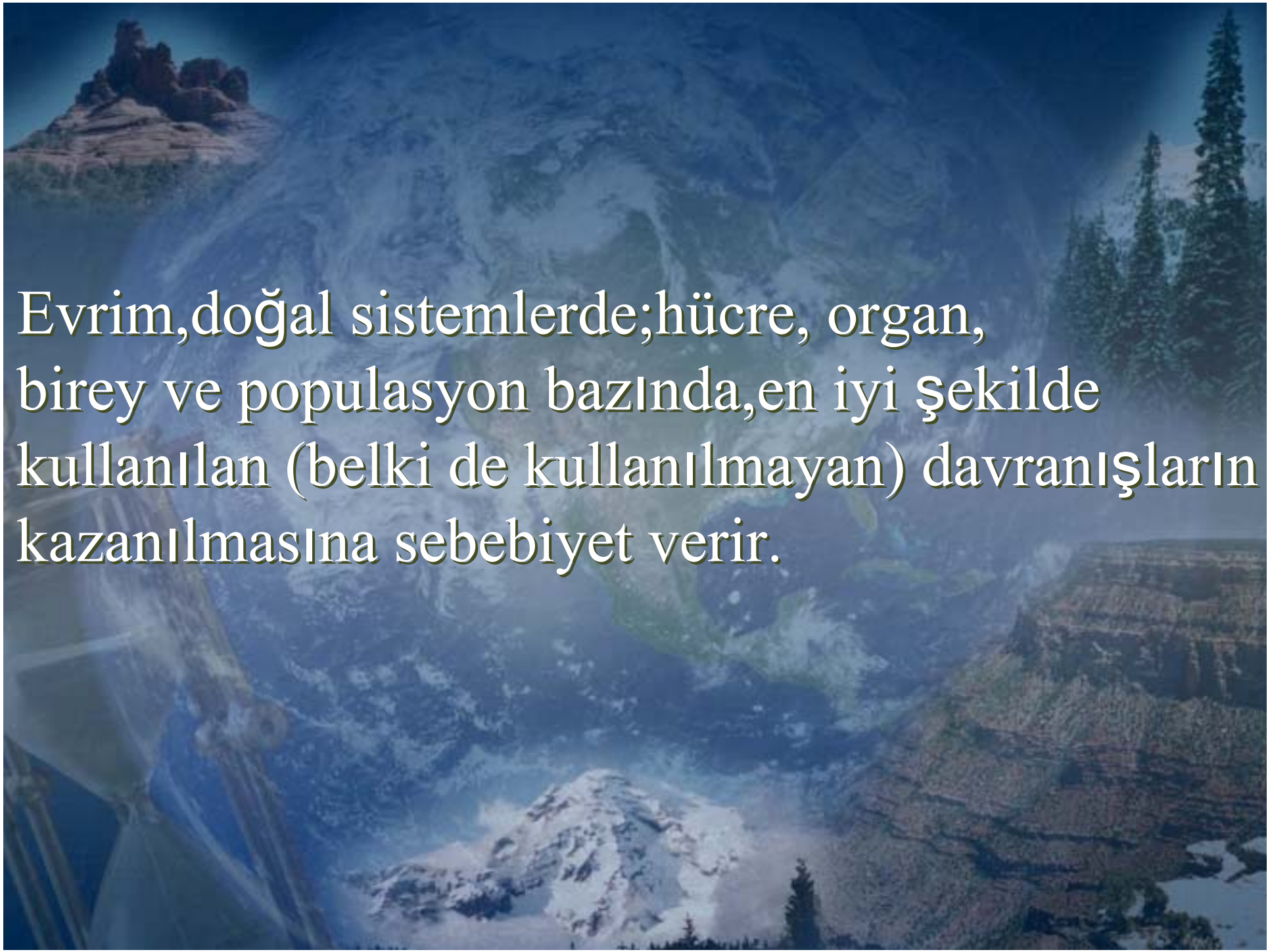
GENOM EVRİMİ
&
BİYOİNFORMATİK

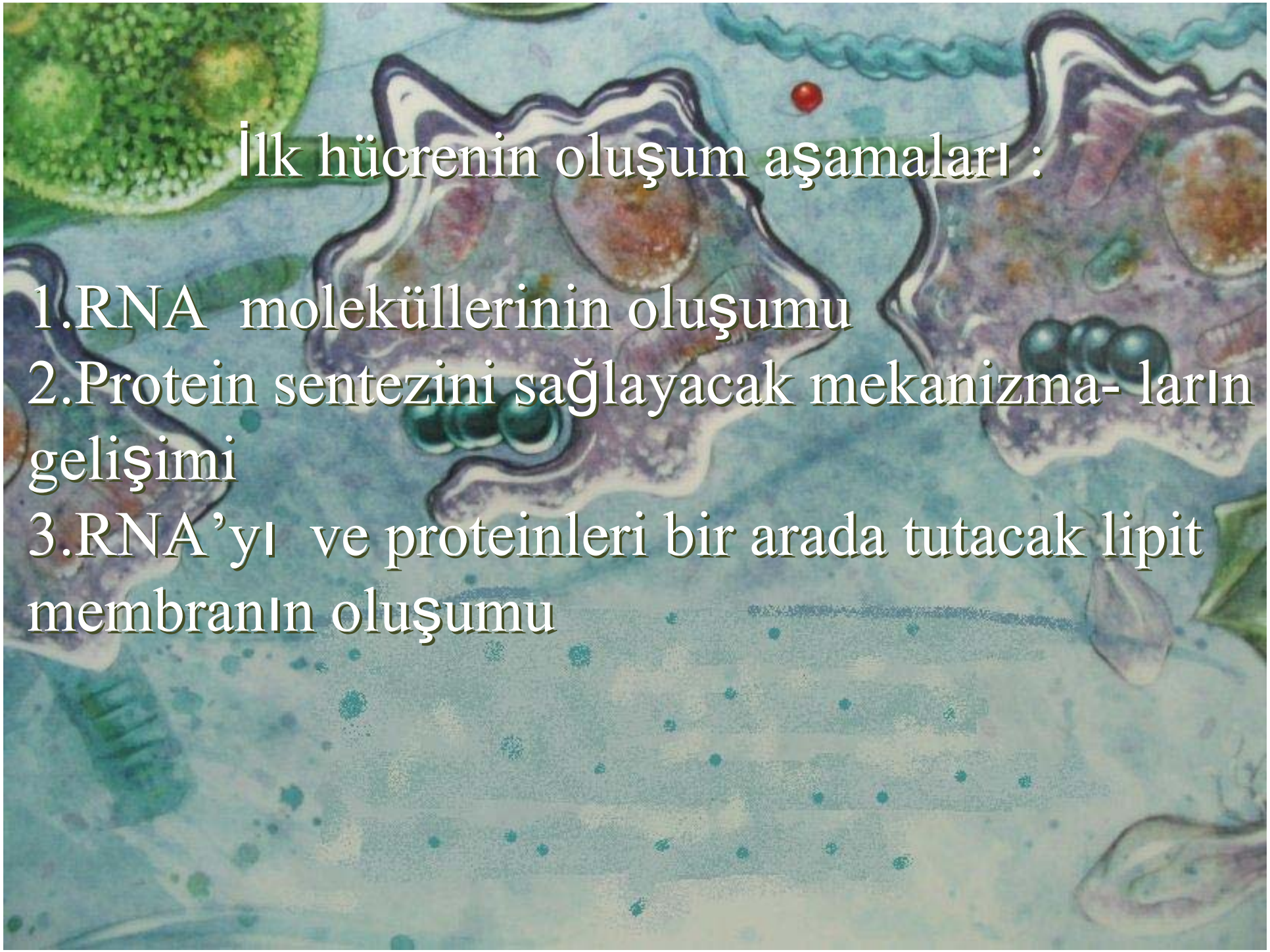
İÇERİK:

