



Проект по биоинформатике

Вводная презентация
Группа 2

Anopheles



Малярийные комары

Основные признаки представителей

1. Тело тёмного или чёрного цвета
2. При отдыхе поднимают брюхо вверх
3. Усики такой же длины, как жало, длинные ноги
4. На крыльях тёмные пятна
5. По размеру немного меньше обычных комаров
6. Распространены по всему миру, кроме крайнего Севера
7. Длина генома примерно 250 Мб, 4 хромосомы



Эпигенетика и устройство генома

1. Низкий уровень метилирования, метилируется в основном тРНК
2. Главный эпигенетический механизм - гистоновые модификации, связанные с активацией промоторов или репрессией транскрипции
3. В геноме много повторов
4. Структура хроматина коррелирует с экспрессией генов и схожа у всех видов
5. Геном разделен на выделенные компартменты, коррелирующие с экспрессией генов
6. Более короткие TADы - в А-компартменте. Более длинные - в В-компартменте. Самые длинные TADы расположены в регионах с маленьким количеством генов и низкой экспрессией

<https://www.nature.com/articles/s41467-022-29599-5>

<https://www.frontiersin.org/journals/genetics/articles/10.3389/fgene.2020.602949/full>

Участник	Вид	Условия обитания	GC содержание
Либина Яна	<i>Anopheles gambiae</i>	Стоячие пресные водоёмы	45%
Рябов Олег	<i>Anopheles darlingi</i>	Реки: побережье, заводи	48%
Векшин Кирилл	<i>Anopheles stephensi</i>	Стоячие пресные водоёмы	45%
Нелипович Софья	<i>Anopheles albimanus</i>	Стоячие пресные водоёмы	49%
Синицына Владислава	<i>Anopheles arabiensis</i>	Мелкие, хорошо прогреваемые водоемы	44.5%
Лазарев Никита	<i>Anopheles sinensis</i>	Теплые пресные водоёмы	44%
Ромашов Федор	<i>Anopheles funestus</i>	Мелководные пресные заросшие водоёмы	41.5%
Скворцова Ирина	<i>Anopheles ziemanni</i>	Пресные воды, холмы	42%
Волянский Никита	<i>Anopheles coluzzii</i>	Медленно проточные или стоячие водоемы	44.5%
Старостин Ярослав	<i>Anopheles aquasalis</i>	Мангровые болота, прибрежные лагуны	48%

Anopheles gambiae s.s. (Либи́на Яна)

- Scaffold N50 = 99.1 Mb, Contig N50 = 10.6 Mb
- Длина генома: 264.5 Mb
- Число генов: 15 165
- Число статей на PubMed: 1,132
- Места обитания: Sub-Saharan Африка. Влажный тропический климат. Личинки развиваются в стоячей или мало-текучей воде: в лужах, рисовых полях, болотах и берегах рек. Температура: 16.7°C - 27.8°C
- Эпигенетика и организация генома:
 - H3K27ac - активная транскрипция, H3K27me3 - подавленные гены
 - Уровень метилирования ДНК крайне низок
 - В гетерохроматине низкая плотность генов, повторяющиеся транспозоны
 - В гетерохроматине находятся гены, связанные с регуляцией хроматина



Anopheles darlingi (Рябов Олег)

- Scaffold N50 = 95 Mb, Contig N50 = 19.2 Mb
- Число статей на PubMed: 475
- Длина генома: 181.6 Mb
- Число генов: 12 393
- Места обитания: от Мексики до Аргентины. Влажный тропический климат. обитают в прибрежных, речных и стоячих водоёмах. Температура: 17.5°C - 33°C
- Эпигенетика и организация генома:
 - H3K4me3 – активные промотор, H3K27me3 – репрессивная метка Polycomb
 - H3K9ac, H3K27ac – маркер активных энхансеров и промоторов
 - Уровень метилирования ДНК очень низкий



Anopheles stephensi (Векшин К.)

- Scaffold N50 = 88.7 Mb, Contig N50 = 38.1 Mb
- Число статей на PubMed: 2031
- Длина генома: 243.5 Mb
- Число генов: 15 394
- Места обитания: Индийский субконтинент, а также регион Ближнего Востока и Южной Азии.
- Эпигенетика и организация генома:
 - Уровень метилирования ДНК у An. stephensi крайне низок, что типично для насекомых.
 - Крупные инверсии (например, 16.5 Mbp 2Rb) связаны с адаптацией к урбанизированным условиям.
 - В гетерохроматине обнаружены 29 ранее скрытых генов, связанных с устойчивостью к инсектицидам (например, мутации в gaba и vgsc).



