

Место для баллов:

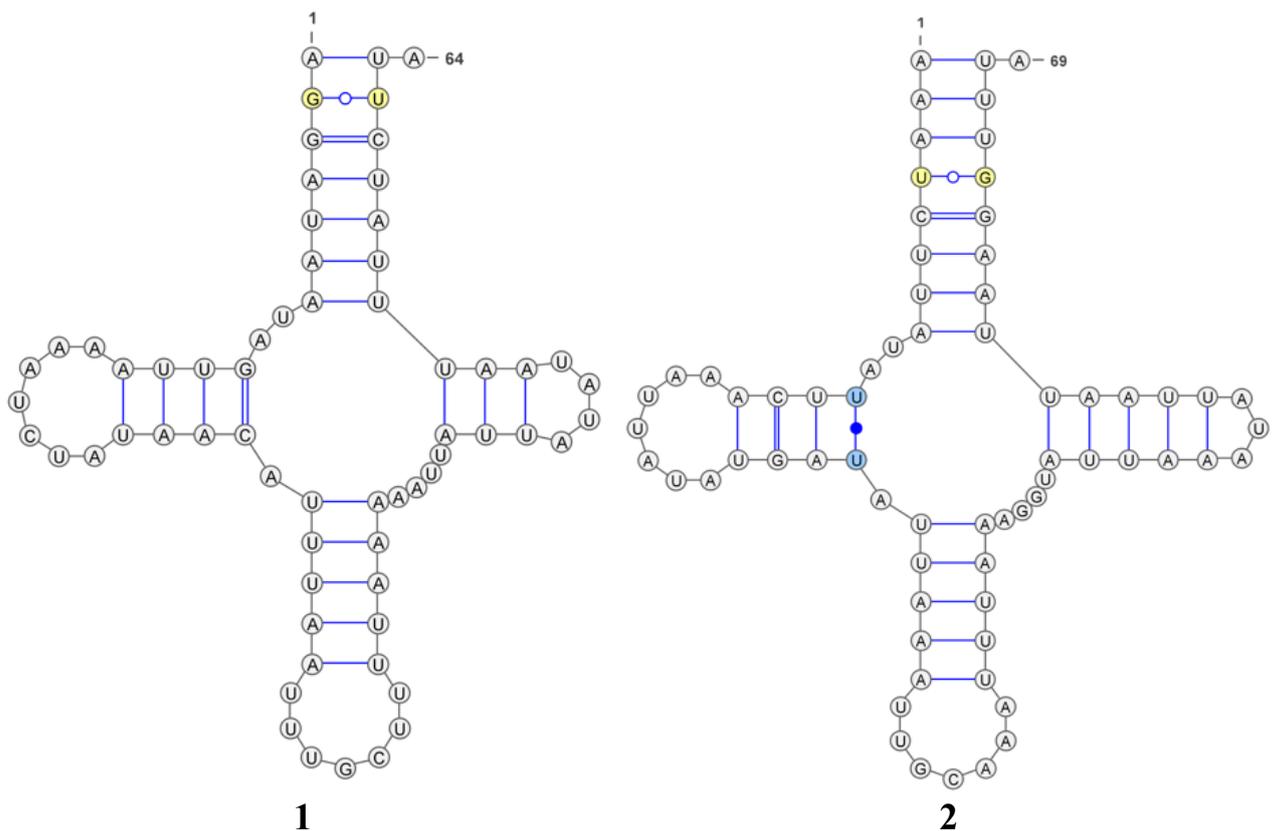
Код:

**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	Третья буква
	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)

По 1 баллу за каждую правильную строку

- 1) Аланин / Ala
- 2) Цистеин / Cys
- 3) Лизин / Lys
- 4) Аспарагин / Asn
- 5) Триптофан / Trp
- 6) Серин / Ser

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

- Неоднозначные пары оснований
- Неканоническое спаривание оснований
- Неканонические пары оснований

1.3. Из представленных шести тРНК у aberrантной тРНК под номером 5 (1 балл) отсутствует дигидроуридиновая петля (1 балл). Из-за отсутствия данной структурной части тРНК не сможет связаться с аминоацил-тРНК-синтетазой / быть узнанной соответствующей ей аминокислотой из-за неспособности связаться с ферментом – аминоацил-тРНК-синтетазой (2 балла).

