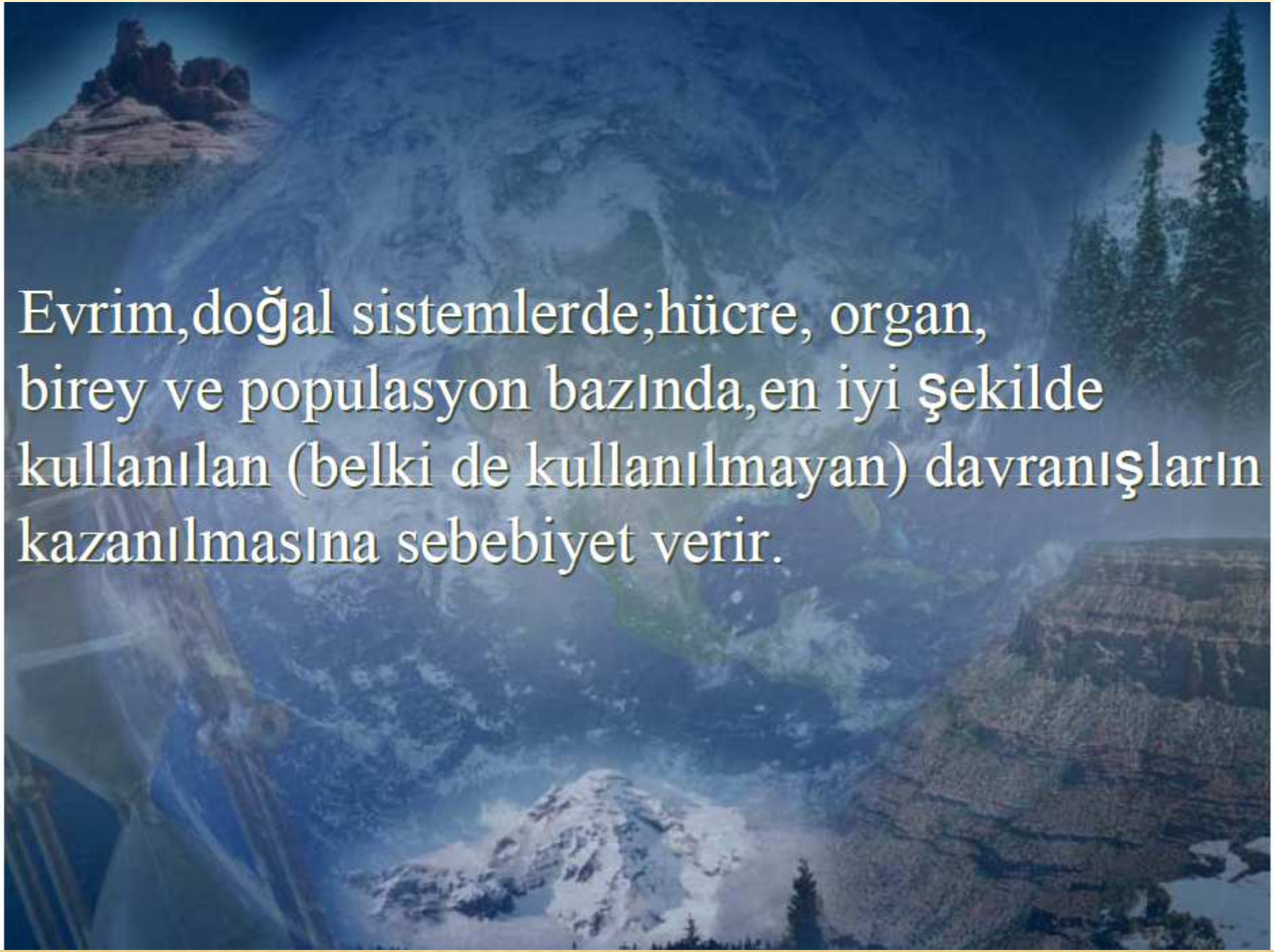

GENOM EVRİMİ
&
BİYOİNFORMATİK

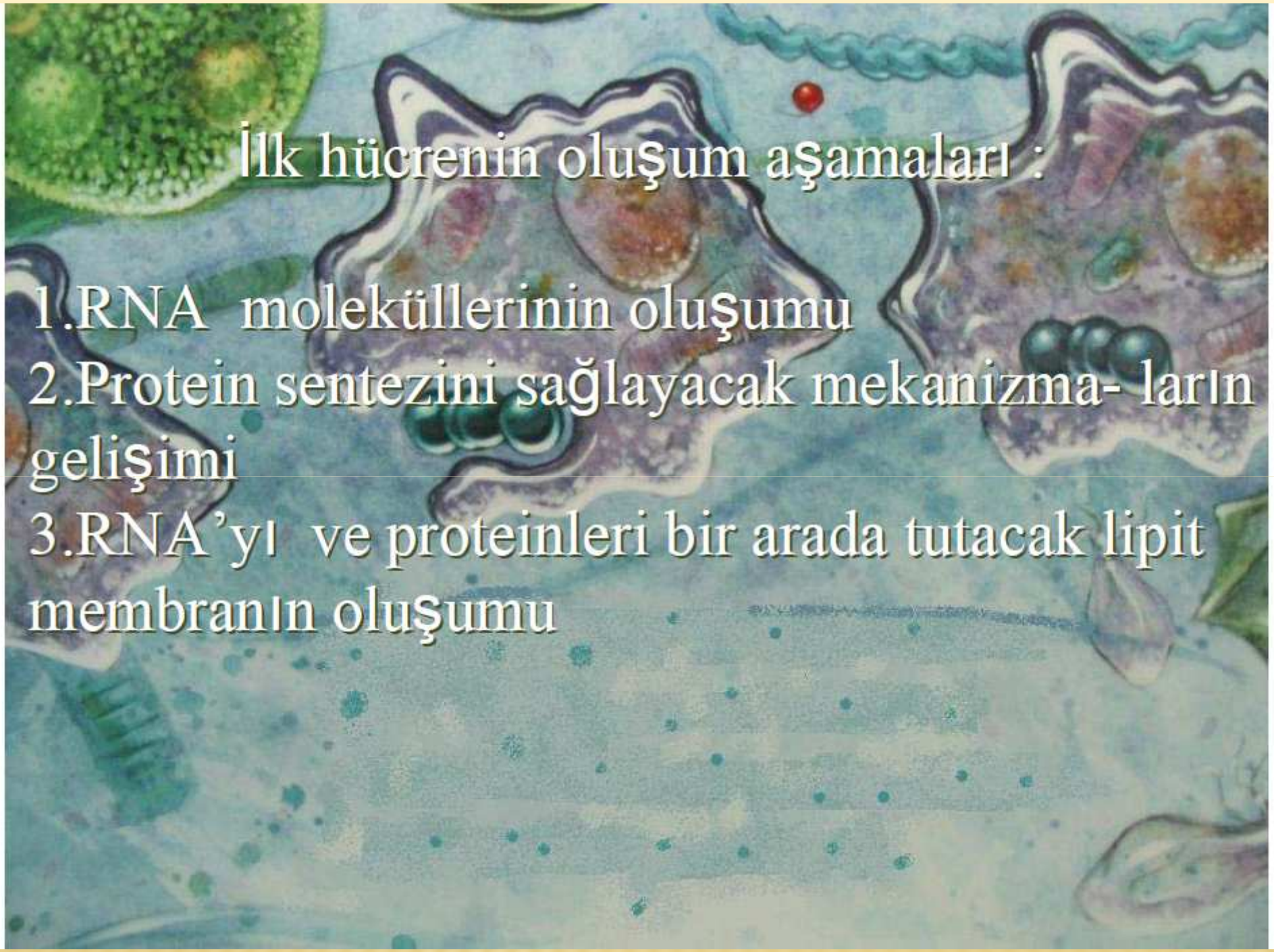
İÇERİK:

- GENOM EVRİMİ
- YARARLANABİLECEĞİMİZ VERİTABANLARI


Genom, evrim gücüyle devamlı
modifikasyona maruz kalan,
dinamik bir yapıdır.


Evrim,doğal sistemlerde;hücre, organ,
birey ve populasyon bazında,en iyi şekilde
kullanılan (belki de kullanılmayan) davranışların
kazanılmasına sebebiyet verir.


Hücreler
Farklılaşma
İş bölümü
Organizma


İlk hücrenin oluşum aşamaları :
1.RNA moleküllerinin oluşumu
2.Protein sentezini sağlayacak mekanizma- ların gelişimi
3.RNA'yı ve proteinleri bir arada tutacak lipit membranın oluşumu

Evrimin izlediği iki önemli yol vardır :

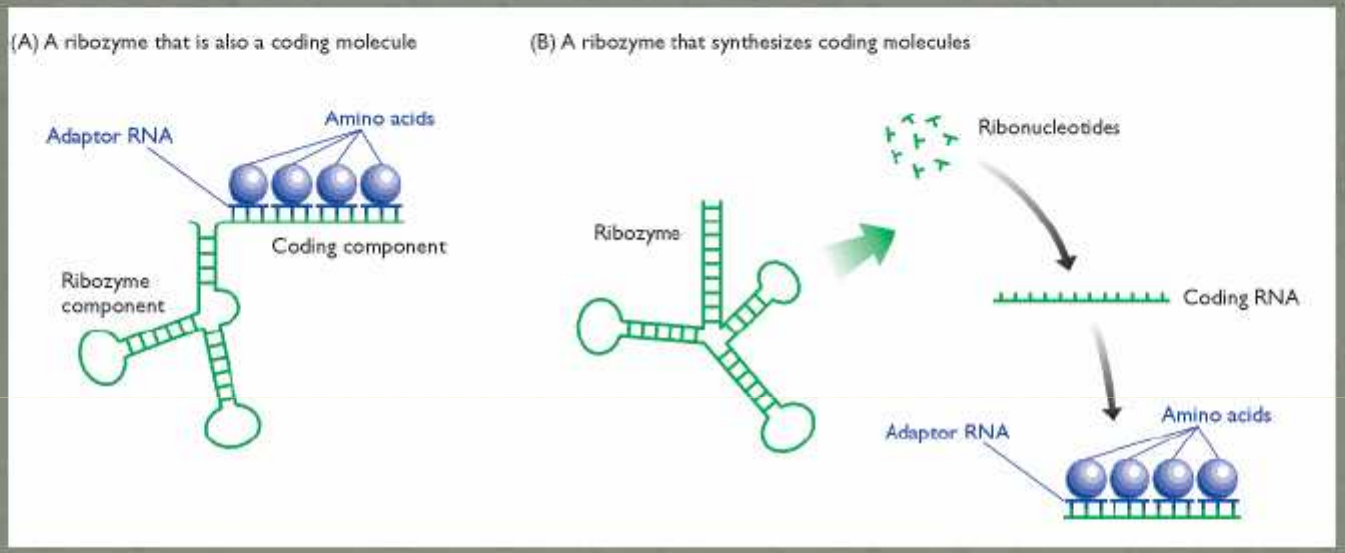
1.Genetik bilgide rastgele varyasyonlar meydana gelmesi



2. Doğal seleksiyon



RNA'dan DNA Nasıl Meydana Gelmiştir?



RNA 'nın evrimine ilişkin iki model

A)Ribozim katalitik ve kodlama olarak iki fonksiyonu yerine getirecek şekilde gelişmiştir.

B)Ribozim kodlama yapan molekülü sentezlemiştir.