- 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

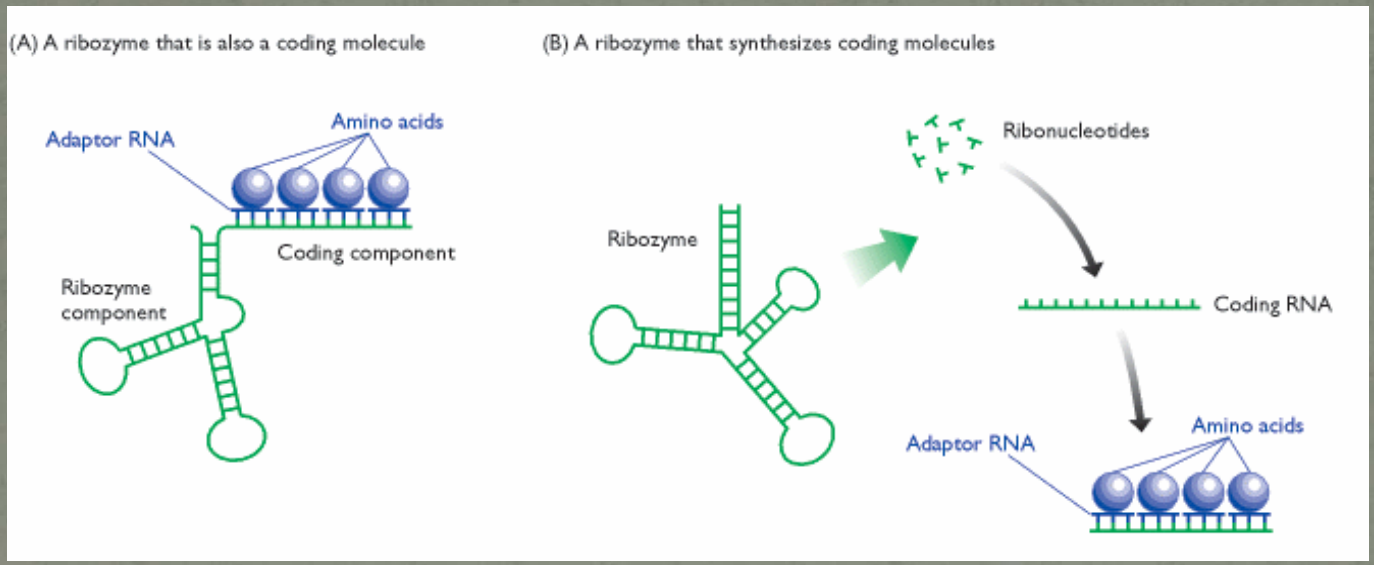

İlk hücrenin oluşum aşamaları :
1.RNA moleküllerinin oluşumu
2.Protein sentezini sağlayacak mekanizma- ların gelişimi
3.RNA'yı ve proteinleri bir arada tutacak lipit membranın oluşumu

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.

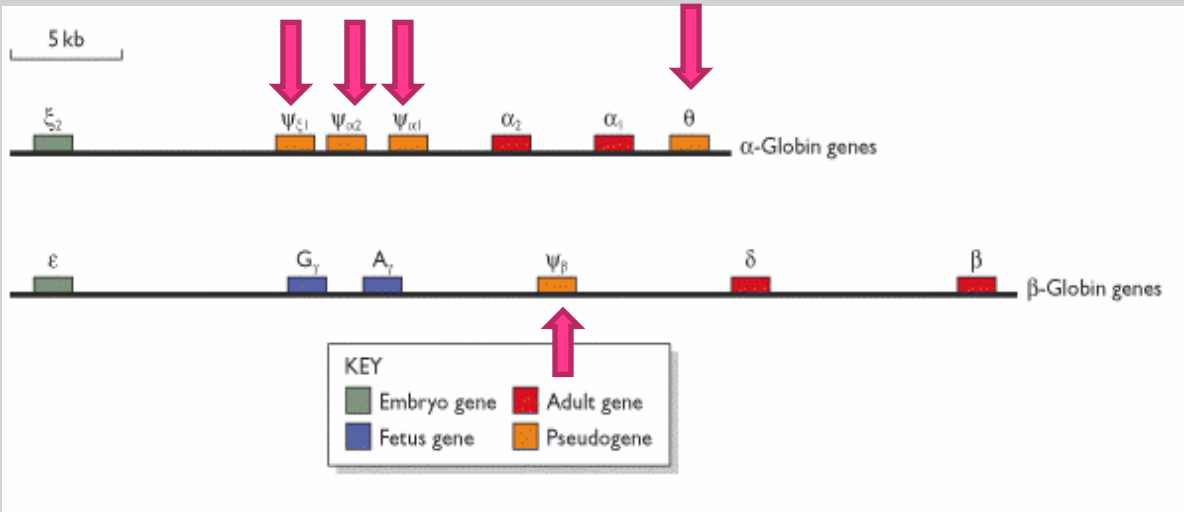
Yeni Genlerin Kazanılması

Yeni genlerin genoma kazandırılmasında iki yol vardır;

