

Vira - Viruses - Viren

Ähnlichkeiten von Genomen
nach dem Quadrupelverfahren

Uwe Kraeft

**ATTAAAGGTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACC
AACCAACTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTA
AACGAACTTTAAAATCTGTGTGGCTGTCACTCGG
CTGCATGCTTAGTGCACTCACGCAGTATAATTAA
TAACTAATTACTGTCGTTGACAGGACACGAGTAA
CTCGTCTATCTTCTGCAGGCTGCTTACGGTTTCG
TCCGTGTTGCAGCCGATCATCAGCACATCTAGG
TTTCGTCCGGGTGTGACCGAAAGGTAAGATGGA
GAGCCTTGTCCCTGGTTTCAACGAGAAAACACA
CGTCCAACTCAGTTTGCCTGTTTTACAGGTTTCGC
GACGTGCTCGTACGTGGCTTTGGAGACTCCGTG
GAGGAGGTCTTATCAGAGGCACGTCAACATCTT
AAAGATGGCACTTGTGGCTTAGTAGAAGTTGAA**

Vira - Viruses - Viren

**Ähnlichkeiten von Genomen nach dem
Quadrupelverfahren**

Uwe Kraeft

2020

Titelseite:

Wuhan seafood market pneumonia virus isolate Wuhan-Hu-1, complete genome
LOCUS NC_045512 29903 bp ss-RNA linear VRL 28-JAN-2020
die ersten Basen als DNA codiert, nach NCBI

=Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate Wuhan-Hu-1, complete
genome
LOCUS NC_045512 29903 bp ss-RNA linear VRL 13-MAR-2020

=SARS-CoV-2

Berichte aus der Medizinischen Informatik und Bioinformatik

Uwe Kraeft

Vira – Viruses – Viren

Ähnlichkeiten von Genomen nach dem Quadrupelverfahren

Shaker Verlag
Düren 2020

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

Copyright Shaker Verlag 2020

Alle Rechte, auch das des auszugsweisen Nachdruckes, der auszugsweisen oder vollständigen Wiedergabe, der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen und der Übersetzung, vorbehalten.

Printed in Germany.

ISBN 978-3-8440-7345-4

ISSN 1432-4385

Shaker Verlag GmbH • Am Langen Graben 15a • 52353 Düren

Telefon: 02421 / 99 0 11 - 0 • Telefax: 02421 / 99 0 11 - 9

Internet: www.shaker.de • E-Mail: info@shaker.de

Vorwort

Dieses Buch ist eine Ergänzung der

„Animalia - Animals - Tiere“ sowie „Plantae – Plants – Pflanzen“,
„Ähnlichkeiten von mitochondrialen Genomen nach dem Quadrupelverfahren“

[K1] und [KI] (siehe Seite 144).

Etwa 350 vollständige Genome von Viren aus den Datenbanken des National Center for Biotechnology Information NCBI, allen voran das Wuhan seafood market pneumonia virus isolate Wuhan-Hu-1 (SARS-CoV-2) und dessen vermutete „Verwandte“, zum Beispiel bei Katzen und Fledertieren, werden mit der Quadrupelmethode und verschiedenen Auswertungsverfahren untersucht. Dafür wurden unterschiedliche Formen der bekanntesten Viren mehr oder weniger willkürlich ausgewählt.

Die Genome folgender Viren werden nach einer Einführung in jeweils einem Kapitel behandelt:

Coronaviridae; Picornaviridae; Orthomyxoviridae; Parvoviridae und Papillomaviridae; Adenoviridae; Herpesviridae; Poxviridae; Hepadnaviridae, Flaviviridae und Picornaviridae; Caliciviridae; Reoviridae; Togaviridae; Flaviviridae; „Myxoviren“; Rhabdoviridae; Bunyavirales; Retroviridae; u. a..

Es folgen eine kurze Zusammenfassung der Ergebnisse, ein Vergleich von ACE2 und Coronaviren sowie eine Literaturliste.

Vorausgesetzt werden grundlegende Kenntnisse der n-Tupelmethode [KB4] (siehe Seite 144).