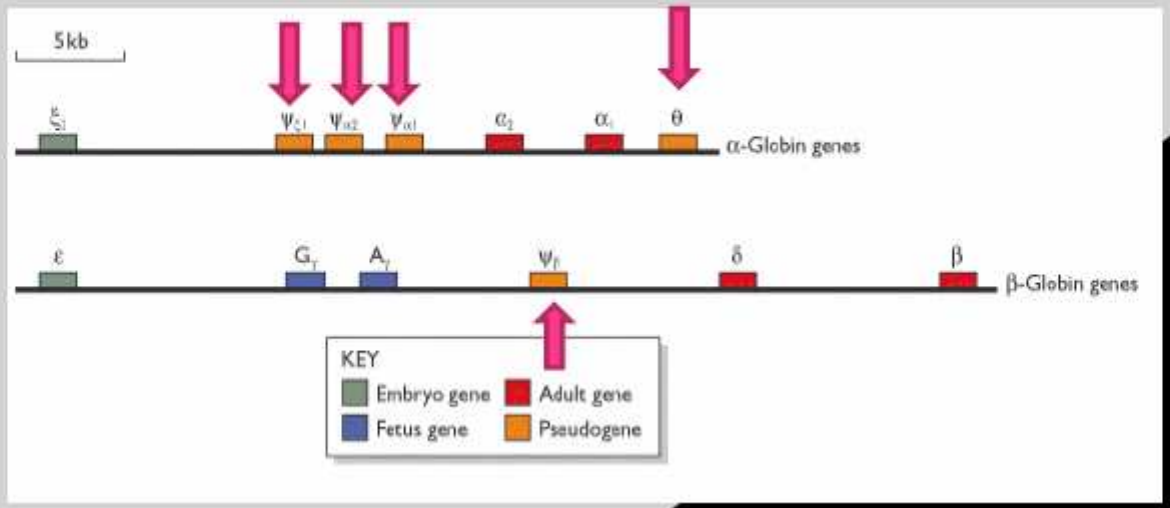
Yeni Genlerin Kazanılması

Yeni genlerin genoma kazandırılmasında iki yol vardır;

✓Genomdaki bazı genlerin ya da bütün genlerin duplikasyonu

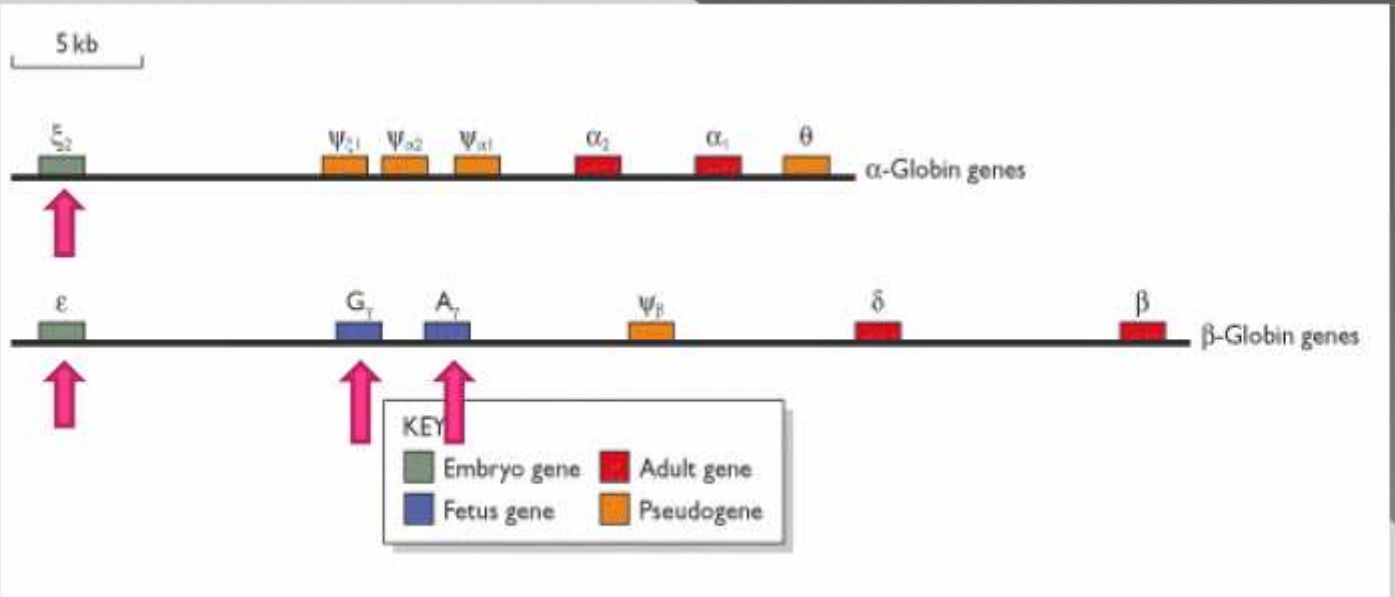
✓Diğer türlerden genlerin kazanılması

1.DUPLİKASYONLAR

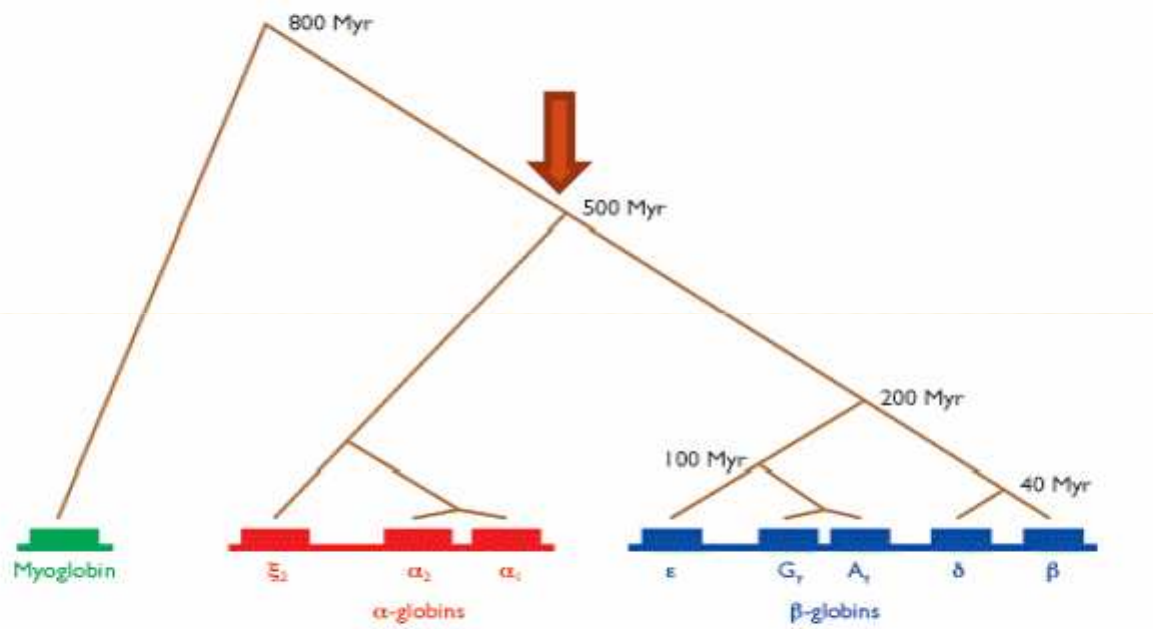


- Duplikasyonla kazanılan genler,zararlı mutasyonların onları inaktive etmesiyle **pseudogen** haline gelmişlerdir.
- **α- ve β-globin** gen ailesindeki pseudogenlerin dizisi analiz edildiğinde,inaktive edici mutasyonlar; kodlama yapan bölgelerde,başlangıç kodonunda ve daha az olmakla birlikte TATA kutusunda **çerçeve değişimi** ve **sessiz mutasyonlar** olmuştur.

- Bazen de meydana gelen mutasyonlar, gende inaktivasyon yerine organizma için yararı olan yeni bir genin meydana gelmesini sağlar.
- Örnek; organizmanın farklı gelişim evrelerinde kullanılan yeni globin proteinlerinin oluşumu.

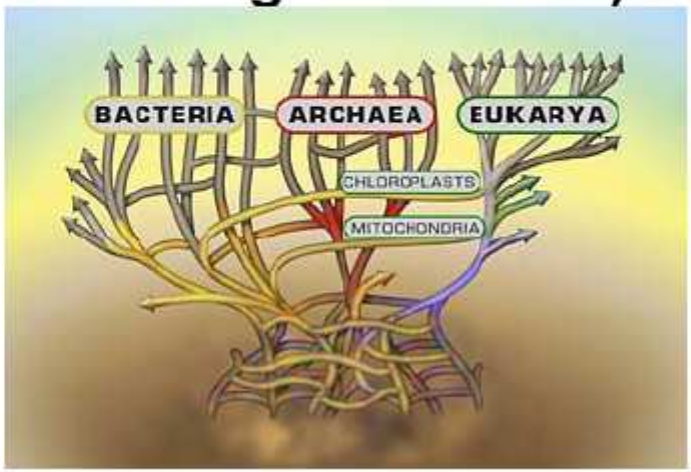


- α- ve β-globinler, 500 milyon yıl önce atasal globin geninden meydana gelmişlerdir.



Globin gen ailesinde evrim süresince meydana gelen gen duplikasyonları

2.Diğer Türlerden Yeni Genlerin Kazanılması (Lateral gentransferi)

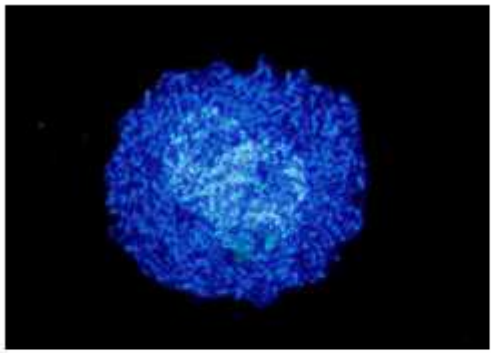


•Bakteriyal ve arkeal genom karşılaştırıldığında lateral gen transferinin, prokaryotik genomun evriminde önemli bir yeri olduğunu göstermiştir.

•Ökaryotlarda bazı genler,bakteri ve arkelerdeki bazı genlerle benzerlik gösterir.Bu lateral gen transferinden ziyade milyonlarca yıldır süren evrim süresince meydana gelen bir korunmuşluktan kaynaklanmıştır.

Genom Küçültülmesi

- Genom büyüklüğü üzerine yapılan analizler,işlevsel nedenliğe bağlı olarak, bazı canlıların genomlarında küçültmeye gittiklerini göstermiştir.



Carsonella ruddii

Genomu en küçük olan organizma olan *C. ruddii* bakteriyal bir simbiyonttur.Pek çok yaşamsal işlev geni bulunmuyor.

Kodlama Yapmayan DNA

- İnsan genomunun sadece %1.5 'i kodlama yaptığına göre, bu durumda genomun evriminde sadece kodlama yapan kısımdan bahsetmek yetersiz kalacaktır.
- Genomun kodlama yapmayan bazı bölgeleri (örn.düzenleyici bölgeler) önemli fonksiyonlara sahiptir.
- Kodlamayan DNA'nın evrimi hakkında söyleyebileceğimiz tek şey bu bölümlerin rastgele değişime uğramasıdır.



İntronların Kökeni

İntronların oluşumunda iki model ileri sürülmüştür;

1. *Erken model* : intronlar çok eskiden beri var ve aşamalı olarak ökaryotik genomdan kaybolmakta)
2. *Geç model* :intronlar sonradan ökaryotik genomda birikmeye başlamıştır

İntronların kökenine yönelik tartışmalar sürmektedir.

