

Семинар 7. Поиск белков в Swiss-Prot по мнемонике функции.. Интеины.
Определение горизонтально перенесенных генов. Филогенетика и астробиология.

1. Поиск белков в Swiss-Prot по мнемонике функции

ID в Swiss-Prot устроен так: <мнемоника функции>_<мнемоника организма>

Например, ENO_BACSU — энолаза *Bacillus subtilis*.

Зайти на сайт <https://www.uniprot.org> и вбить в строку поиска
mnemonic:eno_*

Поиск находит 832 белка, из которых можно выбирать.

Примеры других мнемоник:

Фактор элонгации трансляции Ts	EFTS
Фактор высвобождения пептидной цепи 1	RF1
Рибосомный белок L1	RL1
Рибосомный белок L2	RL2
Рибосомный белок S2	RS2
Рибосомный белок S4	RS4
Пептидил-гРНК гидролаза	PTH
16S рРНК-метилтрансфераза H	RSMH
Энолаза	ENO
Бета-субъединица траскриптазы	RPOB
Триггер-фактор	TIG
АТФаза Sec-транслоконовой системы	SECA

Если нужно ограничиться каким-то таксоном, то нужно на сайте Uniprot войти в Advanced search, мнемонику (со звёздочкой) вбить в поле "Entry name [ID]", а латинское название таксона (например, Firmicutes) — в поле "Taxonomy [OC]" .

Митохондриальные белки CYB, COX1 и COX2, а также MYG (миоглобин) присутствуют у многих животных.

Например, запрос

mnemonic:cox2_* taxonomy:Mammalia

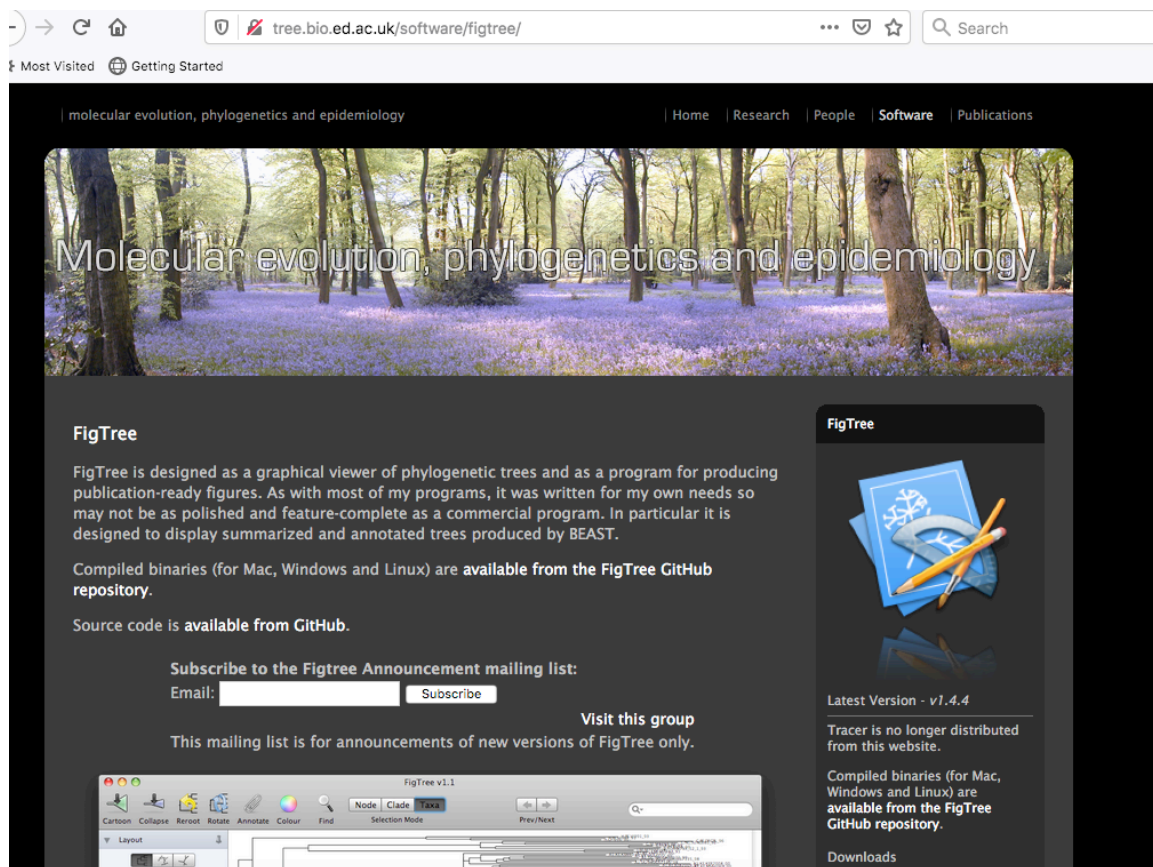
(субъединица 2 цитохром С оксидазы млекопитающих) даёт 163 результата.

Полученный запрос можно редактировать непосредственно в строке поиска, там можно использовать операторы AND, OR и NOT, а также скобки.

Можно ещё вместо мнемоники пользоваться полем "Protein name [DE]", вбивая туда по одному слова из названия белка (например, "enolase" или "m*oglobin" — звёздочка понимается как любое число любых символов, полезно при неполной уверенности в правильности написания). В этом случае находки будут не только из Swiss-Prot (Reviewed), но и из TrEMBL (Unreviewed), их часто будет очень много, но можно будет отфильтровать только аннотированные, щёлкнув по гиперссылке под "Filter by" слева страницы с находками.