✓Genomdaki bazı genlerin ya da bütün genlerin duplikasyonu

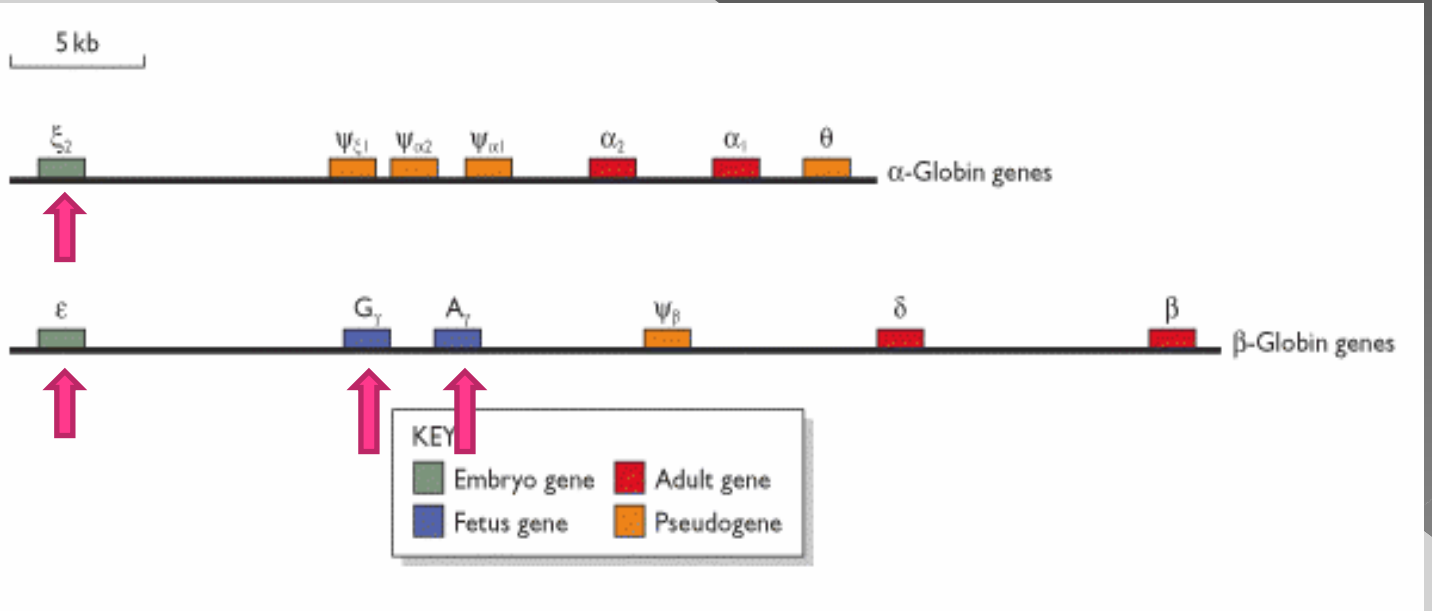
✓Diğer türlerden genlerin kazanılması

1.DUPLİKASYONLAR

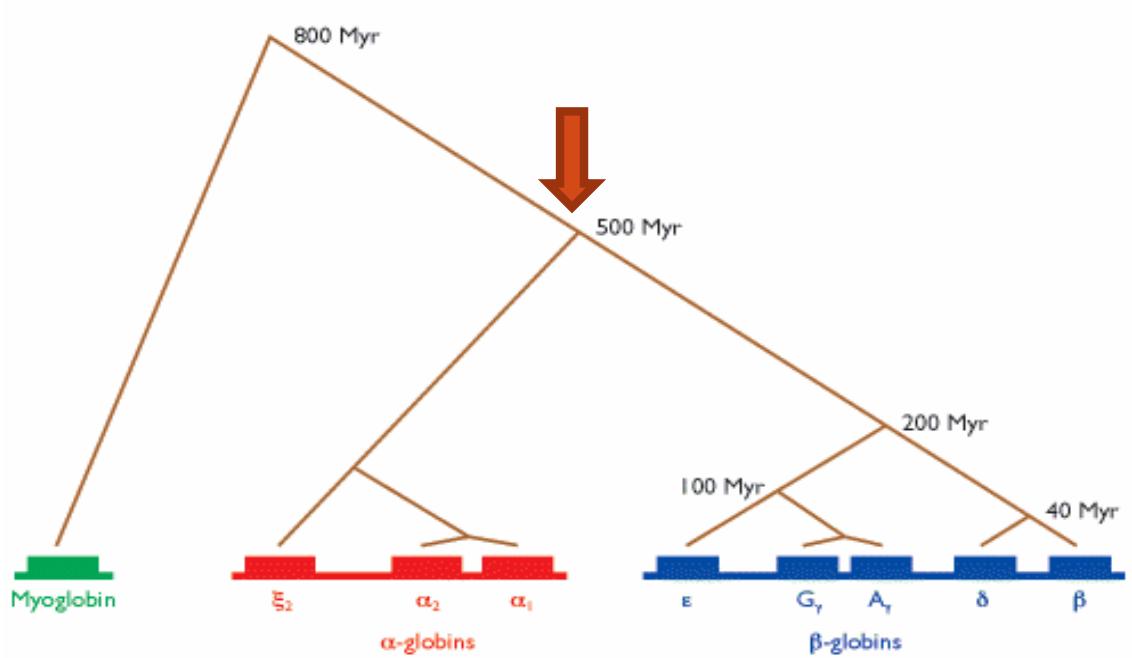


- Duplikasyonla kazanılan genler,zararlı mutasyonların onları inaktive etmesiyle **pseudogen** haline gelmişlerdir.
- **α- ve β-globin** gen ailesindeki pseudogenlerin dizisi analiz edildiğinde,inaktive edici mutasyonlar; kodlama yapan bölgelerde,başlangıç kodonunda ve daha az olmakla birlikte TATA kutusunda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

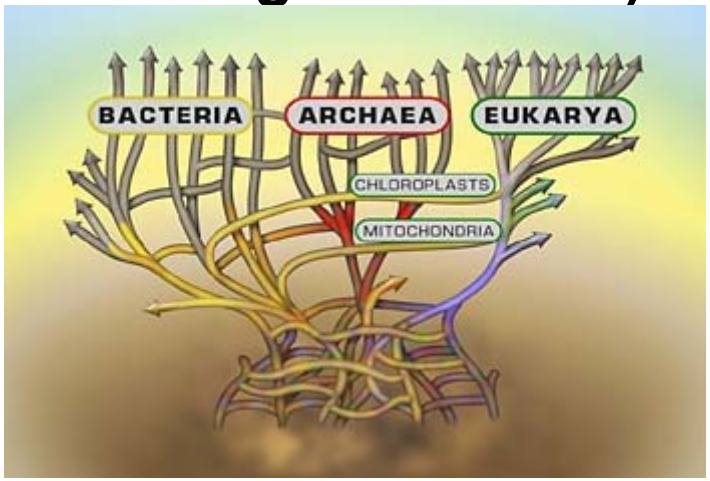


- α- ve β-globinler, 500 milyon yıl önce atasal globin geninden meydana gelmişlerdir.



Globin gen ailesinde evrim süresince meydana gelen gen duplikasyonları

2.Diğer Türlerden Yeni Genlerin Kazanılması (Lateral gentransferi)

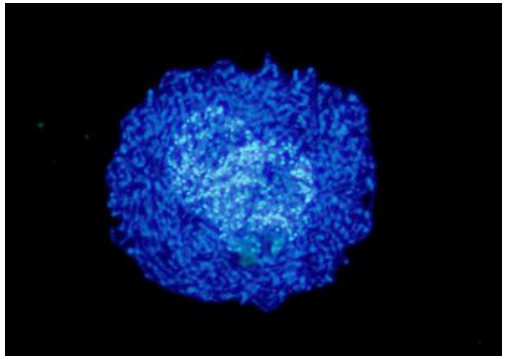


•Bakteriyal ve arkeal genom karşılaştırıldığında lateral gen transferinin, prokaryotik genomun evriminde önemli bir yeri olduğunu göstermiştir.

•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.

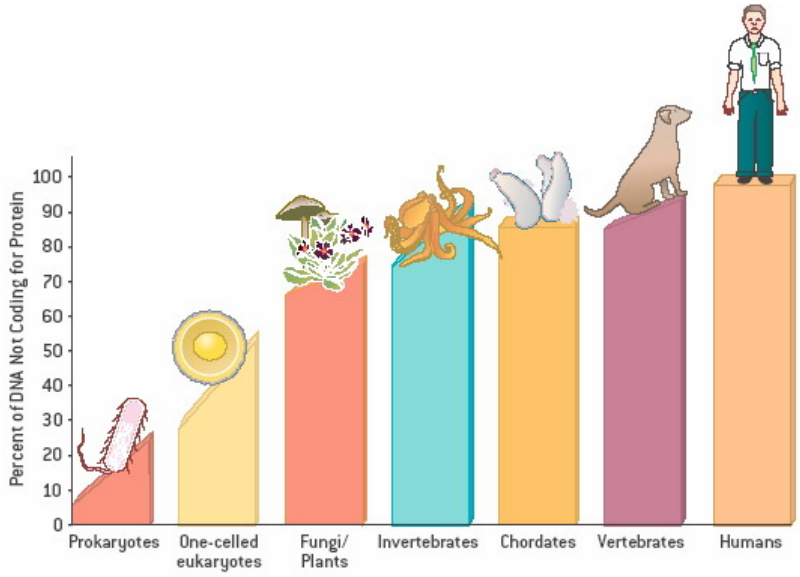


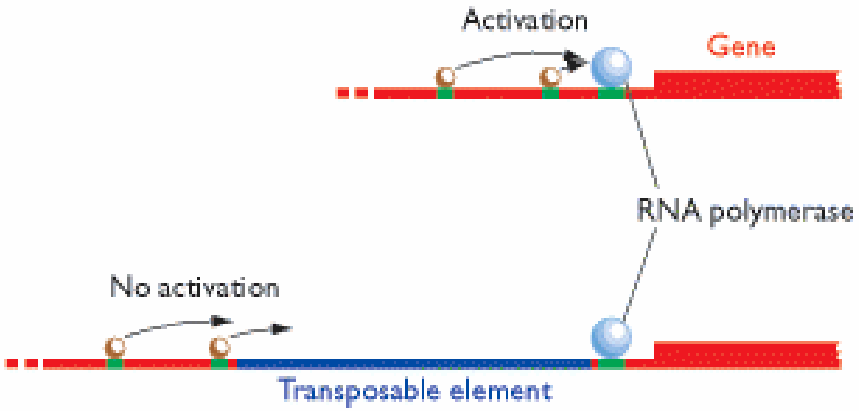
fig.cox.miami.edu/.../gene/noncoding.genes.jpg

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)

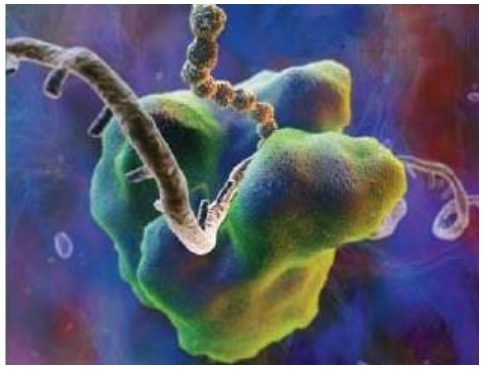
İngiltere'nin Bath Üniversitesi araştırmacılarından

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.

