Análisis de Anotaciones GO de la inversión U8

CODE ▼

Mercè Merayo Pastor 2024-12-08

- Introducción
- · Preparación de Datos
 - o Genes que contienen algun punto de rotura
- Resultados
 - $\circ~$ Procesos Biológicos dentro de la inversión U_8
 - Funciones Moleculares
 - Componentes Celulares
 - o Regiones flanqueantes de los puntos de rotura
 - Tablas región flanqueante proximal
 - Tablas región flanqueante distal
 - Genes que contienen algun punto de rotura

Introducción

Este documento analiza las anotaciones GO obtenidas del archivo .gaf del genoma de referencia Genome assembly UCBerk_Dsub_1.0 de *Drosophila subobscura*.

Se agrupan los **Procesos biológicos**, **Funciones moleculares**, y **Componentes celulares** más frecuentes para la invesión U_8 tanto en las regiones flanqueantes de los puntos de rotura encontrados con Breakdancer en la cepa OF58, como en la región interna de la inversión.

Preparación de Datos

SHOW

Agregar las descripciones de los términos GO (Gene Ontology) desde la base de datos GO.db.

SHOW

Carga de las anotaciones del genoma de referecia de *Dosophila subobscura* a partir de la descarga de la tabla .tsv desde [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/gene/GCF_008121235.1/ (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/gene/GCF_008121235.1/)].

SHOW

SHOW

SHOW

Filtrar las anotaciones por las tres categorías principales de Gene Ontology.

SHOW

Se definen los puntos de rotura la inversión U_8 .

SHOW

Genes que contienen algun punto de rotura

Resultados

Procesos Biológicos dentro de la inversión U_8

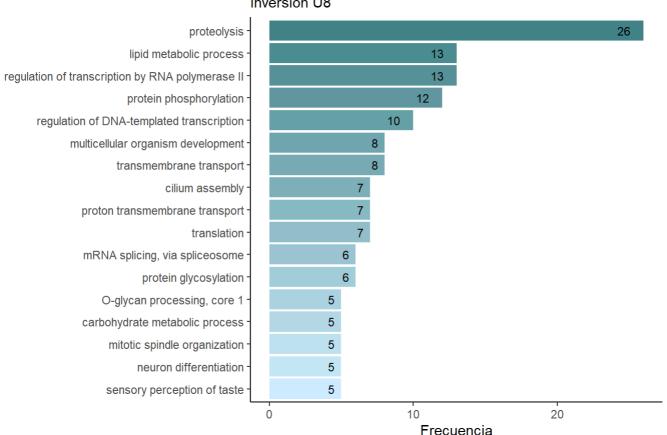
SHOW

[1] "Hay 410 procesos biológicos diferente en los genes de la región U8."

SHOW

SHOW

Procesos biológicos más frecuentes Inversión U8



Funciones Moleculares

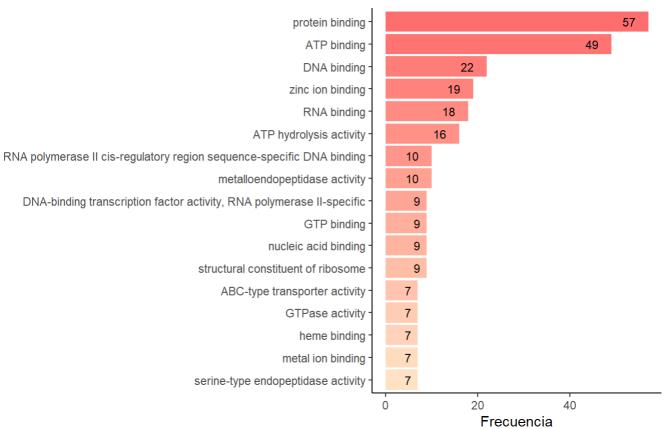
SHOW

[1] "Hay 315 funciones moleculares diferentes en los genes de la región U_8 ."