2. Определение горизонтально привнесённых генов по филогенетическому анализу

Поставить программу FigTree



Скачать файл - ATPaseAlphaSubunit.txt

Sulfolobus, Thermococcus - Archaea,

Borrelia - Spirochete (bacterium)

Acetabularia зеленая водоросль

Daucus – цветочное растение (морковь)

Candida, and Saccharomyces - дрожжи

Neurospora - грибковое (но не дрожжи)

Drosophila - насекомое

Trypanosomes - простейшее

Последовательность из Borrelia – ATPase из архей, полученная в результате горизонтального обмена

Последовательности каталитических субъединиц V/A-ATPase довольно похожи. Для изучения эффекта притяжения длинных ветвей (long branch attractions), добавлена гомологичная (паралогичная) последовательность из ATPase, задействованной в сборке жгутика (flagellar) из Salmonella.

3. ИНТЕИНЫ

Две последовательности содержат интеины.

Открытие интеинов в дрожжах *Saccharomyces cerevisiae* (1990)

J Biol Chem. 1990 Apr 25;265(12):6726-33.

Molecular structure of a gene, VMA1, encoding the catalytic subunit of H(+)-translocating adenosine triphosphatase from vacuolar membranes of *Saccharomyces cerevisiae*.

Hirata R¹, Ohsumi Y, Nakano A, Kawasaki H, Suzuki K, Anraku Y.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/2139027>

Посмотреть картинки в обзорной статье

Microorganisms. 2018 Mar; 6(1): 19. **Inteins: Localized Distribution, Gene Regulation, and Protein Engineering for Biological Applications**

Theetha L. Pavankumar

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5874633>

4. Еще примеры горизонтального обмена генов

Посмотреть проект Института Астробиологии НАСА – поизучать картинки, прочесть текст.

<https://astrobiology.nasa.gov/nai/annual-reports/2013/mit/molecular-biosignatures-reconstructing-events-by-comparative-genomics/index.html>

Увидеть на картинках время для событий HGT, от каких групп организмов к каким они происходят.

5. Филогенетика и астробиология

Набить в гугле

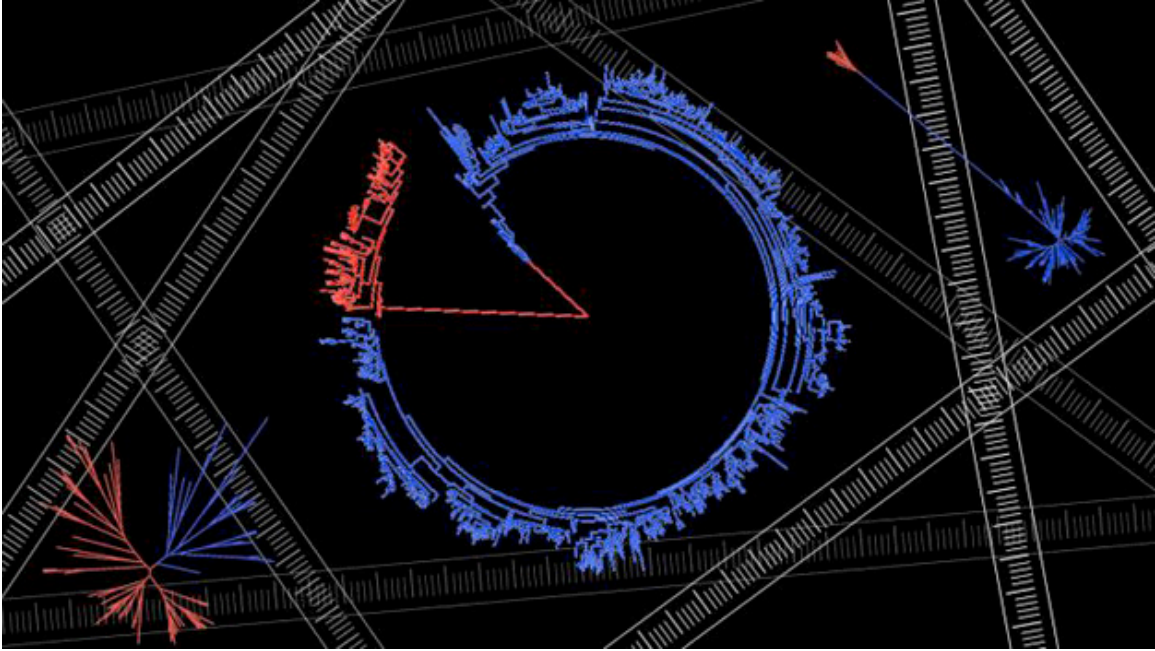
astrobiology + phylogenetics

Попасть на первую ссылку –

Life's Earliest Evolution Was More Complicated Than Previously Suspected

<http://astrobiology.com/2020/04/lifes-earliest-evolution-was-more-complicated-than-previously-suspected.html>

Рассмотреть картинку дерева – убедиться, что Вы тоже такие умеете строить круговые деревья в программе FigTree, в том числе раскрашивать отдельные ветки.



Phylogenetic tree diagrams form the basis of understanding microbial evolution. Long branches between the two domains in some trees may reflect a period of very rapid evolution, billions of years ago.