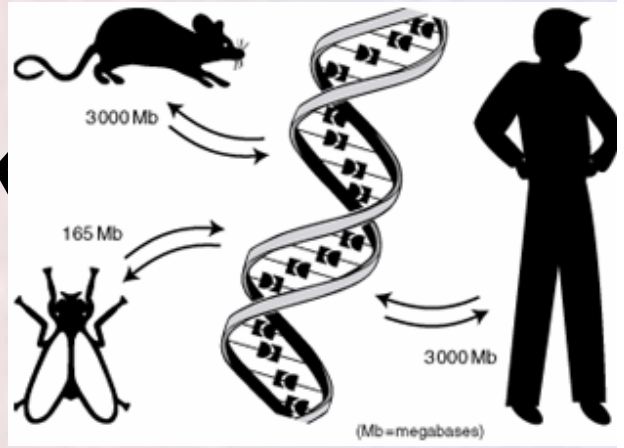
Protein evriminin iki yaygın tipi vardır;

- 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.

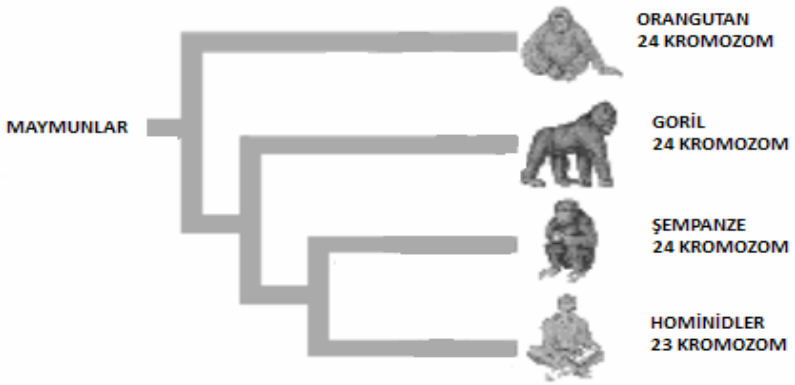
Karşılaştırmalı Genomik



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

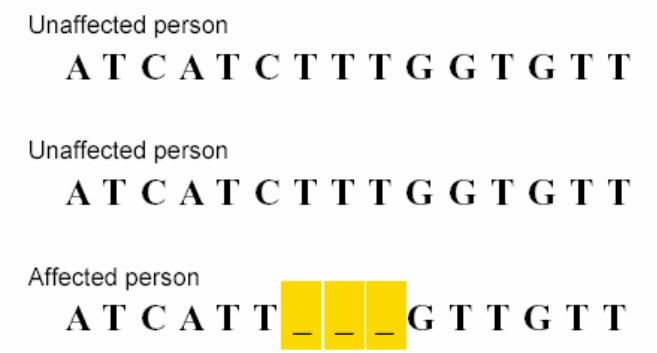
olduğunu söyleriz.

- 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*, phosphatidylinosital 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.

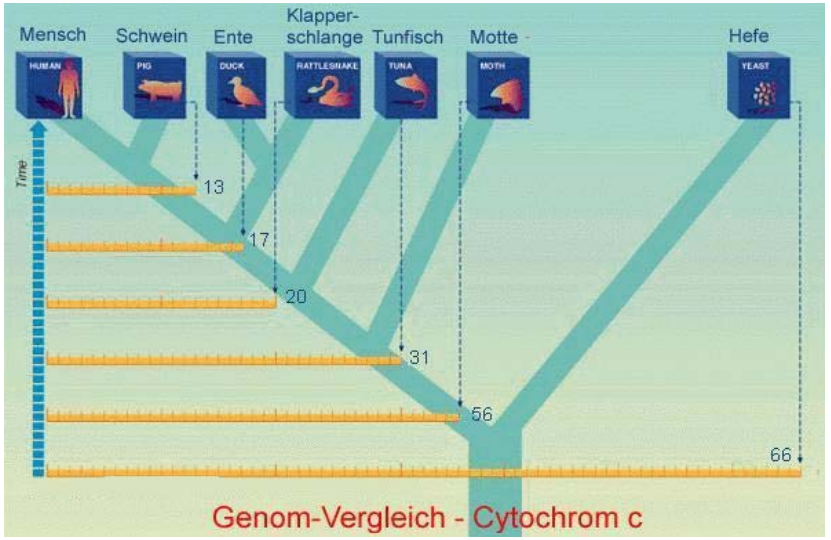


Şekilde gösterilen örnek *cystic fibrosis* ile ilgili bir gen dizisinin, CLUSTAL programından yararlanılarak karşılaştırılmasını göstermektedir.

- 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

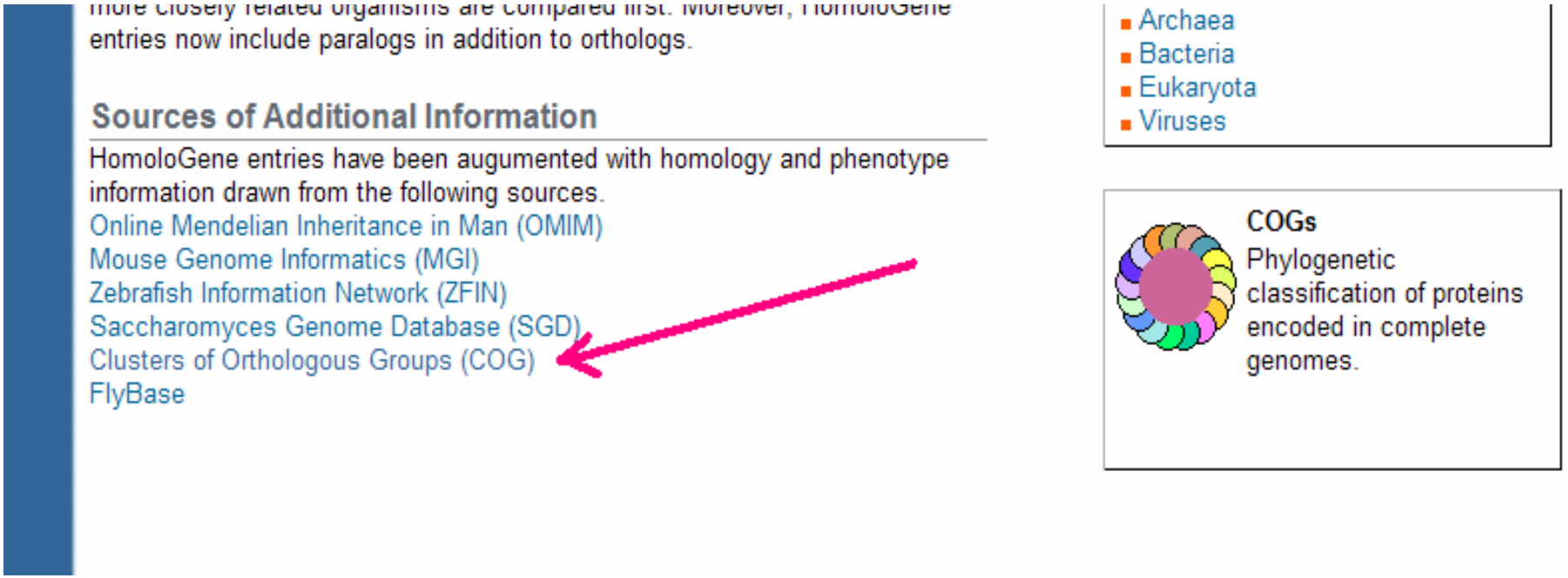
- **Tree of Life** http://phylogeny.arizona.edu/tree/phylogeny.html
- **TreeBASE** http://www.treebase.org
- **Phylogeny Programs** http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html
- **NCBI Taxonomy Database** http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/
- **PhyloBLAST** http://www.pathogenomics.bc.ca/phyloBLAST/
- **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