Anopheles albimanus (Нелипович Софья)

- Scaffold N50 = 89 Mb, Contig N50 = 25 Mb
- Число статей на PubMed: 592
- Длина генома: 172.6 Mb
- Число генов: 12 945
- Места обитания: в прибрежных районах Центральной и Южной Америки, на Карибских островах и в Мексике
- Эпигенетика и организация генома:
 - Обнаружена полноценная система ДНК-метилирования, ключевым ферментом которой является DNMT2; также присутствуют TET2 (деметилаза) и белок с доменом связывания с метилированными CpG (MBD).
 - В геноме выявлены основные модификации гистонов: H3K4me3(акт промотор), H3K27ac(акт энхансер), H3K9ac(акт промотор), H3K9me3(репрессивная)
 - Уровень метилирования ДНК низкий



Anopheles arabiensis (Синицына Владислава)

- Scaffold N50 = 95.7 Mb, Contig N50 = 23.9 Mb
- Число статей на PubMed: 1491
- Длина генома: 256.8 Mb
- Число генов: 15 763
- Места обитания: субсахарская Африка, с исключением пустынных районов Сахары, южной части ЮАР и некоторых участков бассейна Конго
Температура: 14.6°C - 34.4°C
- Эпигенетика и организация генома:
 - H3K27ac—активные домены; H3K27me3—репрессивные домены.
 - Отсутствие CpG-метилирования: утрачены DNMT1/3; сохранён DNMT2 для tRNA
 - Hi-C анализы показывают чёткое разделение генома на активные и репрессивные компартменты, а также наличие TAD-подобных доменов и регуляторных петель между энхансерами и промоторами



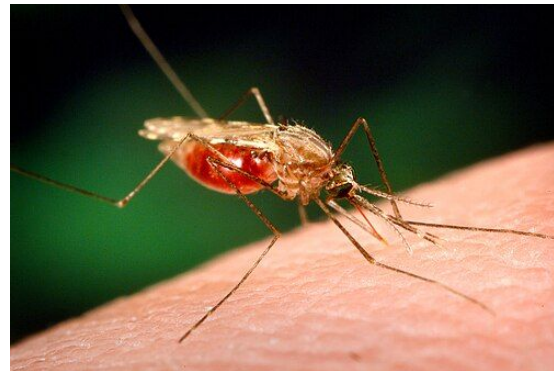
Anopheles sinensis (Лазарев Никита)

- Scaffold N50 = 814.2 kb, Contig N50 = 30.1 kb
- Число статей на PubMed: 530
- Длина генома: 220.8 Mb
- Число генов: 19 352
- Места обитания: на территории Дальнего Востока России, а также в странах Восточной Азии (Китай, Корея, Япония)
- Эпигенетика и организация генома:
 - У *Anopheles sinensis* уровень ДНК-метилирования крайне низкий; обнаружен только фермент DNMT2, вероятно, метилирующий tРНК
 - Выявлена m6A-модификация РНК, участвующая в регуляции сперматогенеза
 - Основу эпигенетической регуляции составляют гистоновые модификации: активирующие (H3K4me3, H3K27ac, H3K9ac) и репрессивные (H3K9me3, H3K27me3)



Anopheles funestus (Ромашов Федор)

- Scaffold N50 = 84.6 Mb, Contig N50 = 24.1 Mb
- Число статей на PubMed: 1183
- Длина генома: 250.7 Mb
- Число генов: 14 819
- Места обитания: субсахарская Африка (Сенегал – Мадагаскар). Личинки развиваются в постоянных или полупостоянных пресноводных водоёмах (болота, пруды, рисовые поля, берега рек). Диапазон развития 18–30 °C (при 15 °C и 35 °C развитие прекращается).
- Эпигенетика и организация генома:
 - Hi-C анализ выявил TAD-домены (200–400 кб) и чёткое компартиментирование A/B.
 - Ожидаемый крайне низкий (< 0,5%) глобальный уровень DNA-метилирования.
 - Гетерохроматин обогащён транспозонными повторами и имеет низкую плотность активных генов



Anopheles ziemanni (Скворцова Ира)

- Scaffold N50 = 94.9Mb, Contig N50 = 28 Mb
- Число статей на PubMed: 34
- Длина генома: 270.0 Mb
- Число генов: 14085
- Места обитания: Обитает в Африке (Камерун, Кения), в речных зонах и холмистых местностях. Оптимальная температура – 24-25 °C.
- Эпигенетика и организация генома:
 - H2K27ac – активная транскрипция, H2K4me3 – инициация транскрипции
 - В репродуктивных тканях относительно высокий уровень дифференциальной экспрессии
 - Низкий уровень метилирования