SHOW

SHOW

Funciones moleculares más frecuentes Inversión U8



Componentes Celulares

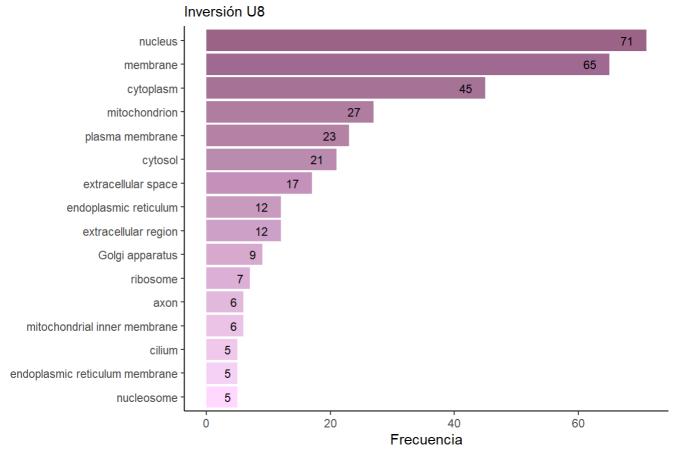
SHOW

[1] "Hay 227 componentes celulares diferentes en los genes de la región U_8."

SHOW

SHOW

Componentes celulares más frecuentes



Regiones flanqueantes de los puntos de rotura

Tablas región flanqueante proximal

SHOW

SHOW

Términos GO de los genes situados cerca del punto de rotura proximal

Gen / Nombre de Coordenadas Funciones **Procesos Componentes** la proteína genómicas **Moleculares Biológicos** Celulares LOC117900741 7773180-GO:0044715 7777052 (GO:0044715): 8-oxouncharacterized dGDP phosphatase activity protein **YJR142W** isoform X1

Gen /

Nombre de la proteína	Coordenadas genómicas	Funciones Moleculares	Procesos Biológicos	Componentes Celulares
LOC117900742 - mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim23	7771342- 7772481	GO:0008320 (GO:0008320): protein transmembrane transporter activity	GO:0030150 (GO:0030150): protein import into mitochondrial matrix	GO:0005743 (GO:0005743): mitochondrial inner membrane GO:0005744 (GO:0005744): TIM23 mitochondrial import inner membrane translocase complex
LOC117900743 - thyrostimulin beta-5 subunit	7770494- 7771257	G0:0005179 (G0:0005179): hormone activity	GO:0007186 (GO:0007186): G protein- coupled receptor signaling pathway	GO:0005576 (GO:0005576): extracellular region GO:0005615 (GO:0005615): extracellular space GO:0005737 (GO:0005737): cytoplasm

Tablas región flanqueante distal

SHOW SHOW

Términos GO de los genes situados cerca del punto de rotura proximal

Gen / Nombre de la	Coordenadas	Funciones	Procesos	Componentes
proteína	genómicas	Moleculares	Biológicos	Celulares
LOC117901184 - COMM domain-containing protein 5 isoform X1	14725873- 14726911			GO:0005634 (GO:0005634): nucleus
LOC117901453 - methionine aminopeptidase 1D, chloroplastic/mitochondrial	14720021- 14721256	GO:0070006 (GO:0070006): metalloaminopeptidase activity	GO:0006508 (GO:0006508): proteolysis	

Gen / Nombre de la proteína	Coordenadas genómicas	Funciones Moleculares	Procesos Biológicos	Componentes Celulares
LOC117901454 - cilia- and flagella-associated protein 20 isoform X1	14719090- 14720090		G0:0060271 (G0:0060271): cilium assembly G0:0060296 (G0:0060296): regulation of cilium beat frequency involved in ciliary motility G0:2000147 (G0:2000147): positive regulation of cell motility	G0:0031514 (G0:0031514): motile cilium G0:0036064 (G0:0036064): ciliary basal body
LOC117901760 - leucine- rich repeat-containing protein 15	14722075- 14724843	GO:0005515 (GO:0005515): protein binding		G0:0005615 (G0:0005615): extracellular space G0:0031012 (G0:0031012): extracellular matrix

Genes que contienen algun punto de rotura

SHOW

```
Gen
                 Cromosoma
                             Inicio
                                         Fin
                                                  GO_ID Tipo
1 LOC117901760 NC 048534.1 14722075 14724843 GO:0005515
2 LOC117901760 NC_048534.1 14722075 14724843 GO:0005615
3 LOC117901760 NC 048534.1 14722075 14724843 GO:0031012
        Descripcion_GO
       protein binding
1
2 extracellular space
3 extracellular matrix
Definicion_GO
1
Binding to a protein.
     That part of a multicellular organism outside the cells proper, usually taken to be outside th
e plasma membranes, and occupied by fluid.
3 A structure lying external to one or more cells, which provides structural support, biochemical o
r biomechanical cues for cells or tissues.
1 leucine-rich repeat-containing protein 15
2 leucine-rich repeat-containing protein 15
3 leucine-rich repeat-containing protein 15
```