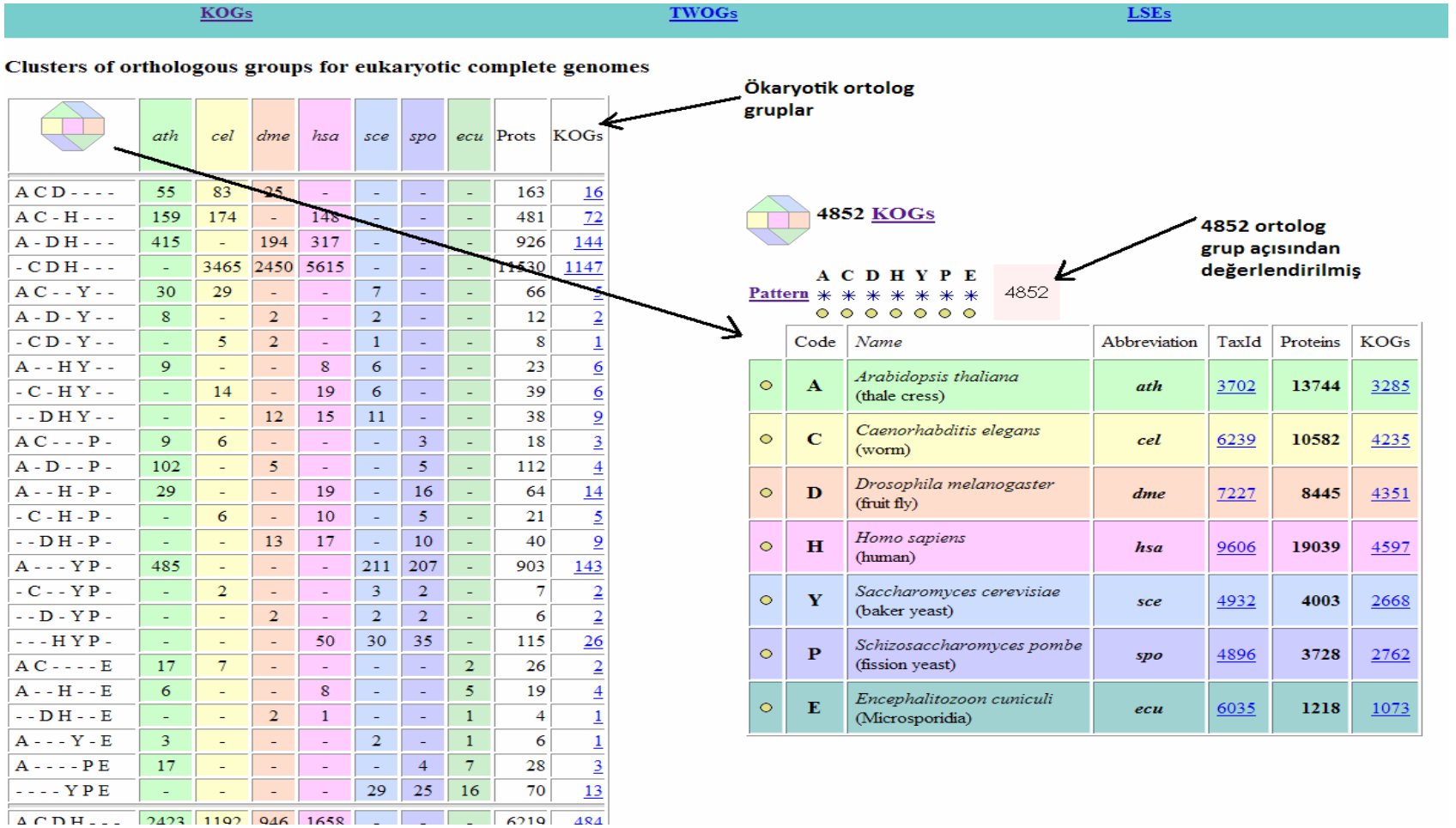
- **PHYLIP**
  http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html
- **Treeview**
  http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/treeview.html
- **Seaview**
  http://pbil.univ-lyon1.fr/software/seaview.html
- **Genedoc**
  http://www.psc.edu/biomed/genedoc/
- **ClustalX**
  http://www-igbmc.u-strasbg.fr/BioInfo/ClustalX/Top.html

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	-	-	-	11530	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 - - -	2423	1192	946	1658	-	-	-	6219	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

AC-H---

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]	KOG0353 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 Prote
AC-H---	5	[K]	KOG2578 Trans
AC-H---	6	[P]	KOG2601 Iron
AC-H---	5	[S]	KOG2610 Uncha
AC-H---	6	[V]	KOG2622 Putat
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 Pre
AC-H---	3	[H]	KOG3307 Mo:
AC-H---	5	[F]	KOG3367 Hyp
AC-H---	10	[S]	KOG3371 Unc
AC-H---	3	[K]	KOG3390 Ger
AC-H---	4	[S]	KOG3395 Unc
AC-H---	3	[S]	KOG3402 Pre
AC-H---	4	[S]	KOG3483 Unc
AC-H---	5	[S]	KOG3491 Pre
AC-H---	21	[V]	KOG4160 BP:
AC-H---	40	[O]	KOG4185 Pre
AC-H---	6	[S]	KOG4192 Unc
AC-H---	4	[I]	KOG4231 Int
AC-H---	3	[R]	KOG4245 Predicted metal-dependent hydrolase of the TIM-barrel fold
AC-H---	3	[R]	KOG4246 Predicted DNA-binding protein, contains SAP domain

Total 72 ortolog grup var.

Gösterilen herbir harf,ilgili ortolog proteinin fonksiyonunu belirtmektedir.

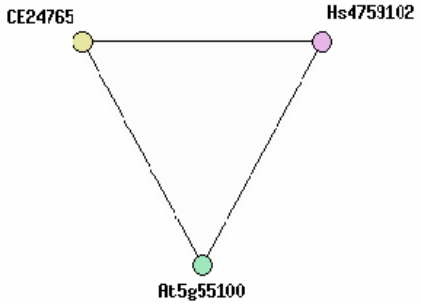
R: İlgili olduğu düşünülen ,tahmini fonksiyonu
Q:Sekonder metabolit biyosentezi ,transport ve katabolizma
T:Sinyal transdüksiyon mekanizması ile ilgili gibi

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

KOGs TWOGs LSEs

AC-H--- A KOG1847 mRNA splicing factor

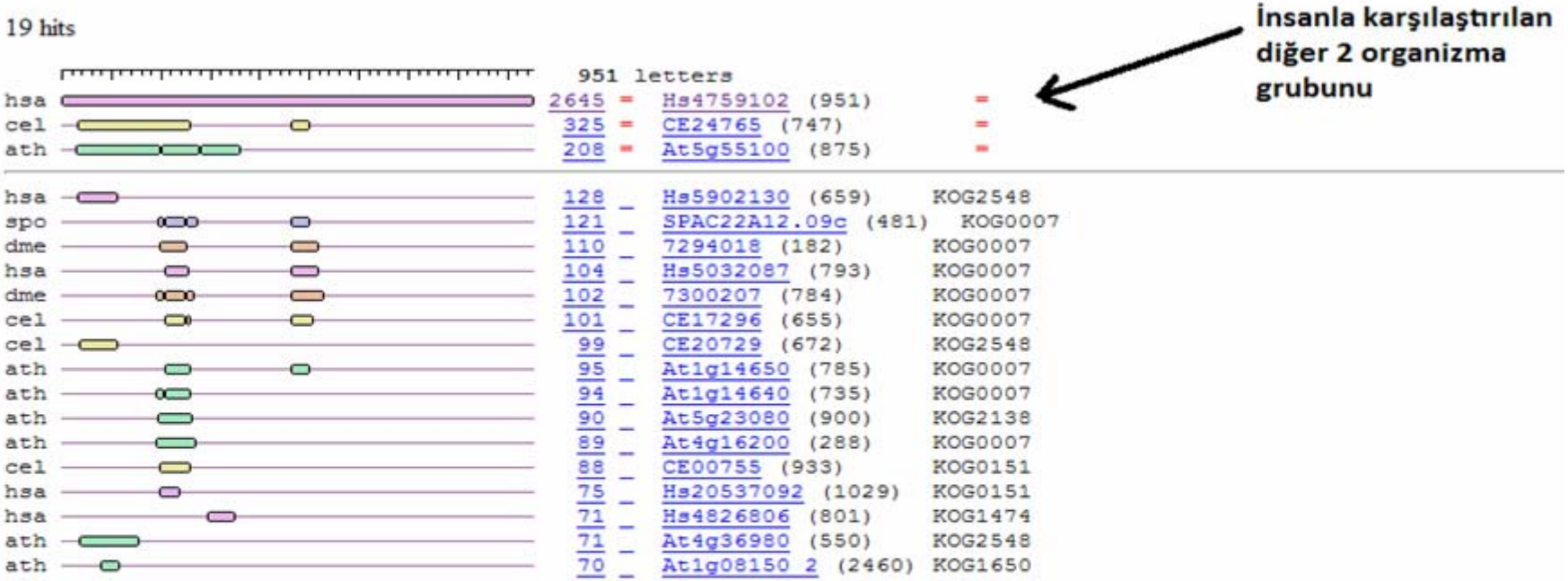
Arabidopsis thaliana	*Caenorhabditis elegans*	*Drosophila melanogaster*	*Homo sapiens*	*Sacchar. cerevisiae*	*Schizosac. pombe*	*Enceph. cuniculi*
At5g55100	CE24765	-	Hs4759102	-	-	-