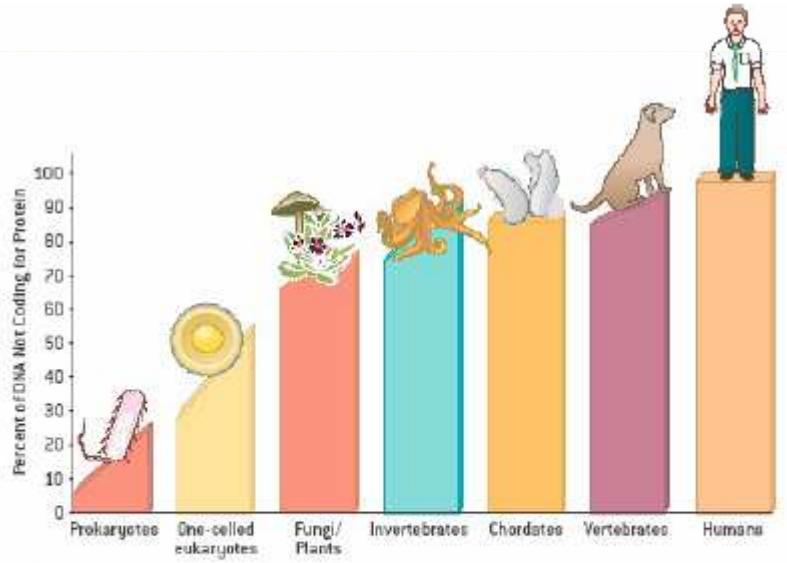


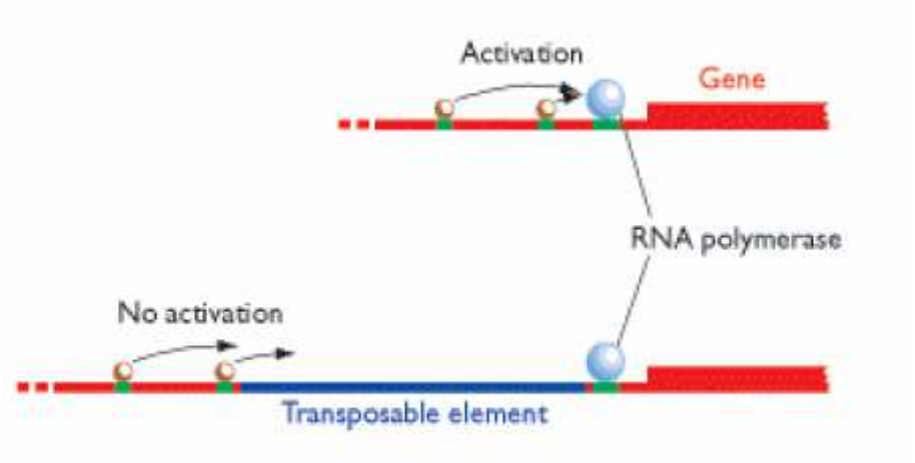
fig.cox.miami.edu/.../gene/noncoding.genes.jpg

Hayvan genomlarında yapılan incelemeler, intronların arttığını göstermiştir.

Transpozabl Elementler

Transpozabl elementlerin genom evrimi üzerine olan en büyük etkisi rekombinasyonu başlatmasıdır.

- Transpozabl element bitişiğindeki DNA parçasının genomda başka yerlere entegre olmasına,
- Gen ekspresyonunun değişmesine neden olabilir ve hatta genin anlatım yapmasını engelleyebilir.



Evrime Gen Freni (Nature,5 Şubat 2007)

İngiltere'nin Bath Üniversitesi araştırmacılarından

Laurence Hurst ve ekibine göre;bazı DNA parçala-

rı,ilgili genleri 'ideal' protein fabrikaları olmaktan

çıkacak ölçüde yavaşlatarak, bu yönde evrimi de-

netim altında tutuyor.



PROTEİNLERİN EVRİMİ

- Protein evrimi;zamanla bir protein dizisinde meydana gelen değişimlerdir.
- Günümüzde;

✓ moleküler klonlama teknikleri,

✓ DNA sekans metotları,

✓ hızlı dizi karşılaştırma algoritması ve bilgisayar çalışmalarının birbirine yardımcı olan gelişmeleri sayesinde proteinlerin yapı ,fonksiyon ve evrimi aydınlatılmaya çalışılmaktadır.

- Protein dizi karşılaştırmaları,homolog proteinlerin tahlili için bilgi vericidir.
- Homolog protein;ortak kuramsal bir atadan evrimleştiği düşünülen,benzer aminoasit dizisi ,benzer fonksiyon ve benzer üç boyutlu şekle sahip olan proteinlerdir.
- Homoloji terimi dizi benzerliği ile sinonim bir kavramdır ama gerçek anlamda homoloji;ortak bir atadan evrimsel ayrımı ifade eder.

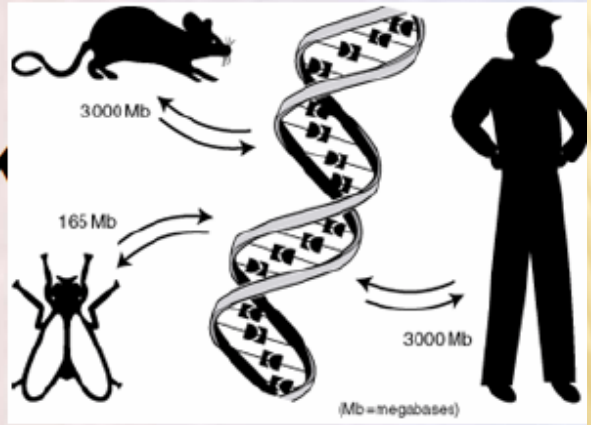
Protein evriminin iki yaygın tipi vardır;

- Divergent Evrim
- Convergent Evrim

Divergent evrimin de iki tipi vardır;

- ***Ortolog evrim***: türlerin ayrımından kaynaklanan evrimdir.Örneğin farklı türlerden elde edilen sitokrom-c bir ortolog proteindir.
- ***Paralog evrim***: bir organizmadaki gen duplikasyonlarından kaynaklanan ayrımı ifade eder.Örneğin farenin β-globin ve insanın α-globinleri parolog ;insan ,fare,tavuk α-globinleri ortologdur.

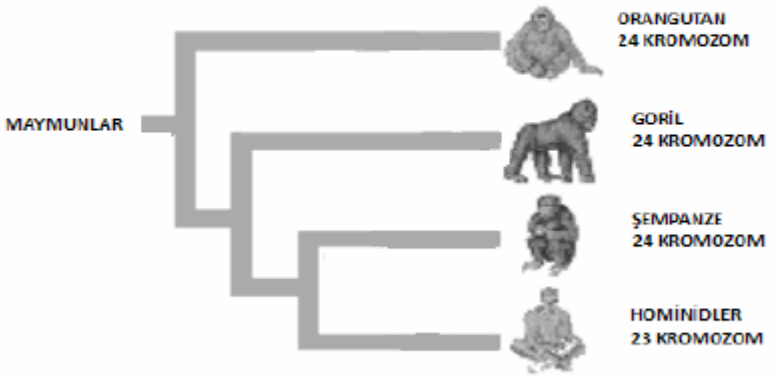
Karşılaştırmalı Genomik



Canlıların DNA dizilerini karşılaştırarak evrimsel ilişkileri anlamamızı sağlar.Bu karşılaştırma sonucunda;

- Bazı genlerin evrim sürecinde oldukça fazla korunduğu,
- Bazı genlerin ise evrim sürecinde birbirinden ayrıldığı,
- Değişik türlerde genom boyutunun ve gen sayısının farklılık gösterdiği görülmüştür.

Genomik Farklılıkların Nedenleri



1. Mutasyon
2. Segmental duplikasyon
3. Parolog ,ortolog evrim
4. Kromozomların yeniden düzenlenmesi
5. Kromozom duplikasyonu-poliploidizasyon
6. Gen inaktivasyonu
7. Pseudogenler
8. Gen transferleri

- Vertikal gen transferi
- Lateral gen transferi

Biyoinformatik Yardımıyla Evrimsel İlişkilerin Belirlenmesi

- **BLAST (B**ASIC **L**OCAL **A**LIGNMENT **S**EARCH **T**OOL**)**

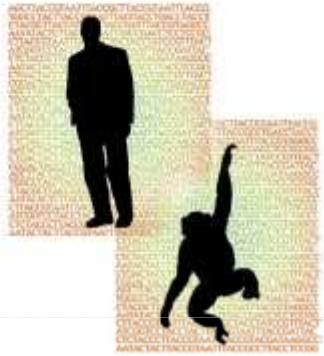


Aynı ya da farklı organizmalar arasında ,nükleotid dizisi ya da
protein dizisi karşılaştırmasını yapan bu bilgisayar programı
sayesinde araştırmacılar; dizilemesi yeni yapılan genin
fonksiyonunu anlamak, hangi gen ailesine ait olduğunu bulmak
ve evrimsel ilişkileri açığa çıkarmak açısından büyük ölçüde
yararlanırlar.

- İki dizi arasında benzerlik olduğuna karar vermek kolay değildir. Örneğin insan ve şempanze genomları arasında %96 benzerlik olduğu gösterildi. Bu gerçekte ne anlama geliyor?
- İki diziyi inceleyelim;

Sequence 1
AGTTCGATAGCTAAGGTCGG

Sequence 2
AGTTCGATAGCTATGGTCGG



Her iki dizi de 20 baz içermektedir ve sadece bir baz açısından farklıdırlar. Yani

20 bazdan 19 'u aynıdır. Bu durumda iki dizi arasındaki benzerliğin %95

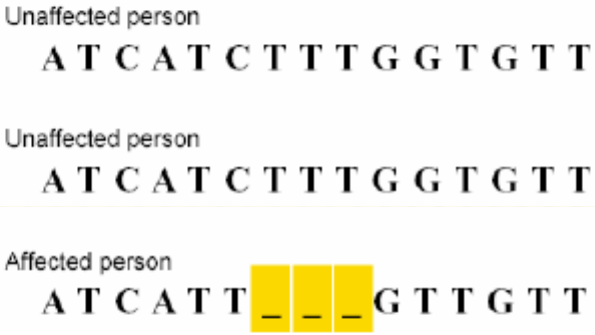
olduğunu söyleriz.

- BLAST programı sorgulamasını yapacağımız bir diziyi, veri tabanında bulunan diğer bütün organizmalara ait dizilerle karşılaştırır ve hangi organizmalarla ne kadar benzerlik olabileceğini gösterir.

Results from BLAST search				
Sequence ID	**Description**	**Query**	**Match**	**E Value**
13669	*Homo sapiens*, ataxia telangiectasia	57		6×10^{-19}
14927	*Homo sapiens*, phosphatidylinositol 3-kinase	57		6×10^{-19}
58392	*Mus musculus*, chromosome 18	57		2×10^{-9}
93756	*Arabidopsis thaliana*, inorganic pyrophosphatase	57		1.9
33142	Drosophila melanogaster	57		1.9
41115	*E. coli*, ColN plasmid gene for colicin N	57		1.9

- **CLUSTAL**

Clustal programı adını Türkçe karşılığı ‘küme’ olan ‘cluster’ dan alır. Bu program, aynı anda birden fazla diziyi karşılaştırmamızı sağlar. Araştırmacılar bu program sayesinde populasyonda genetik varyasyonu incelerler.

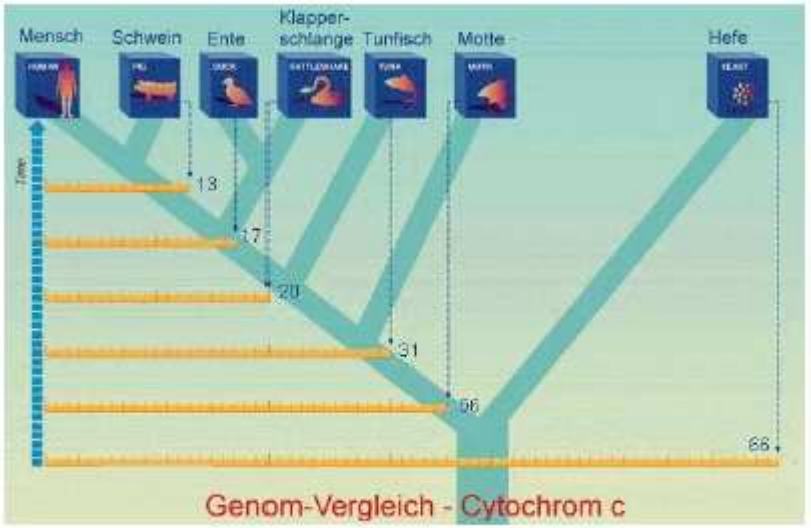


Şekilde gösterilen örnek *cystic fibrosis* ile ilgili bir gen dizisinin, CLUSTAL programından yararlanılarak karşılaştırılmasını göstermektedir.

