Серин S AGC } AGA } AGG } Аргинин R	U C A G	
	G	GUU } GUC } Валин V GUA } GUG }	GCU } GCC } Аланин A GCA } GCG }	GAU } Аспарагиновая кислота D GAC } GAA } Глутаминовая кислота E GAG }	GGU } GGC } GGA } GGG } Глицин G	U C A G	

Стандартный генетический код

2.1. Заполните таблицу (4 балла)

Название последовательности	Ортолог/паралог	dS	dN	dN/dS
1				
2				
3				
4				
5				
6				
7				
8				

2.2. Схематично изобразите на графике полученные для паралогов результаты (ценой деления для больших значений, если таковые имеются, можно пренебречь) (2 балла)



2.3. Какой(-ие) паралог(-и) образовался(-ись) до дивергенции? (1 балл)

2.4. Какой ортолог образовался раньше остальных? (1 балл)

2.5. Какой ортолог образовался позже остальных? (1 балл)

2.6. Какой из паралоогов характеризуется как молодой (с эволюционной точки зрения), находящийся под минимальным действием отбора? (1 балл)

2.7. Какой из паралоогов характеризуется как молодой (с эволюционной точки зрения), находящийся под активным действием отбора? (1 балл)

2.8. Какой из паралоогов характеризуется как старый (с эволюционной точки зрения), находящийся под минимальным действием отбора? (1 балл)

2.9. Какой ортолог находится под активным действием отбора? (1 балл)