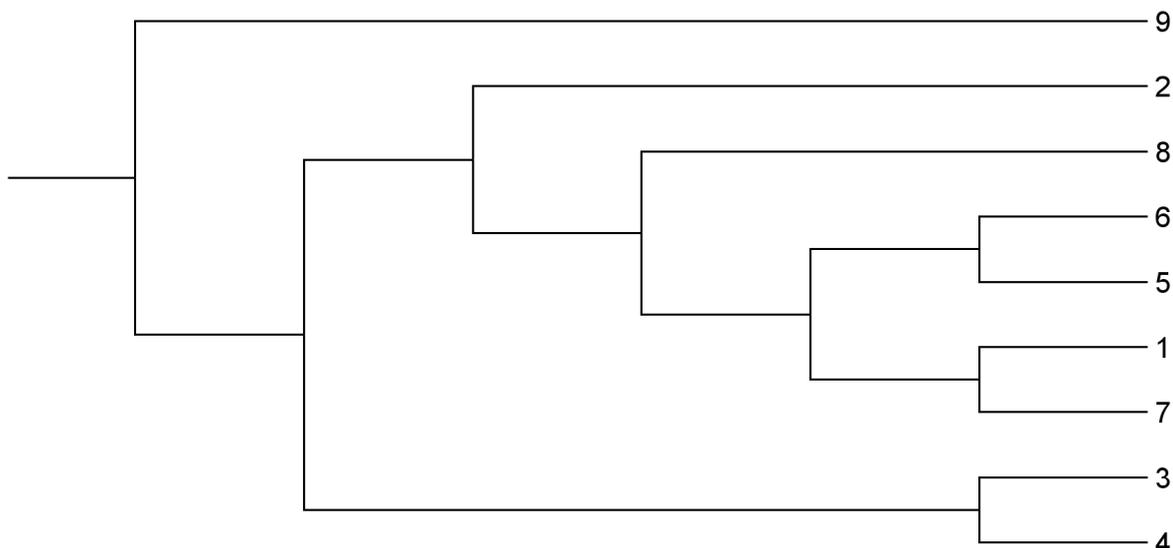
**1.4. Классифицируйте на основе полярности радикалов аминокислоты, кодируемые этими тРНК (6 баллов)**

- 1) Неполярные R-группы
- 2) Полярные, незаряженные R-группы
- 3) Положительно заряженные R-группы
- 4) Полярные, незаряженные R-группы
- 5) Ароматические R-группы
- 6) Полярные, незаряженные R-группы