- Çoklu dizi benzerliklerinin incelenmesi, ayrıca türler arasındaki evrimsel ilişkilerin belirlenmesini sağlamaktadır.
- CLUSTAL programı sayesinde önce benzerlikler en iyi şekilde bulunur, bir başka programla da evrimsel akrabalıklar hesaplanır ve sonunda türler arasında dizi açısından evrimsel ilişkilerin gösterildiği bir ağaç diyagramı çizilir.

CLUSTAL alignment of amino acid sequences of cytochrome c

Human	Gly	Asp	Val	Glu	Lys	Gly	Lys	Lys	Ile	Phe	Ile	Met	Lys	Cys	Ser	Gln	Cys
Pig	Gly	Asp	Val	Glu	Lys	Gly	Lys	Lys	Ile	Phe	Val	Gln	Lys	Cys	Ala	Gln	Cys
Chicken	Gly	Asp	Ile	Glu	Lys	Gly	Lys	Lys	Ile	Phe	Val	Gln	Lys	Cys	Ser	Gln	Cys
Fruit fly	Gly	Asp	Val	Glu	Lys	Gly	Lys	Lys	Leu	__	Val	Gln	Arg	__	Ala	Gln	Cys



KONU İLE İLGİLİ YAYARLANABİLECEĞİMİZ VERİ TABANLARI

- http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=homologene
- http://atgc.org/GenomePixelizer/ScreenShots/ScreenShots.html
-
- http://blocks.fhcrc.org/ 

- http://www.expasy.org/prosite/ 

-
- http://www.ebi.ac.uk/goldman-srv/pandi 

-
- http://pir.georgetown.edu/iproclass/
-
- http://www.pantherdb.org/ 

- http://phigs.jgi-psf.org/
- http://www.genatlas.org/

WEB SİTELERİ

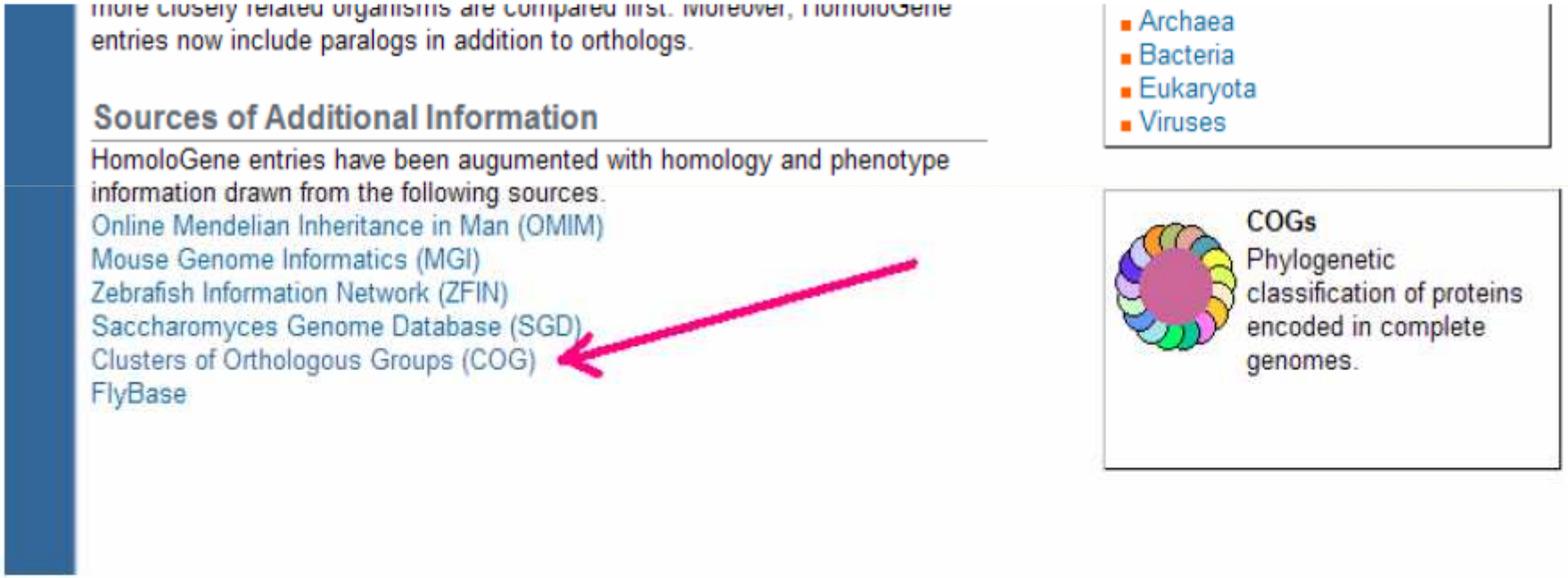
- **Tree of Life** http://phylogeny.arizona.edu/tree/phylogeny.html
- **TreeBASE** http://www.treebase.org
- **Phylogeny Programs** http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html
- **NCBI Taxonomy Database** http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/
- **PhyloBLAST** http://www.pathogenomics.bc.ca/phyloBLAST/
- **WebPHYLIP** http://sdmc.krdl.org.sg:8080/~lxzhang/phylip
- **Codon Usage Database** http://www.kazusa.or.jp/codon/
- **Ribosomal Database Project II** http://rdp.cme.msu.edu/html/

Yazılımlar

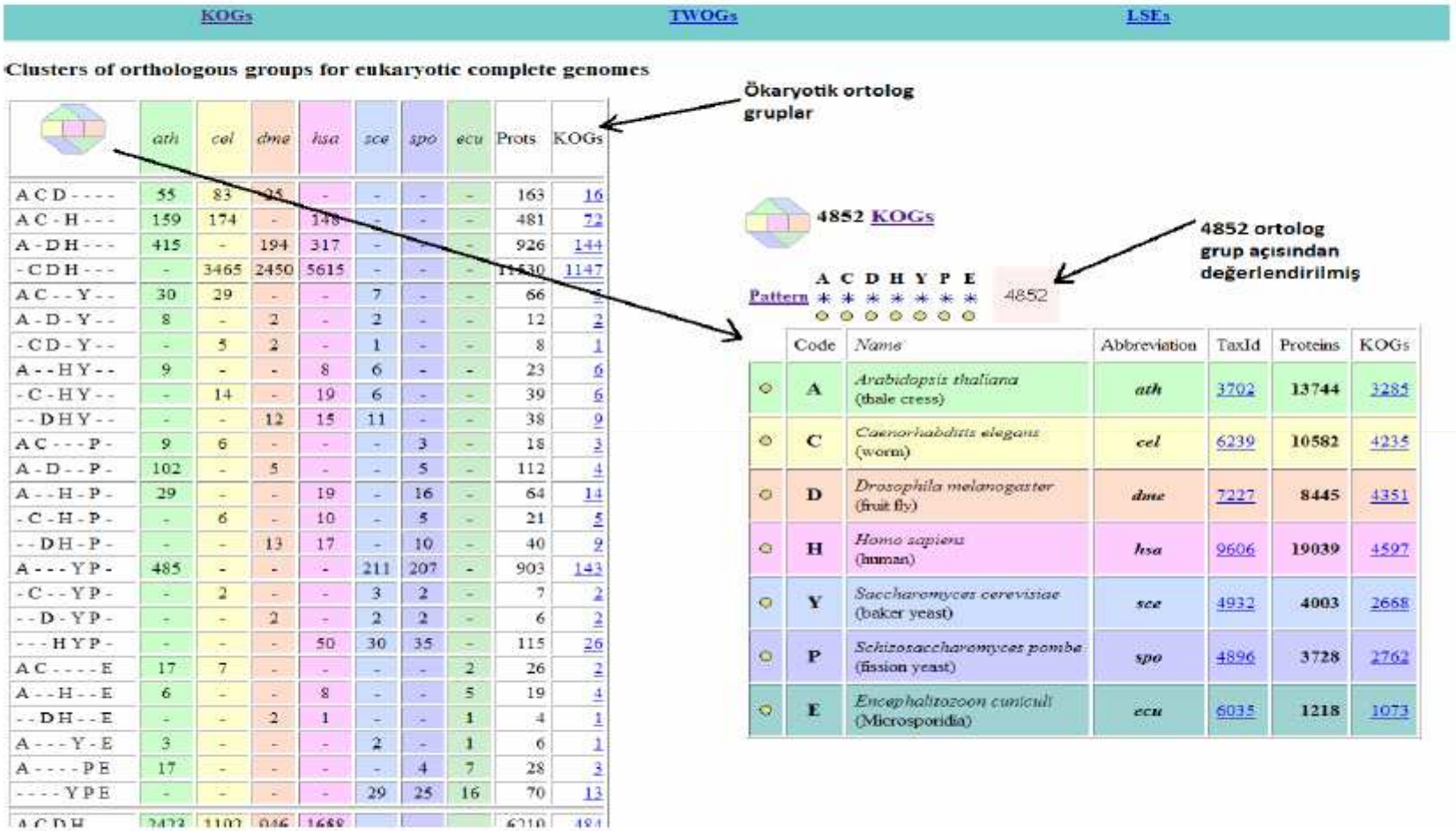
- **PHYLIP**
  http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html
- **Treeview**
  http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/treeview.html
- **Seaview**
  http://pbil.univ-lyon1.fr/software/seaview.html
- **Genedoc**
  http://www.psc.edu/biomed/genedoc/
- **ClustalX**
  http://www-igbmc.u-strasbg.fr/BioInfo/ClustalX/Top.html

Bu veri tabanlarından

‘’ **http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=homologene** ‘’ sayfasının en altında yer alan, **C**lusters of **O**tologous **G**roups (COG) ortolog protein gruplarının bulunduğu kümeler hakkında bilgi alabileceğimiz bir alandır.



- Buradan ökaryotik ortolog protein grubuna girdiğimizde ;



	ath	cel	dme	hsa	sce	spo	ecu	Prots	KOGs
A C D - - - -	55	83	25	-	-	-	-	163	16
A C - H - - -	159	174	-	148	-	-	-	481	72
A - D H - - -	415	-	194	317	-	-	-	926	144
- C D H - - -	-	3465	2450	5615	-	-	-	11630	1147
A C - - Y - -	30	29	-	-	7	-	-	66	5
A - D - Y - -	8	-	2	-	2	-	-	12	2
- C D - Y - -	-	5	2	-	1	-	-	8	1
A - - H Y - -	9	-	-	8	6	-	-	23	6
- C - H Y - -	-	14	-	19	6	-	-	39	6
- - D H Y - -	-	-	12	15	11	-	-	38	9
A C - - - P -	9	6	-	-	-	3	-	18	3
A - D - - P -	102	-	5	-	-	5	-	112	4
A - - H - P -	29	-	-	19	-	16	-	64	14
- C - H - P -	-	6	-	10	-	5	-	21	5
- - D H - P -	-	-	13	17	-	10	-	40	9
A - - - Y P -	485	-	-	-	211	207	-	903	143
- C - - Y P -	-	2	-	-	3	2	-	7	2
- - D - Y P -	-	-	2	-	2	2	-	6	2
- - - H Y P -	-	-	-	50	30	35	-	115	26
A C - - - - E	17	7	-	-	-	-	2	26	2
A - - H - - E	6	-	-	8	-	-	5	19	4
- - D H - - E	-	-	2	1	-	-	1	4	1
A - - - Y - E	3	-	-	-	2	-	1	6	1
A - - - - P E	17	-	-	-	-	4	7	28	3
- - - - Y P E	-	-	-	-	29	25	16	70	13
A C D H	2473	3102	946	1689				6210	484

	Code	Name	Abbreviation	TaxId	Proteins	KOGs
○	A	*Arabidopsis thaliana* (thale cress)	*ath*	3702	13744	3285
○	C	*Caenorhabditis elegans* (worm)	*cel*	6239	10582	4235
○	D	*Drosophila melanogaster* (fruit fly)	*dme*	7227	8445	4351
○	H	*Homo sapiens* (human)	*hsa*	9606	19039	4597
○	Y	*Saccharomyces cerevisiae* (baker yeast)	*sce*	4932	4003	2668
○	P	*Schizosaccharomyces pombe* (fission yeast)	*spo*	4896	3728	2762
○	E	*Encephalitozoon cuniculi* (Microsporidia)	*ecu*	6035	1218	1073

KOG database ;(clusters of eu**K**aryotic **O**rthologous **G**roups)
Bu sayfadan Arabidopsis,Caenorhabditis ve Human (A C-H)‘ nin ortak olarak 72 ortolog gruba sahip olduğunu görüyoruz.