- Ayrıca insanda bulunan bu proteinle ilgili olarak;

3 proteins	A	KOG1847	mRNA splicing factor

19 hits



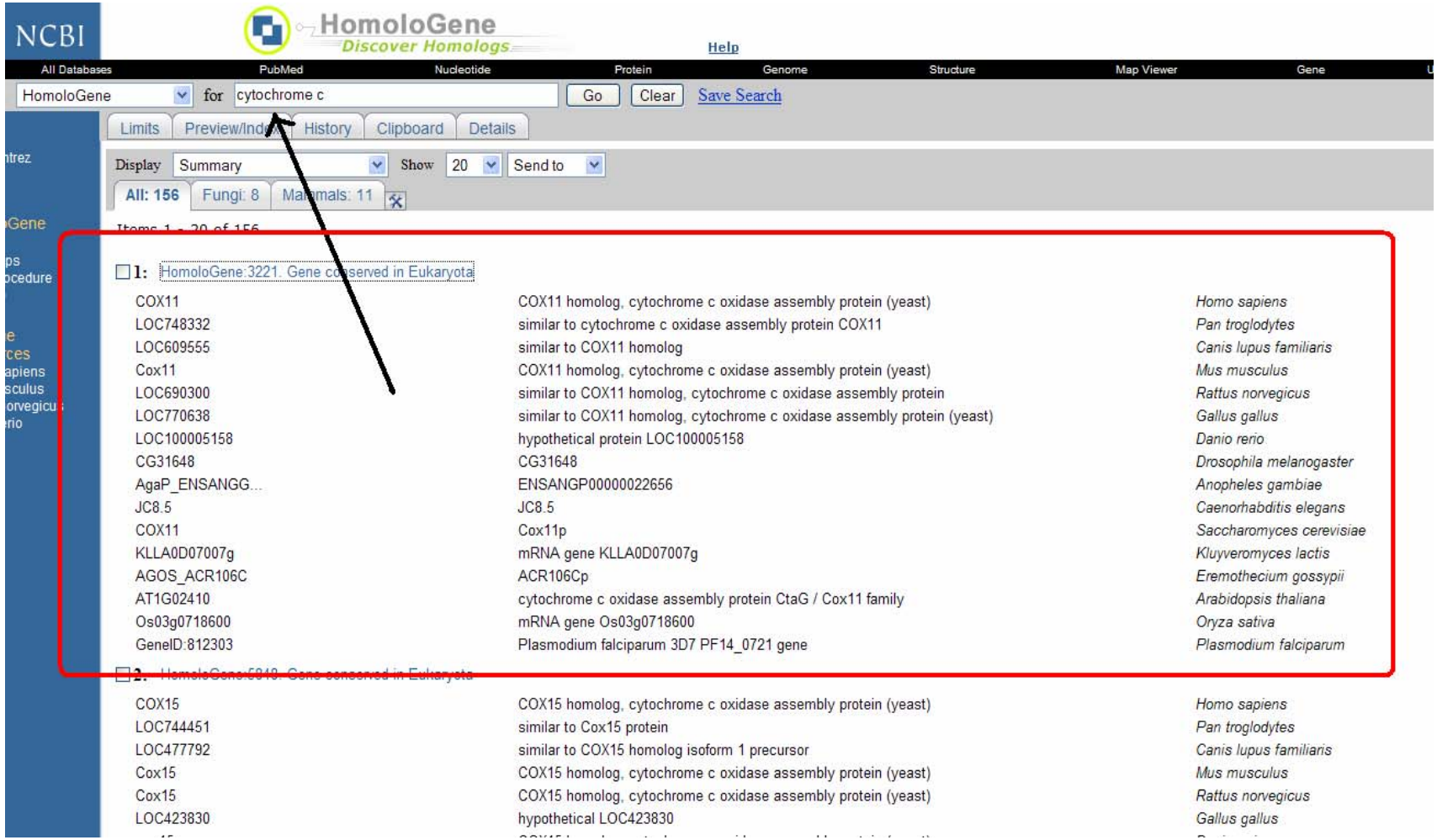
İnsanla karşılaştırılan diğer 2 organizma grubunu

```
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
```