Anopheles ziemanni (Скворцова Ира)

	Число квадруплексов	Доля квадруплексов	Число предсказаний Z-DNABERT	Доля предсказаний Z-DNABERT	Число предсказаний Z_HUNT	Доля предсказаний Z_HUNT
Exons	395	0.019025	13288	0.097404	1352	0.072634
Introns	7831	0.377179	60152	0.440926	7808	0.419469
Promoters (1000 up from TSS)	273	0.013149	5483	0.040191	530	0.028473
Downstream (200 bp)	285	0.013727	2963	0.021719	569	0.030568
Intergenic	12392	0.596860	68518	0.502250	9878	0.530676



	Число участков с квадруплексом	Доля участков с квадруплексом	Число участков с Z-DNABERT	Доля участков с Z-DNABERT	Число участков с Z_HUNT	Доля участков с Z_HUNT
Exons	339	0.120469	6485	0.375311	762	0.324117
Introns	1747	0.620824	5083	0.294172	827	0.351765
Promoters (1000 up from TSS)	244	0.086709	2586	0.149661	336	0.142918
Downstream (200 bp)	255	0.090618	2023	0.117079	364	0.154828
Intergenic	229	0.081379	1102	0.063777	62	0.026372

Anopheles coluzzii (Волянский Никита)



- Scaffold N50 = 95.2Mb, Contig N50 = 18.8 Mb
- Число статей на PubMed: 603
- Длина генома: 262.6 Mb
- Число генов: 14616
- Места обитания: Западная (Сенегал, Гана, Нигерия) и Центральная (Камерун, Чад, Габон) Африка. Тропический и субэкваториальный климат. Оптимальная температура – 24-30 °C.
- Эпигенетика и организация генома:
 - H2K4me3 – активный маркер, H3K27me3 – репрессивный маркер
 - Характерны гетерохроматиновые области, особенно вокруг центромер и теломер
 - Крайне низкий уровень метилирования

Anopheles aquasalis (Старостин Ярослав)

- Scaffold N50 = 90 Mb, Contig N50 = 38 Mb
- Число статей на PubMed: 139
- Длина генома: 170.5 Mb
- Число генов: 12989
- Места обитания: Прибрежные регионы Центральной и Южной Америки (Бразилия, Венесуэла). Оптимальная температура – 26-30 °C.
- Эпигенетика и организация генома:
 - активный маркеры: H3K4me3 (промотор), H3K27ac (энхансер)
 - репрессивные маркеры: H3K27me3, H3K9me3
 - Гистоны участвуют в регуляции иммунного ответа и развития
 - Много транспозонов (до 20% генома), низкий уровень метилирования



Спасибо за внимание!



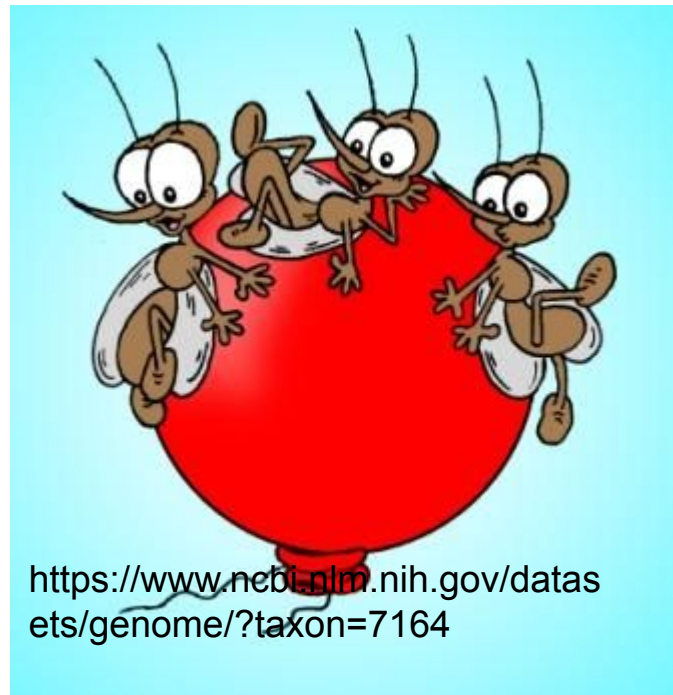
bombardini malarini

Докладывала команда:

Комарики на воздушном шарике

Наш девиз:

**За семью и за дворы
Закусаят комары!**



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/?taxon=7164>