72 KOGs

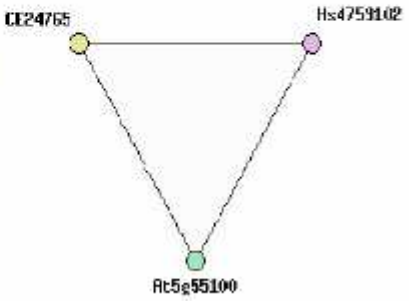
Total 72 ortolog grup var.

Gösterilen herbir harf,ilgili ortolog proteinin fonksiyonunu belirtmektedir.

R: İlgili olduğu düşünülen ,tahmini fonksiyonu
Q:Sekonder metabolit biyosentezi ,transport ve katabolizma
T:Sinyal transdüksiyon mekanizması ile ilgili gibi

A: RNA işlenmesi ve modifikasyonu ile ilgili fonksiyona sahip bu protein incelendiğinde ;

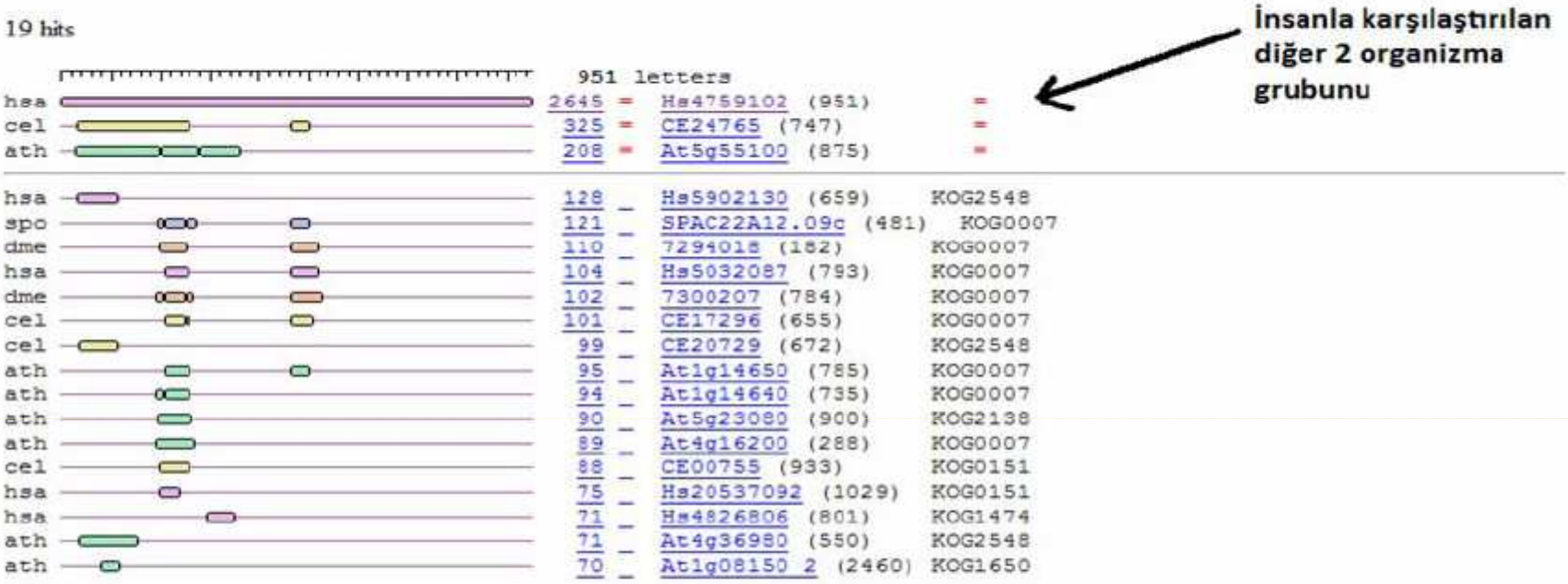
KOGs			TWOGs				LSEs
AC-H---	A	KOG1847	mRNA splicing factor				
	Arabidopsis thaliana	*Caenorhabditis elegans*	*Drosophila melanogaster*	*Homo sapiens*	*Sacchar. cerevisiae*	*Schizosac. pombe*	*Enceph. cuniculi*
	At5g55100	CE24765	-	Hs4759102	-	-	-



AC-H--- 14 [R] KOG0149 Predicted RNA-binding protein SEB4 (RRM superfamily)
AC-H--- 6 [Q] KOG0222 Phenylalanine and histidine ammonia-lyase
AC-H--- 15 [T] KOG0256 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase, and related proteins
AC-H--- 3 [R] KOG0383 ATP-dependent DNA helicase
AC-H--- 4 [O] KOG0428 Non-canonical ubiquitin conjugating enzyme 1
AC-H--- 4 [R] KOG1262 FAD-binding protein DIMINUTO
AC-H--- 28 [T] KOG1327 Copine
AC-H--- 7 [O] KOG1348 Asparaginyl peptidases
AC-H--- 5 [R] KOG1469 Predicted acyl-CoA dehydrogenase
AC-H--- 10 [V] KOG1759 Macrophage migration inhibitory factor
AC-H--- 3 [S] KOG1797 Uncharacterized conserved protein (Neuroblastoma-amplified protein)
AC-H--- 12 [D] KOG1845 MORC family ATPases
AC-H--- 3 [A] KOG1847 mRNA splicing factor
AC-H--- 4 [R] KOG1912 WD40 repeat protein
AC-H--- 4 [S] KOG1949 Uncharacterized conserved protein
AC-H--- 3 [R] KOG2096 WD40 repeat protein
AC-H--- 5 [I] KOG2304 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase
AC-H--- 3 [S] KOG2359 Uncharacterized conserved protein
AC-H--- 3 [S] KOG2374 Uncha
AC-H--- 9 [R] KOG2442 Uncha
AC-H--- 18 [R] KOG2501 Thio
AC-H--- 12 [A] KOG2562 Prot
AC-H--- 5 [K] KOG2578 Tran
AC-H--- 6 [P] KOG2601 Iron
AC-H--- 5 [S] KOG2610 Uncha
AC-H--- 6 [V] KOG2622 Puta
AC-H--- 7 [K] KOG2664 Smal
AC-H--- 7 [O] KOG2679 Purp
AC-H--- 4 [T] KOG2756 Pred
AC-H--- 3 [O] KOG2813 Pred
AC-H--- 5 [R] KOG2935 Atax
AC-H--- 3 [S] KOG2955 Uncha
AC-H--- 7 [R] KOG2956 CLIP
AC-H--- 4 [R] KOG2962 Prohibitin-related membrane protease subunits
AC-H--- 8 [R] KOG2966 Uncharacterized conserved protein
AC-H--- 3 [G] KOG3018 Ma
AC-H--- 5 [R] KOG3021 Pr
AC-H--- 3 [H] KOG3307 Mo
AC-H--- 5 [F] KOG3367 Hy
AC-H--- 10 [S] KOG3371 Un
AC-H--- 3 [K] KOG3390 Ge
AC-H--- 4 [S] KOG3395 Un
AC-H--- 3 [S] KOG3402 Pr
AC-H--- 4 [S] KOG3483 Un
AC-H--- 5 [S] KOG3491 Pr
AC-H--- 21 [V] KOG4160 BP
AC-H--- 40 [O] KOG4185 Pr
AC-H--- 6 [S] KOG4192 Un
AC-H--- 4 [I] KOG4231 In
AC-H--- 3 [R] KOG4245 Predicted
AC-H--- 3 [R] KOG4746 Predicted

- Ayrıca insanda bulunan bu proteinle ilgili olarak;

3 proteins	A	KOG1847	mRNA splicing factor




```
BLASTP 2.2.4 [Aug-26-2002]


Reference: Altschul, Stephen F., Thomas L. Madden, Alejandro A. Schaffer,
Jinghui Zhang, Zheng Zhang, Webb Miller, and David J. Lipman (1997),
"Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search
programs",  Nucleic Acids Res. 25:3389-3402.

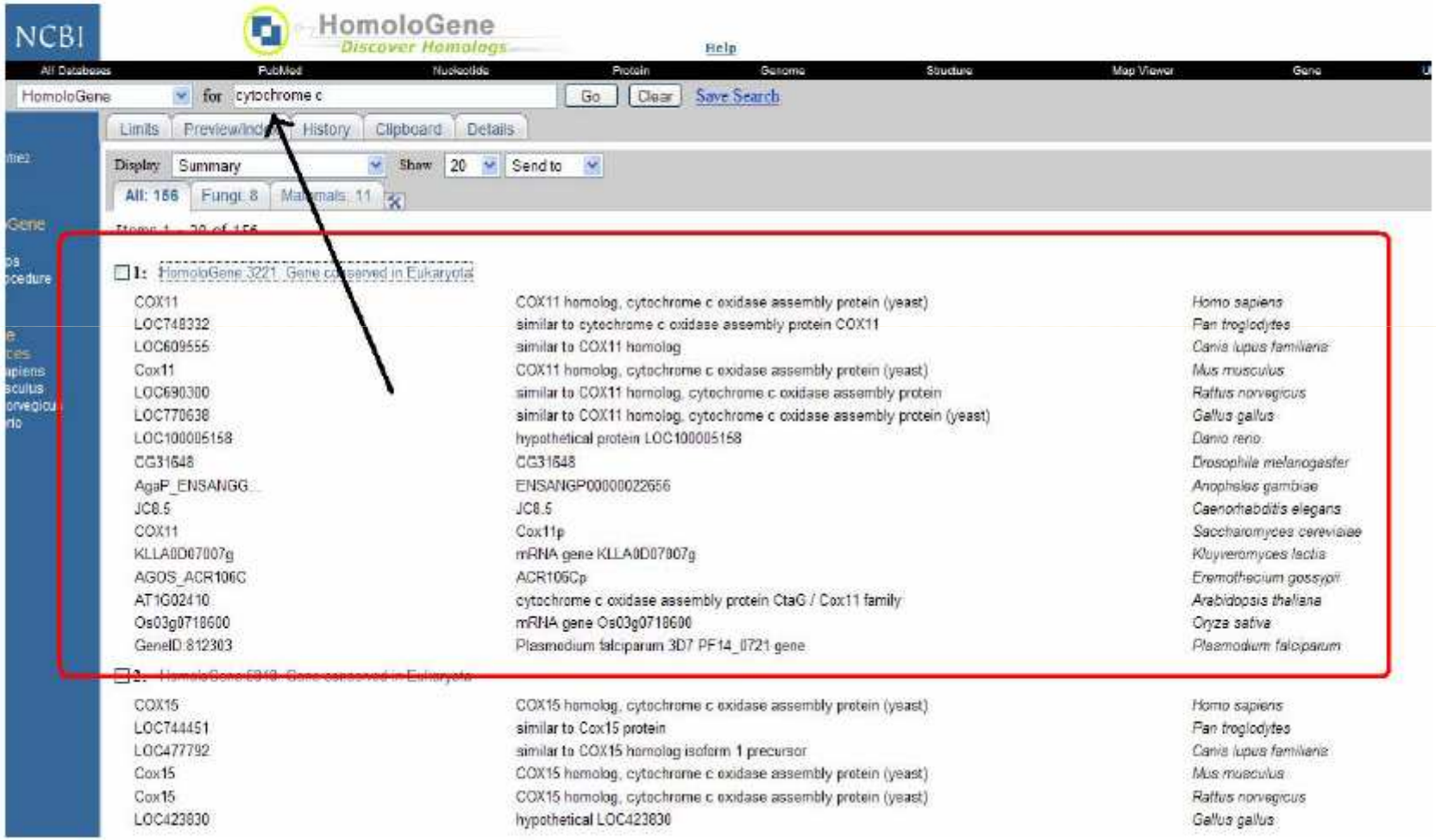
Query= Hs4759102
         (951 letters)

Database: kyvama
           112,920 sequences; 47,500,486 total letters
```