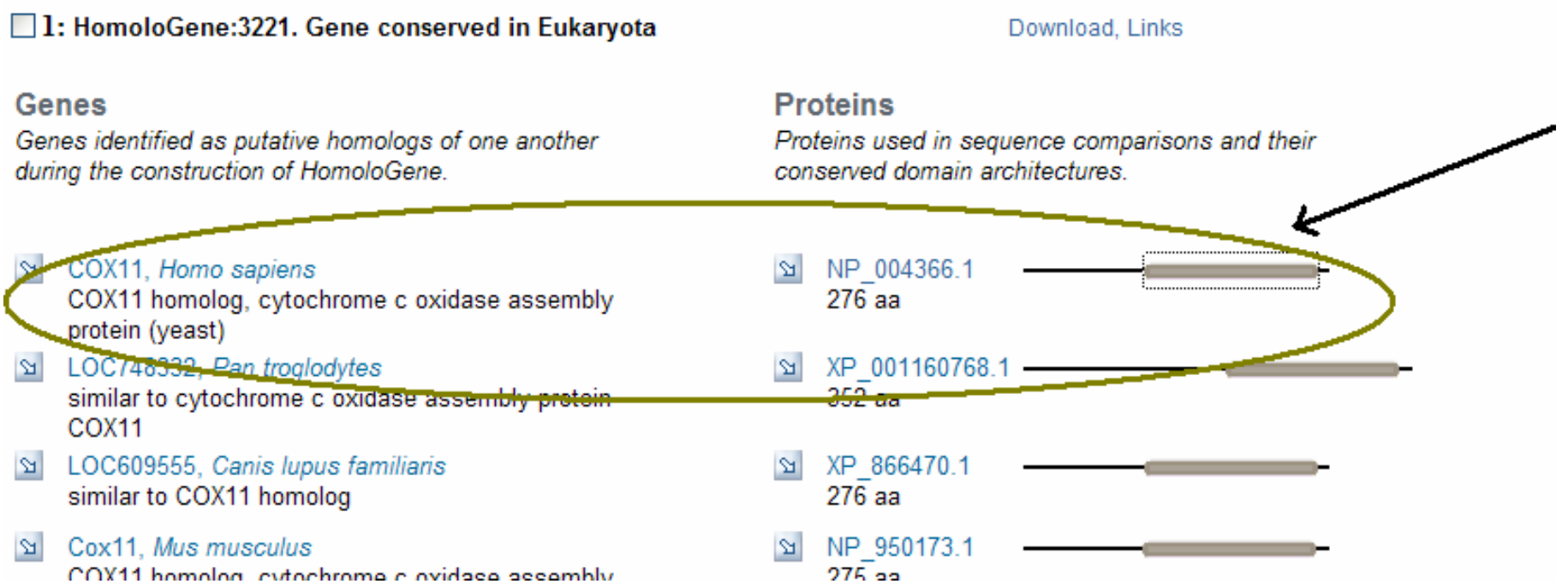
UYGULAMA 1

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

COG3175 PRK05089

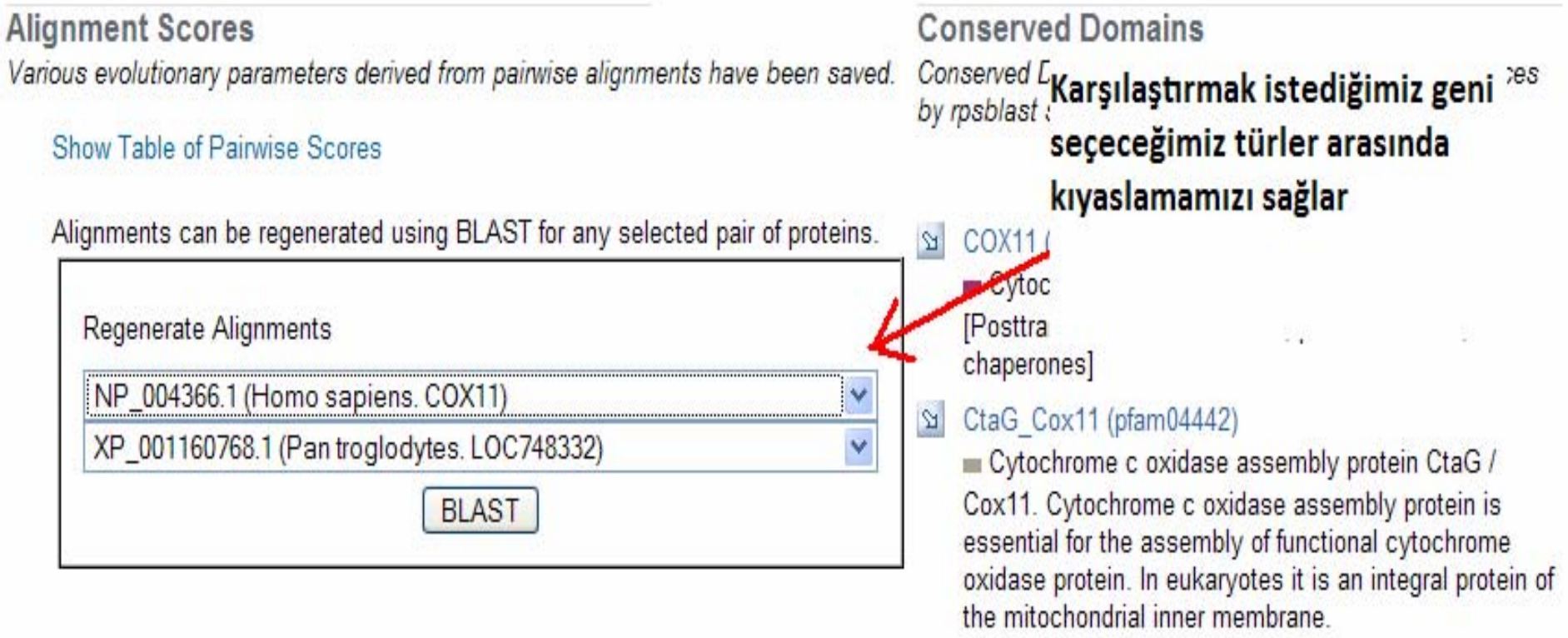
Sequence Alignment

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 AVPLYRTFCQATGYGGTVQRKETVEEKIarhsesgtVT-EREIVVQFNADVADGMQWKFTPTQREVRVKPGESALAFYTA 118
gi 8134373   26 SVPLYRIFCQVTGFGGTTQVADLESDIltl---kdeQQeNRIITVRFNGDVSDTMPWKFHPIQQEIKVMVGETALAFYSA 102
gi 74623708 567 AVPLYRLFCSKTGYGGTLNTDQSRMnaer----mvpRKdNKRIRVTFNGDVAGNLSWKLWPQQREIYVLPGETALGFYTA 642
gi 1706080  103 AVPLYRAICARTGFGGIPITDRRKFtddk----lipVDtEKRIRISFTSEVSQILPWKFVPQQREVYVLPGETALAFYKA 178
gi 6225199   27 SVPIYNLFCKVTGYGGTTIKETVSVYSK--------VKgTKAIIIEFDANVDPNLPWHFIPRQKRVQIVPGQNTLVFYEA 98
gi 81534316  26 SVPLYKLFCQVTGFDGTVRRAEVA-PTRv---------lDRKITVRFDANIR-ELPWRFQALQPKQDIRIGDTGLTFFKV 94
gi 23813879  32 AVPLYKMFCQATGYGGTTQRVEKQYAGRv---------lDREITVRFDANIA-GVPWEFQPVQRSMTMKIGETVQAHYQA 101
gi 8134374   47 AVPFYNWFCRATGFNGTTQVATAAPa---------tGPiARKIAVRFDSNVAPGLPWKFEPEQSEIEVNIGQVTTVFYTV 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 ENKSSAPITGVSTYNVTPMKAGVYFNKIQCFCFEEQRLLPGEQIDMPVFFYIDPEFETDprmdgINNLILSYTFFKV 195
gi 8134373  103 ENPTDSSIIGISTYNVNPQQAGIYFNKIQCFCFEEQRLKPHETIDMPVFFFIDPAILDDpkmsdIDSITLSYTFFNV 179
gi 74623708 643 ENTSDHDIVGVATYNIVPGQAAVYFSKVACFCFEEQKLDAHEKVDLPVFFFIDPEFADDpnmkdIDDILLSYTFFEA 719
gi 1706080  179 KNYSDKDIIGMATYSIAPGEAAQYFNKIQCFCFEEQKLAAGEEIDMPVFFFIDPDFASDpamrnIDDIILHYTFFRA 255
gi 6225199   99 ENLSNKDIIGTSTYNVTPNKAGKYFVKIHCFCFEEQLLKAREKVLMPVTFYIDNDFERDpemenIKVITLSYSFFKI 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

