

# Polar Bears: Demographic History

Project advisor: German Demidov

## Комментарий от руководителя

Большое спасибо Павлу Добрынину и Михаилу Райко за ценные советы в процессе работы над проектом.

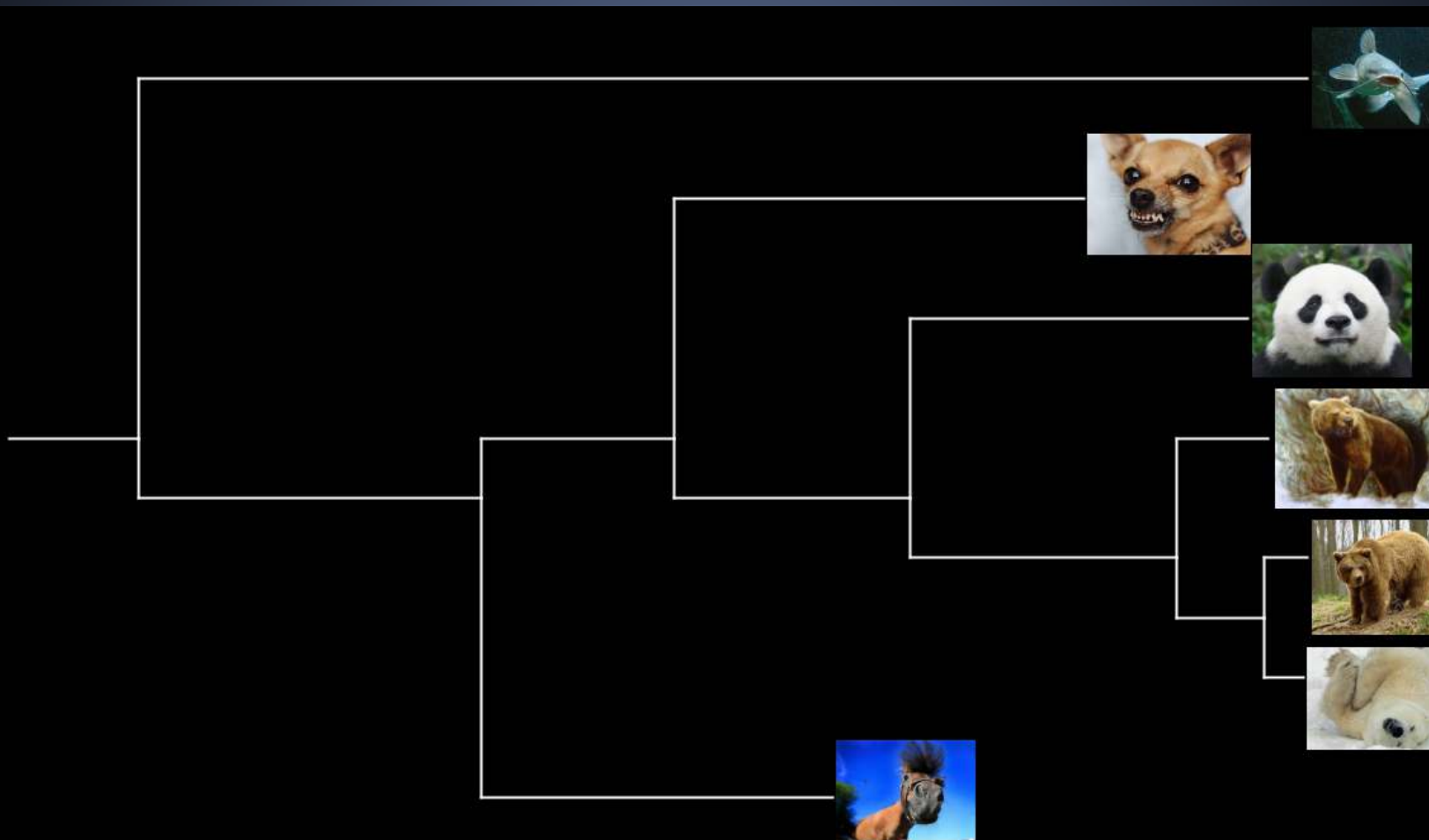
# 1. Divergence Time

Кузьмич Софья  
Гладышев Сергей

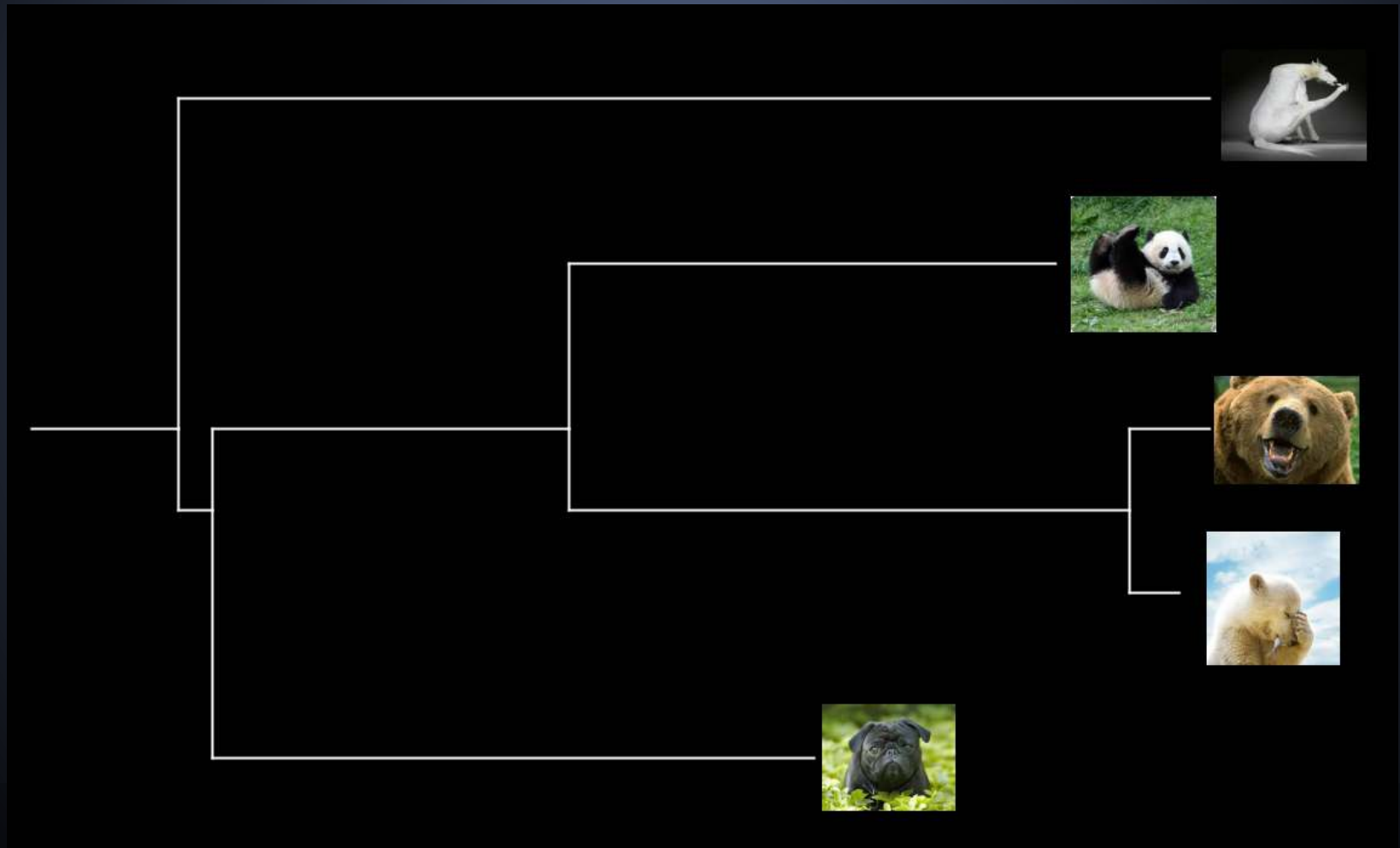


Задача: построить филогенетическое дерево, оценить время расхождения бурого и белого медведя