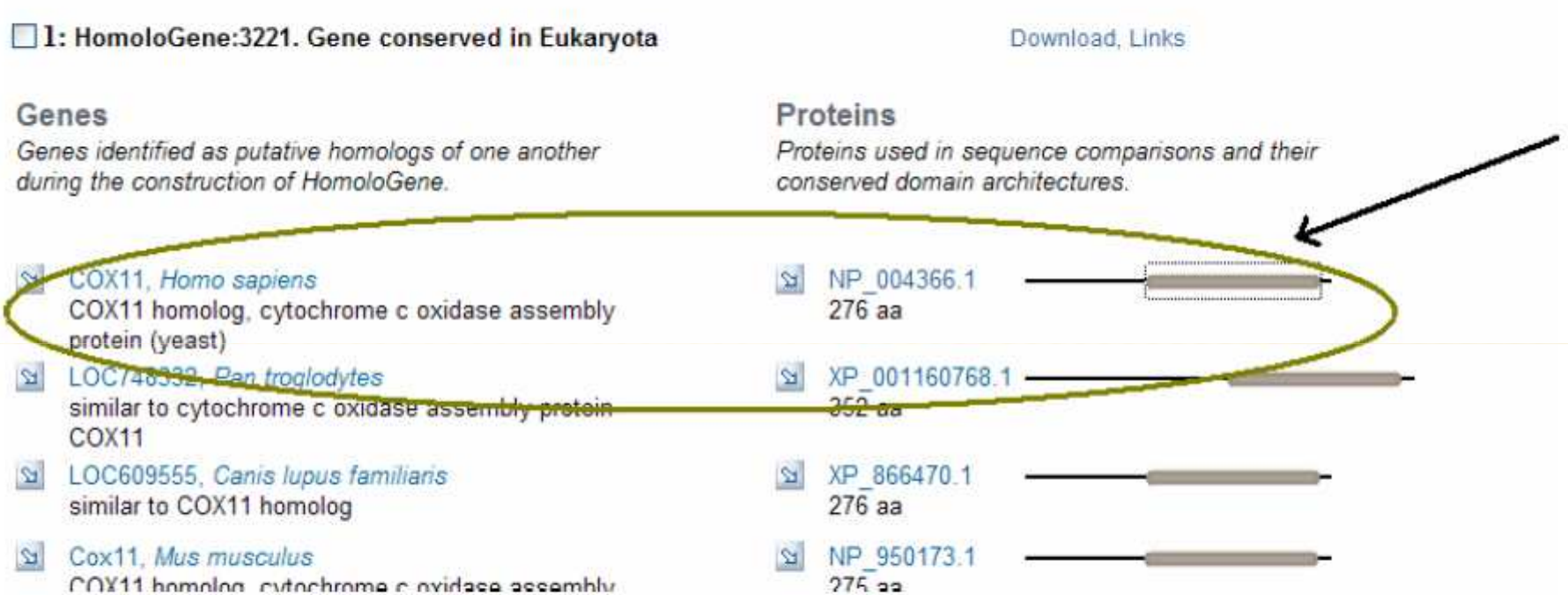
UYGULAMA 1

NCBI‘ da **homologene**‘ den ilgilendiğimiz genin hangi organizmalarda korunmuş olduğunu öğrenebiliyoruz.

Örneğin bu gen ‘**sitokrom c**’ olsun.



- İnsanda bu proteinin hangi bölgeleri korunmuş , inceleyelim.



dimer. Each monomer coordinates one Cu(I) ion via three conserved cysteine residues in Saccharomyces cerevisiae. Met 224 is also thought to play a role in copper transfer or stabilising the copper site.

Links

Statistics

Structure

Other Related Conserved Domains

COG0175 PRK05089

Sequence Alignment

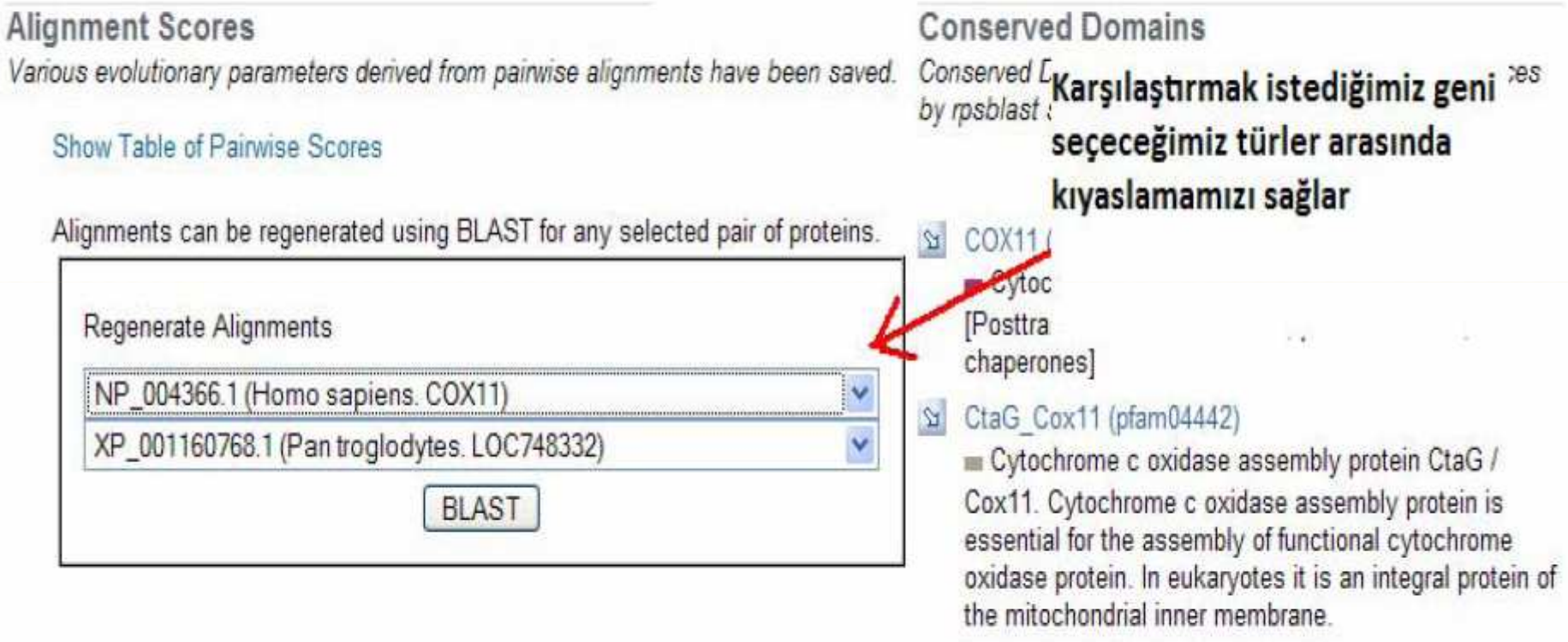
Reformat | Format: Hypertext | Row Display: All 13 rows | Color Bits: 2.0 bit | Type Selection: the most diverse members

```
                  10        20        30        40        50        60        70        80
                  ....*....|....*....|....*....|....*....|....*....|....*....|....*....|....*....|
gi 75173340   40 AVPLYRIFCQATGYGGTVQRKETVEEKIarhseegtVT-ERETVVQFNADVADGMQWEFTPIQREVRVKPGESALAFYTA 118
gi 8134373    26 SVPLYRIFCQVTGFGGTTQVADLESDIltl---kdeQQeNRIITVRFNGDVSDTMPWRFHPIQQEIKVMVGETALAFYSA 102
gi 74623708  567 AVPLYRLFCSKTGYGGTLNTDQSRMnaer----mvpRKdNKRIRVTFNGDVAGNLSWKLWPQQREIYVLPGETALGFYTA 642
gi 1706080   103 AVPLYRAICARTGFGGIPITDRRKPtddk----lipVDtEKRIRISFTSEVSQILPWEFVPQQREVYVLPGETALAFYKA 178
gi 6225199    27 SVPIYNLFCKVTGYGGTTIKETVSVYSK--------VKgTKAIIIEFDANVDPNLPWHFIPRQERVQIVPGQNILVFYEA 98
gi 81534316   26 SVPLYKLFCQVTGFDGTVRRAEVA-PIRv---------lDRKITVRFDANIR-ELPWRFQALQPKQDIRIGDTGLTFFKV 94
gi 23813879   32 AVPLYKMFCQATGYGGTTQRVEKQYAGRv---------lDREITVRFDANIA-GVPWEFQFVQRSMIMKIGETVQAHYQA 101
gi 8134374    47 AVPFYNWFCRATGFNGTTQVATAAPa---------tGPiARKIAVRFDSNVAPGLPWRFEPEQSEIEVNIGQVITVFYTV 117
gi 8134375    27 AVPFYNWFCRVTGFAGTTAVAT-EAPAEv---------lDRTVKVRFDASREAGMPWEFRPLQREMKLKIGETGLAFYEA 96
gi 117136     30 AVPFYSWFCKVTGFAGTTNVAEAASd---------tVL-DEKIRVRFDANADSNLGWTFRPMQREMELKIGENAIAFYEA 99

                  90        100       110       120       130       140       150
                  ....*....|....*....|....*....|....*....|....*....|....*....|....*..
gi 75173340  119 ENKSSAPITGVSTYNVTPMKAGVYFNKIQCFCFEEQRLLPGEQIDMPVTFYIDPEPETDprmdgINNLILSYTFFKV 195
gi 8134373   103 ENPTDSSIIGISTYNVNPQQAGIYFNKIQCFCFEEQRLKPHETIDMPVFFFIDPAILDDpkmsdIDSITLSYTFFNV 179
gi 74623708  643 ENTSDHDIVGVATYNIVPGQAAVYFSKVACFCFEEQKLDAHEKVDLPVFFFIDPEFADDpnmkdIDDILLSYTFFEA 719
gi 1706080   179 KNYSDKDIIGMATYSIAPGEAAQYFNKIQCFCFEEQKLAAGEEIDMPVFFFIDPDFASDpamrnIDDIILHYTFFRA 255
gi 6225199    99 ENLSNKDIIGTSIYNVTPNKAGKYFVKIHCFCFEEQLLKAREKVLMPVTFYIDNDFERDnemenTKVITLSYSFFKT 175
```

İnsandaki bu genin, diğer türlerdeki benzer genlerle karşılaştırılarak,korunmuş bölgeler hakkında bilgi sahibi olabiliyoruz