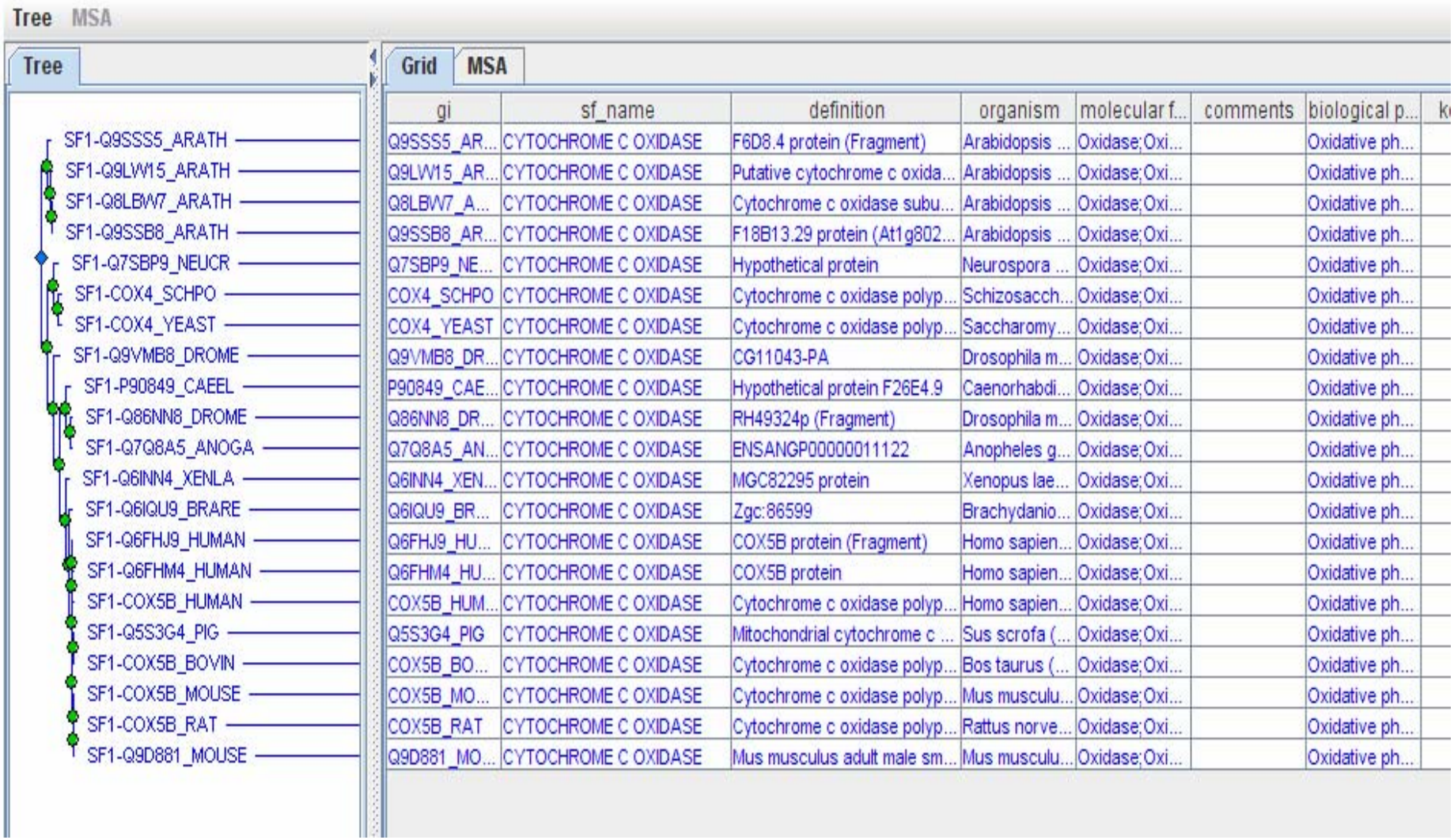
clr all	Family ID	Family Name	Training Sequence	PANTHER Molecular Function	PANTHER Biological Process	Pathway
1.	PTHR10122	CYTOCHROME C OXIDASE	21	Oxidase	Oxidative phosphorylation	-
2.	PTHR10122:SF1	CYTOCHROME C OXIDASE	21	Oxidase	Oxidative phosphorylation	-
3.	PTHR10134	UBIQUINOL-CYTOCHROME C REDUCTASE IRON-SULFUR SUBUNIT-RELATED	29		phorylation	-
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

Bu protein ailesini inceleyelim.

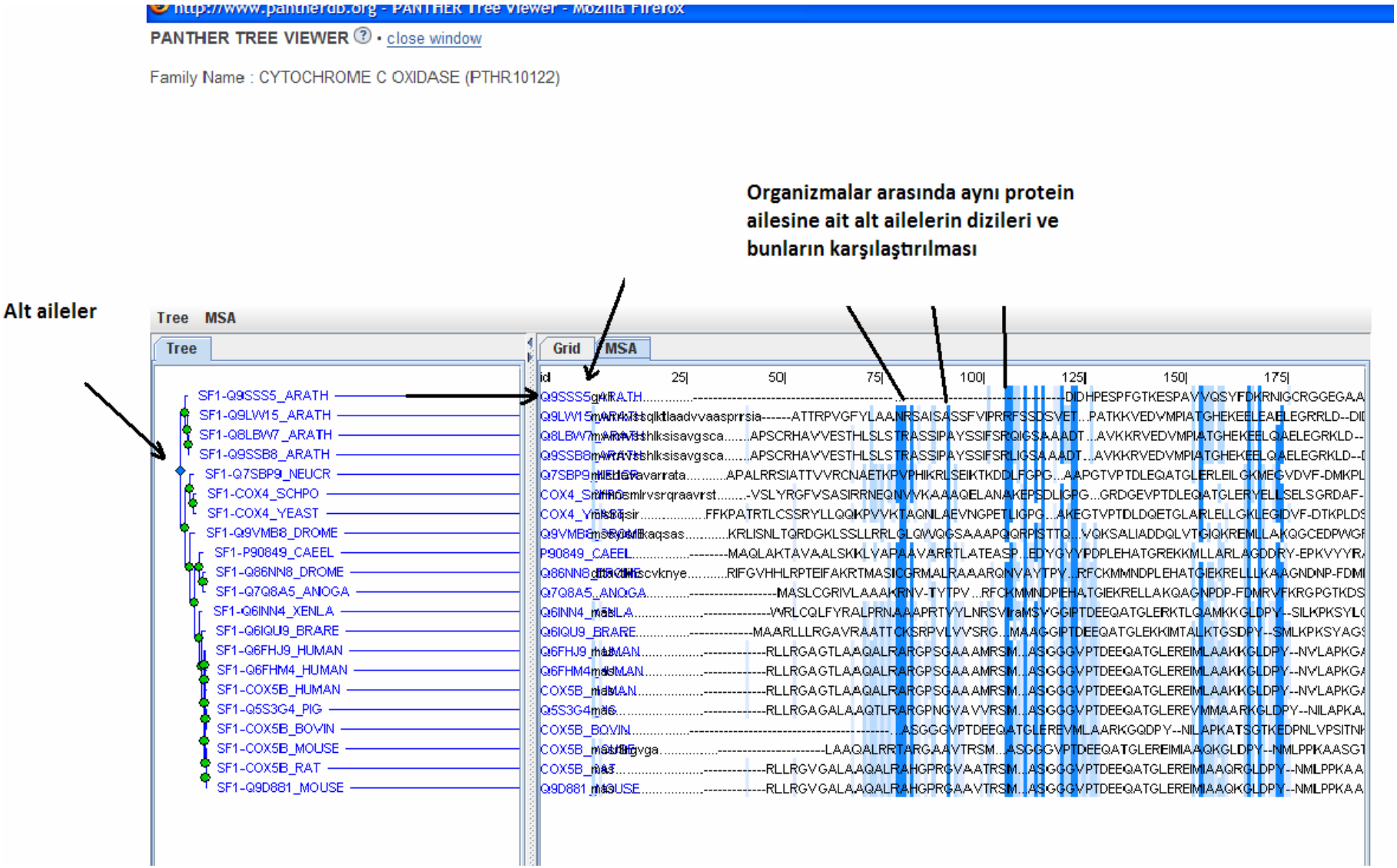
PANTHER FAMILY INFORMATION

Family:	CYTOCHROME C OXIDASE (PTHR10122)
Subfamilies:	1
PANTHER Links:	Tree MSA
Abstract:	Cyt[illegible]hro[illegible] meric enzymatic complex [illegible] ry chain complex and is involve[illegible] ochrome c to oxygen [PMID:63[illegible] omplex is located in the mitochon[illegible] aryotes it is found in the plasn 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.



gi	sf_name	definition	organism	molecular f...	comments	biological p...	k
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	F18B13.29 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...	


http://www.pantherdb.org - PANTHER Tree Viewer - Mozilla Firefox
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-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

Phylogenetically Inferred Groups

What are PhlGs?

PhlGs 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 PhlGs

Why are PhlGs 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 PhlGs created?

PhlGs 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 PhlGs was developed, or to request data sets, please contact Paramvir Dehal at psdehal@lbl.gov

PhlGs

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

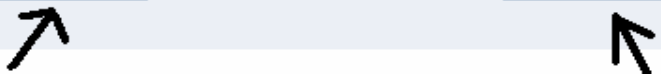
All data will be available for download from our ftp server soon.

Help & Documentation

Also coming soon.

Search

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



PhIGs Home

Database PhIGs4 Source Human Mouse Chimp Rat Dog Chicken Frog Zebrafish Tetraodon Fugu

Search cytochrome

Fields ☑ name ☑ description ☑ externalDesc

Clusters? ☑

Submit

Found 1221 matches

Cluster Id	Gene Id	Name	Description
441	8854	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).

DİNLEDİĞİNİZ İÇİN TEŞEKKÜRLER…

HAZIRLAYANLAR

- SİMGE GÖKÇE ÖRSÇELİK
- SELÇUK ERDEM
- HİKMET ÇELİK
- MUSTAFA ÇİÇEK
- SERHAT ÖZCAN
- GÜLŞEN UZ

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**