Die Ergebnisse werden weitestgehend in leicht verständlichen Tabellen dargestellt, deren verbale Fassung wenig Gewinn bringen und den Text nur unnötig aufblähen würde.

Aussagen über Ähnlichkeiten beziehen sich ausschließlich auf den hier durchgeführten Vergleich mit dem Quadrupelverfahren.

Das Buch stellt die Meinung des Autors nach dessen Kenntnissen dar. Der Inhalt wurde sorgfältig auf Fehler geprüft, die aber nicht gänzlich ausgeschlossen werden können. Eine Gewährleistung oder Garantie für die Richtigkeit des Textes kann nicht übernommen werden. Ich bin für entsprechende Hinweise oder Verbesserungsvorschläge dankbar.

Leimen, 14. März 2020

Uwe Kraeft

Preface

This book is a supplement of the

„Animalia - Animals - Tiere“ and „Plantae – Plants – Pflanzen“,
 „Ähnlichkeiten von mitochondrialen Genomen nach dem Quadrupelverfahren“

[K1] and [KI] (see page 144).

About 350 complete genomes of viruses from the data banks of the National Center for Biotechnology Information NCBI, especially the Wuhan seafood market pneumonia virus isolate Wuhan-Hu-1 (SARS-CoV-2) and its suspected „relatives“, for example at cats and bats, are investigated by the Quadruple Method and different analyse procedures. For this purpose, different species from the best known viruses were chosen more or less arbitrarily.

The genomes of the following viruses are tested in one chapter each after an introduction:

Coronaviridae; Picornaviridae; Orthomyxoviridae; Parvoviridae and Papillomaviridae; Adenoviridae; Herpesviridae; Poxviridae; Hepadnaviridae, Flaviviridae, and Picornaviridae; Caliciviridae; Reoviridae; Togaviridae; Flaviviridae; „Myxoviruses“; Rhabdoviridae; Bunyavirales; Retroviridae; a. o..

A short summary of the results is following and a comparison of ACE2 and coronaviruses such as a choice of literature.

Basic knowledge of the n-Tuple Method is required [KB4] (see page 144).

The results are shown for the most part in easily understandable tables, which description in words wouldn't give much profit and would unnecessarily blow up the text.

Statements about similarities refer exclusively to the here given comparison by the Quadruple Procedure.

The book represents the author's opinion and knowledge. The content is carefully checked for errors, which cannot be excluded. A guarantee or warranty for the text's correctness cannot be given. I would appreciate discussions, remarks, and hints if there are mistakes.

Leimen, March 14, 2020

Uwe Kraeft

Inhalt	Seite
1. Allgemeines über Viren - - - - -	1
2. Die Genome der Coronaviren (Coronaviridae) - - -	5
3. Die Genome der Picornaviren (Picornaviridae) - - -	47
4. Die Genome der Influenzaviren (Orthomyxoviridae) - -	53
5. Die Genome der Parvoviren und Papillomaviren (Parvoviridae und Papillomaviridae) - - - - -	59
6. Die Genome der Adenoviren (Adenoviridae) - - -	65
7. Die Genome der Herpesviren (Herpesviridae) - - -	71
8. Die Genome der Pockenviren (Poxviridae) - - -	77
9. Die Genome der Hepatitisviren (B: Hepadnaviridae, C: Flaviviridae, A: Picornaviridae u. a.)	83
10. Die Genome der Caliciviren (Caliciviridae) - - -	89
11. Die Genome der Rotaviren (Reoviridae) - - -	95
12. Die Genome der Togaviren (Togaviridae) - - -	101
13. Die Genome der Flaviviren (Flaviviridae) - - -	107
14. Die Genome der „Myxoviren“ u. a. - - - - -	113
15. Die Genome der Rhabdoviren (Rhabdoviridae) - - -	119
16. Die Genome der Bunyaviren u. a. (Bunyavirales) - - -	125
17. Die Genome der Retroviren (Retroviridae) - - -	131
18. Ergebnisse, ACE2 und Coronaviren sowie Patentanmeldungen zu den Coronaviren - - - - -	137
19. Literatúrauswahl - - - - -	143