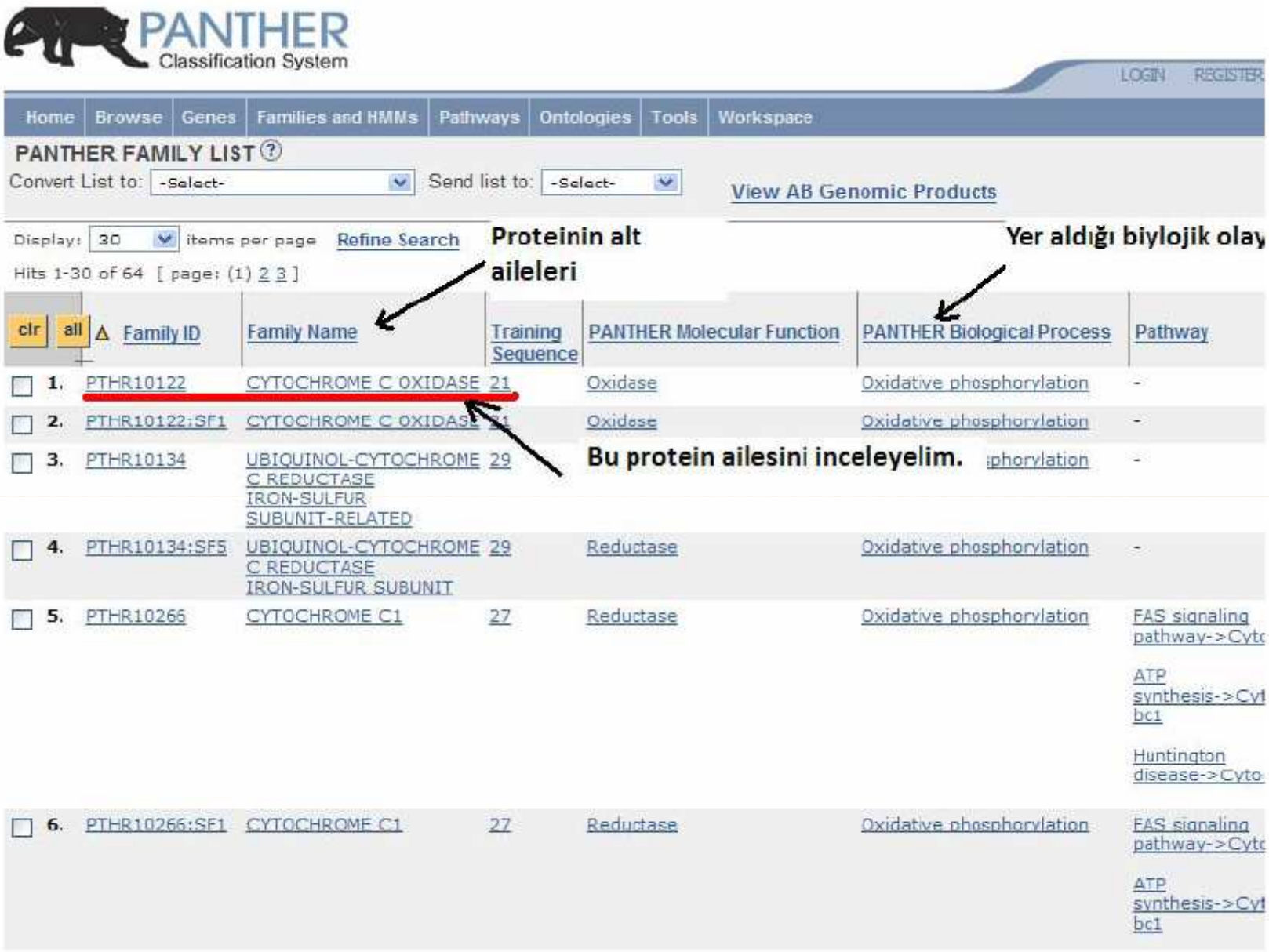
Ayrıca seçeceğimiz iki tür arasında ilgili gen dizisini karşılaştırabiliriz.



UYGULAMA 2

Sitokrom C‘ yi bir de **PANTHER** (**P**rotein **AN**alysis **TH**rough **E**volutionary **R**elationships) adlı veritabanında inceleyelim.

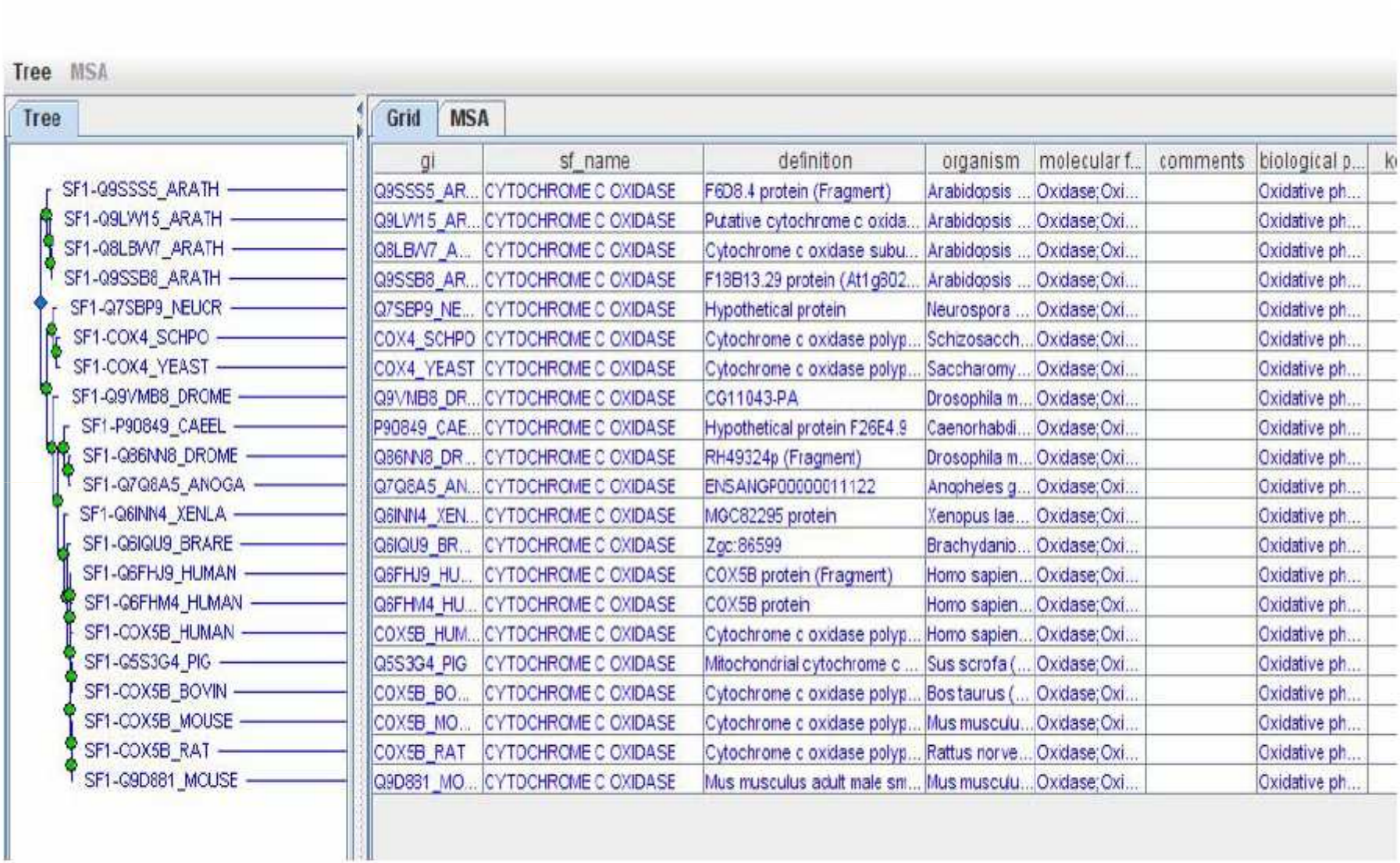


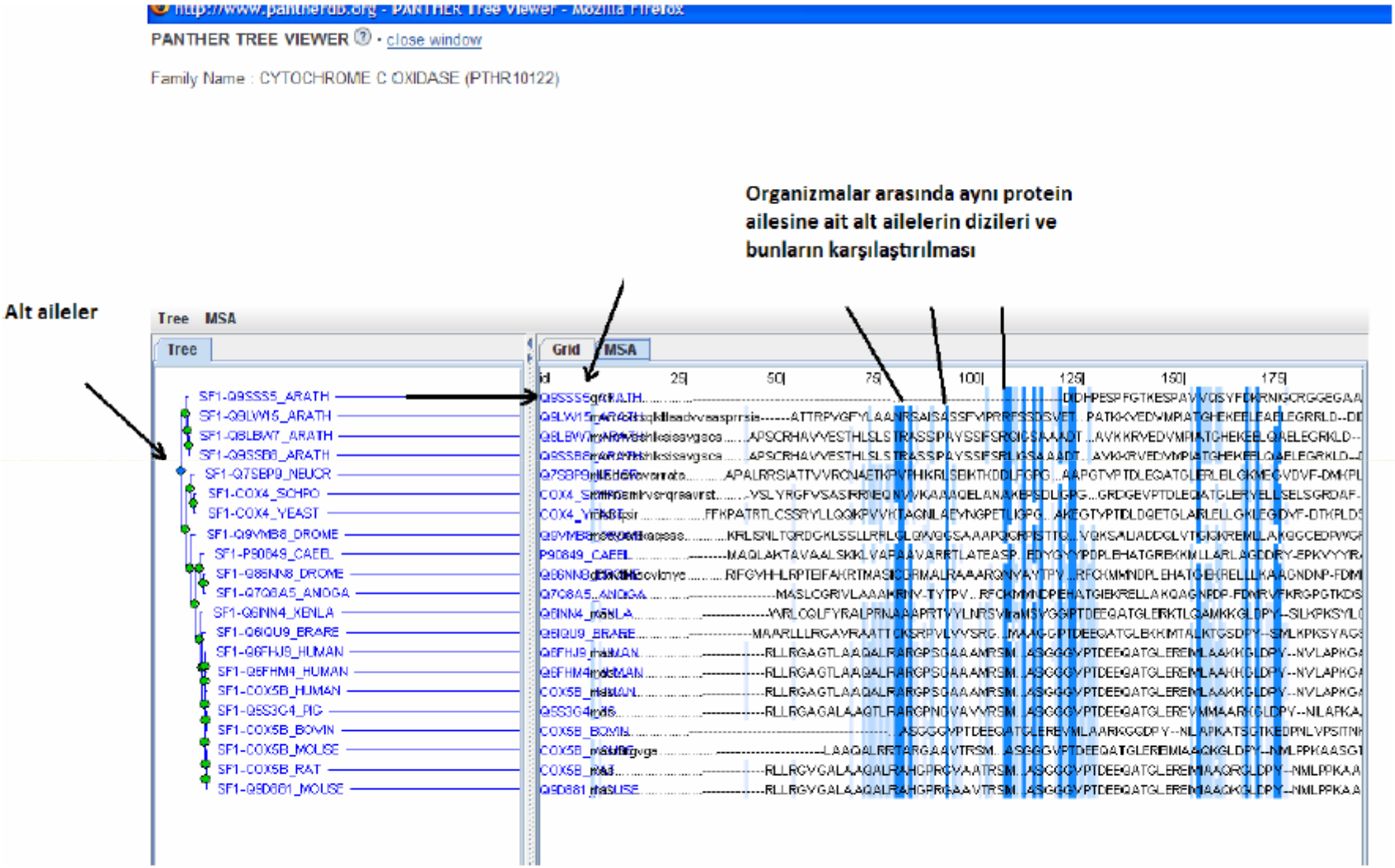

PANTHER
Classification System
LOGIN REGISTER
Home Browse Genes Families and HMMs Pathways Ontologies Tools Workspace
PANTHER FAMILY LIST
Convert List to: -Select- Send list to: -Select-
View AB Genomic Products
Display: 30 items per page Refine Search
Hits 1-30 of 64 [page: (1) 2 3]
Proteinin alt aileleri
Yer aldığı biylojik olay
clr all Family ID
Family Name
Training Sequence
PANTHER Molecular Function
PANTHER Biological Process
Pathway
1. PTHR10122 CYTOCHROME C OXIDASE 21 Oxidase Oxidative phosphorylation -
2. PTHR10122:SF1 CYTOCHROME C OXIDASE 21 Oxidase Oxidative phosphorylation -
3. PTHR10134 UBIQUINOL-CYTOCHROME C REDUCTASE IRON-SULFUR SUBUNIT-RELATED 29 phorylation -
Bu protein ailesini inceleyelim.
4. PTHR10134:SF5 UBIQUINOL-CYTOCHROME C REDUCTASE IRON-SULFUR SUBUNIT 29 Reductase Oxidative phosphorylation -
5. PTHR10266 CYTOCHROME C1 27 Reductase Oxidative phosphorylation FAS signaling pathway->Cyto
ATP synthesis->Cyt bc1
Huntington disease->Cyto
6. PTHR10266:SF1 CYTOCHROME C1 27 Reductase Oxidative phosphorylation FAS signaling pathway->Cyto
ATP synthesis->Cyt bc1