**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 ATGATAGTATATAAATCTGGAGCTCTAGCGCCGTAG
7 ATGATAGTATATAACCTGATCGGAGCTCTAGCGTCGTAG
3 ATGATTATCTATAAATATGGTCCGAACTATATCGTCGTAA
2 ATGATCGTCATCAACCTCATGAGAGCTGTACAGTCGTAA
2 ATGATCGTCATCAACCTCATGAGAGCTGTACAGTCGTAA
4 ATGATAGTCTACAATCTGATCCGAGCTCTAACGTCGTAA
2 ATGATCGTCATCAACCTCATGAGAGCTGTACAGTCGTAA
8 ATGATCGTCTATAACCTAATCGGATCTCTAACGACGTAA
2 ATGATCGTCATCAACCTCATGAGAGCTGTACAGTCGTAA
9 ATGATCGTCTACAATCTGATCGGAGCTCTAACGTCGTAA
3 ATGATTATCTATAAATATGGTCCGAACTATATCGTCGTAA
4 ATGATAGTCTACAATCTGATCCGAGCTCTAACGTCGTAA
4 ATGATAGTCTACAATCTGATCCGAGCTCTAACGTCGTAA
9 ATGATCGTCTACAATCTGATCGGAGCTCTAACGTCGTAA
5 ATGATTGTCTATAAATCTCATCAGAACTCTAACGTCCTAA
6 ATGATTGTATATGATCTCATAGAACCCTGACATCCTAA
5 ATGATTGTCTATAAATCTCATCAGAACTCTAACGTCCTAA
9 ATGATCGTCTACAATCTGATCGGAGCTCTAACGTCGTAA
6 ATGATTGTATATGATCTCATAGAACCCTGACATCCTAA
2 ATGATCGTCATCAACCTCATGAGAGCTGTACAGTCGTAA
7 ATGATAGTATATAACCTGATCGGAGCTCTAGCGTCGTAG
9 ATGATCGTCTACAATCTGATCGGAGCTCTAACGTCGTAA
8 ATGATCGTCTATAACCTAATCGGATCTCTAACGACGTAA
6 ATGATTGTATATGATCTCATAGAACCCTGACATCCTAA
8 ATGATCGTCTATAACCTAATCGGATCTCTAACGACGTAA
9 ATGATCGTCTACAATCTGATCGGAGCTCTAACGTCGTAA
```

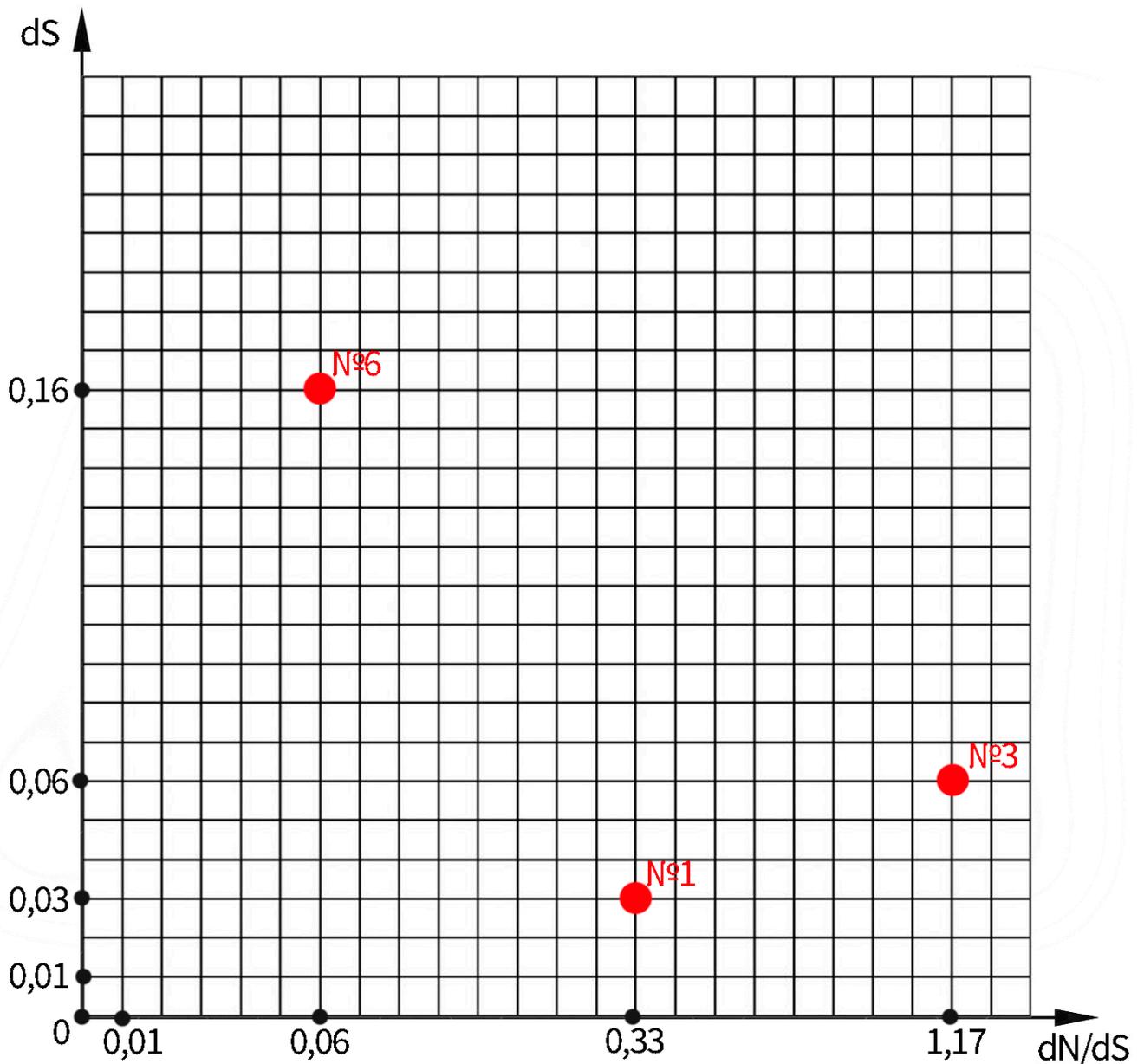
		ВТОРАЯ БУКВА					
		U	C	A	G		
ПЕРВАЯ БУКВА	U	UUU } Фенил-аланин F UUC } UUA } Лейцин L UUG }	UCU } UCC } Серин S UCA } UCG }	UAU } Тирозин Y UAC } UAA } Стоп-кодон UAG } Стоп-кодон	UGU } Цистеин C UGC } UGA } Стоп-кодон UGG } Триптофан W	U C A G	
	C	CUU } CUC } Лейцин L CUA } CUG }	CCU } CCC } Пролин 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	паралог (для 7 последовательности)	0,03	0,01	0,33
2	ортолог	0,06	0,08	1,26
3	паралог (для 4 последовательности)	0,06	0,07	1,17
4	ортолог	0,03	0,01	0,36
5	ортолог	0,13	0,02	0,18
6	паралог (для 5 последовательности)	0,16	0,01	0,06
7	ортолог	0,16	0,01	0,07
8	ортолог	0,10	0,02	0,24

**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)**  
паралоги / последовательности 3 и 6

**2.4. Какой ортолог образовался раньше остальных? (1 балл)**  
ортолог / последовательность 7

**2.5. Какой ортолог образовался позже остальных? (1 балл)**  
ортолог / последовательность 4

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

---

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

---

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

---

**2.9. Какой ортолог находится под активным действием отбора? (1 балл)**  
*ортолог / последовательность 2*

---