PANTHER FAMILY INFORMATION

Family:	CYTOCHROME C OXIDASE (PTHR10122)
Subfamilies:	1
PANTHER Links:	Tree MSA
Abstract:	Cyt[illegible]hro[illegible] complex[illegible] is involv[illegible] [PMID:6[illegible] mitoch[illegible]on the plasm[illegible] meric enzymatic ry chain complex and ochrome c to oxygen omplex is located in the aryotes it is found in In eukaryotes, in addition to the three large subunits, I, II and III, that form the catalytic center of the enzyme complex, there are a variable number of small polypeptidic subunits. One of these subunits is known as Vb in mammals, V in slime mold and IV in yeast, binds a zinc atom. The sequence of subunit Vb is well conserved and includes three conserved cysteines that coordinate the zinc ion [PMID:1661610, PMID:8638158]. Two of these cysteines are clustered in the C-terminal section of the subunit.
InterPro Accession:	IPR002124
PANTHER Molecular Function:	Oxidoreductase ↳ Oxidase
PANTHER Biological Process:	Electron transport ↳ Oxidative phosphorylation
Pathway Categories:	No pathway information available
Training Sequences:	21
HMM Length	171
Downloads:	HMM (HMMER format)

İki şekilde de proteinin alt ailelerini gösteren ağaca ulaşabiliyoruz.


Tree MSA
Tree
SF1-Q9SSS5_ARATH
SF1-Q9LW15_ARATH
SF1-Q8LBW7_ARATH
SF1-Q9SSB8_ARATH
SF1-Q7SBP9_NEUCR
SF1-COX4_SCHPO
SF1-COX4_YEAST
SF1-Q9VMB8_DROME
SF1-P90849_CAEEL
SF1-Q86NN8_DROME
SF1-Q7Q8A5_ANOGA
SF1-Q6INN4_XENLA
SF1-Q6IQU9_BRARE
SF1-Q6FHJ9_HUMAN
SF1-Q6FHM4_HUMAN
SF1-COX5B_HUMAN
SF1-Q5S3G4_PIG
SF1-COX5B_BOVIN
SF1-COX5B_MOUSE
SF1-COX5B_RAT
SF1-Q9D881_MOUSE
Grid MSA
gi sf_name definiton organism molecular f... comments biological p...
Q9SSS5_AR... CYTOCHROME C OXIDASE F6D8.4 protein (Fragment) Arabidopsis ... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
Q9LW15_AR... CYTOCHROME C OXIDASE Putative cytochrome c oxida... Arabidopsis ... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
Q8LBW7_A... CYTOCHROME C OXIDASE Cytochrome c oxidase subu... Arabidopsis ... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
Q9SSB8_AR... CYTOCHROME C OXIDASE F13B13.29 protein (At1g802... Arabidopsis ... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
Q7SBP9_NE... CYTOCHROME C OXIDASE Hypothetical protein Neurospora ... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
COX4_SCHPO CYTOCHROME C OXIDASE Cytochrome c oxidase polyp... Schizosacch... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
COX4_YEAST CYTOCHROME C OXIDASE Cytochrome c oxidase polyp... Saccharomy... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
Q9VMB8_DR... CYTOCHROME C OXIDASE CG11043-PA Drosophila m... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
P90849_CAE... CYTOCHROME C OXIDASE Hypothetical protein F26E4.9 Caenorhabdi... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
Q86NN8_DR... CYTOCHROME C OXIDASE RH49324p (Fragment) Drosophila m... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
Q7Q8A5_AN... CYTOCHROME C OXIDASE ENSANGP00000011122 Anopheles g... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
Q6INN4_XEN... CYTOCHROME C OXIDASE MGC82295 protein Xenopus lae... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
Q6IQU9_BR... CYTOCHROME C OXIDASE Zgc:86599 Brachydanio... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
Q6FHJ9_HU... CYTOCHROME C OXIDASE COX5B protein (Fragment) Homo sapien... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
Q6FHM4_HU... CYTOCHROME C OXIDASE COX5B protein Homo sapien... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
COX5B_HUM... CYTOCHROME C OXIDASE Cytochrome c oxidase polyp... Homo sapien... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
Q5S3G4_PIG CYTOCHROME C OXIDASE Mitochondrial cytochrome c ... Sus scrofa (... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
COX5B_BO... CYTOCHROME C OXIDASE Cytochrome c oxidase polyp... Bos taurus (... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
COX5B_MO... CYTOCHROME C OXIDASE Cytochrome c oxidase polyp... Mus musculu... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
COX5B_RAT CYTOCHROME C OXIDASE Cytochrome c oxidase polyp... Rattus norve... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...
Q9D881_MO... CYTOCHROME C OXIDASE Mus musculus adult male sm... Mus musculu... Oxidase;Oxi... Oxidative ph...


PANTHER TREE VIEWER · close window
Family Name : CYTOCHROME C OXIDASE (PTHR10122)
Organizmalar arasında aynı protein ailesine ait alt ailelerin dizileri ve bunların karşılaştırılması
Alt aileler
Tree MSA
Tree
Grid MSA
SF1-Q9SSS5_ARATH
SF1-Q9LVW5_ARATH
SF1-Q8LBA7_ARATH
SF1-Q8SSB6_ARATH
SF1-Q7SBP9_NEUCR
SF1-COX4_SCHPO
SF1-COX4_YEAST
SF1-Q9VMB8_DROME
SF1-P90849_CAEEL
SF1-Q86NN8_DROME
SF1-Q7Q8A5_ANOGA
SF1-Q6INN4_XENLA
SF1-Q6IQU9_BRARE
SF1-Q6FHJ9_HUMAN
SF1-Q6FHM4_HUMAN
SF1-COX5B_HUMAN
SF1-Q5S3G4_PIG
SF1-COX5B_BOVIN
SF1-COX5B_MOUSE
SF1-COX5B_RAT
SF1-Q5D081_MOUSE

Phylogenetically Inferred Groups

What are PhIGs?

PhIGs are an attempt to cluster genes from multiple organisms into groups that are all descended from a single ancestral gene. This clustering is accomplished by using the known phylogenetic relationships to guide the creation of the PhIGs

Why are PhIGs useful?

By studying genes within their evolutionary context we can differentiate between orthology versus paralogy relationships, find lineage specific evolution and facilitate functional, comparative and phylogenomic research.

How are PhIGs created?

PhIGs are created such that when following the known phylogeny, at each node, groupings ensure that genes from the species on one descending branch are more closely related to each other than to genes on the other branch, and both sets of descending genes are more closely related to each other than genes from species elsewhere on the tree.
A paper describing this resource is currently being prepared.

Contact Info

For more information about how PhIGs was developed, or to request data sets, please contact Paramvir Dehal at psdehal@lbl.gov

PhIGs

Group	Species	Version
Opisthokonts (Fungi + Metazoa)	23	1
Chordates	11	1
Plants (coming soon)		
Bacteria (coming soon)		

Synteny

Synteny maps between the species are created on the basis of orthologous genes and presented on the Synteny Viewer.

Downloads

All data will be available for download from our ftp server soon.

Help & Documentation

Also coming soon.

Search

Search [Chordates] For [cytochrome c] [Submit]

PhIGs Home

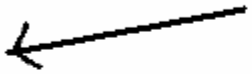
Database PhIGs4

Search cytochrome

Fields ☑ name ☑ description ☑ externalDesc

Clusters? ☑

Source: Human, Mouse, Chimp, Rat, Dog, Chicken, Frog, Zebrafish, Tetraodon, Fugu



Submit

Found 1221 matches

Cluster Id	Gene Id	Name	Description
441	3854	ENSG00000127948	NADPH--cytochrome P450 reductase (EC 1.6.2.4) (CPR) (P450R). [Source:Uniprot/SWISS
441	44388	ENSMUSG00000005514	NADPH--cytochrome P450 reductase (EC 1.6.2.4) (CPR) (P450R). [Source:Uniprot/SWISS
762	3	ENSG00000198804	Cytochrome c oxidase polypeptide I (EC 1.9.3.1). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P0039
950	3102	ENSG00000166394	cytochrome b5 reductase b5R.2 isoform 1 [Source:RefSeq_peptide;Acc:NP_057313]
950	9047	ENSG00000100243	NADH-cytochrome b5 reductase (EC 1.6.2.2) (B5R) (Diaphorase 1). [Source:Uniprot/SWIS
950	40135	ENSMUSG00000026456	cytochrome b5 reductase 1 (B5R.1). [Source:RefSeq;Acc:NM_028057]
950	37731	ENSMUSG00000048065	cytochrome b5 reductase b5R.2. [Source:RefSeq;Acc:NM_177216]
981	12198	ENSG00000179091	Cytochrome c1, heme protein, mitochondrial precursor (Cytochrome c-1). [Source:Uniprot
981	25563	ENSMUSG00000022551	Cytochrome c1, heme protein, mitochondrial precursor (Cytochrome c-1). [Source:Uniprot
1071	2254	ENSG00000004961	Cytochrome c-type heme lyase (EC 4.4.1.17) (CCHL) (Holocytochrome c- type synthase). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P53701]
1071	29450	ENSMUSG00000031352	Cytochrome c-type heme lyase (EC 4.4.1.17) (CCHL) (Holocytochrome c- type synthase).

KAYNAKLAR

- yunus.hacettepe.edu.tr/~mali/ders/hucre%20fizyolojisi.pdf

- Genomes 2 (second edition) T.A. Brown *Department of Biomolecular Sciences, UMIST, Manchester, M60 1QD, UK*
  © BIOS Scientific Publishers Ltd, 2002
  First published 1999
  Second Edition 2002

- Evolutionary Compt ration in Bioinformatics Edited by
  Gary B. Fogel
  Natural Selection, Inc.
  David W. Corne
  Department of Computer Science
  University of Reading

- biyoloji.inonu.edu.tr/evrimsempozyumu/sunumlar/sunum_11.pdf
- KALITSAL HASTALIKLARA MOLEKÜLER TIP AÇISINDAN BAKIŞ SEMPOZYUMU 24-27 EYLÜL 2003
- GENOMİĞE GİRİŞ-TURGAY İSBİR
- NHGRI: Understanding The Human Genome Project
- http://www.jochemnet.de/fu/BSC1011_3/sld011.htm