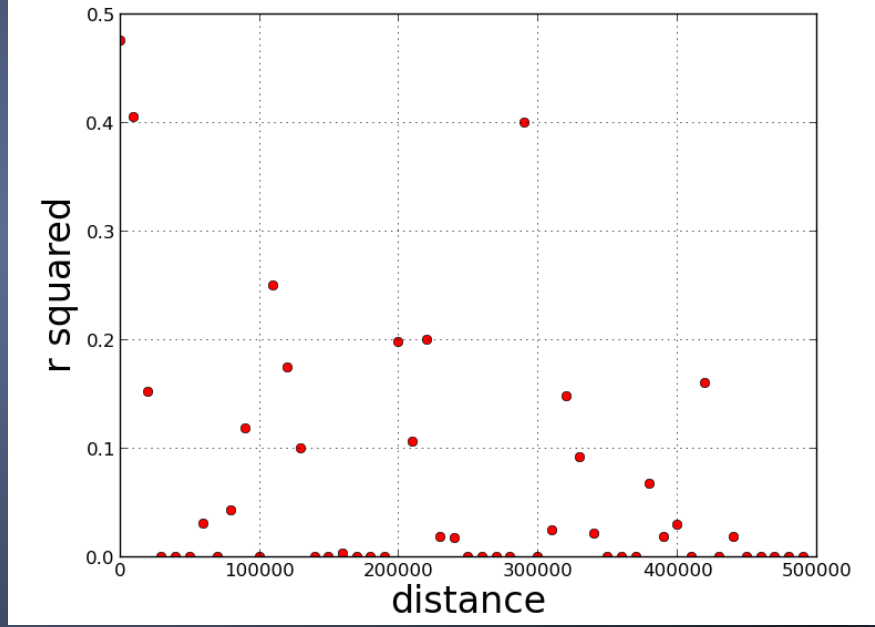
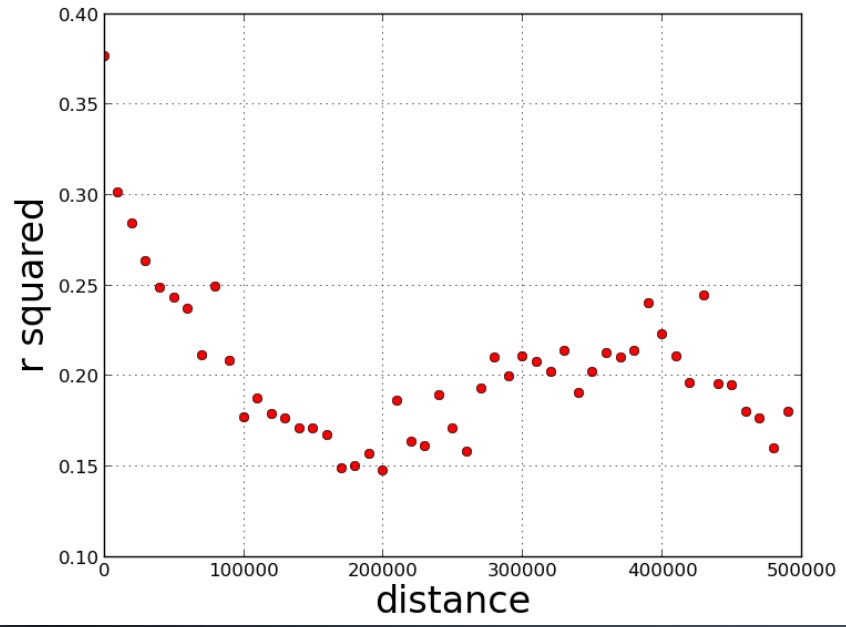
# Реконструкция филогенетического дерева по митохондриальной ДНК



# Реконструкция филогенетического дерева по митохондриальным белкам



# 2. Population Diversity, Structure, Linkage Disequilibrium



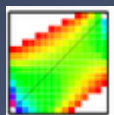
# 3. Demographic history

*Задача:*

Алексей Алехин  
Александр Ракитько  
Илария Тарасова

С помощью *dad* построить модель,  
описывающую данные по разделению  
популяций полярных медведей

### 3. Demographic history



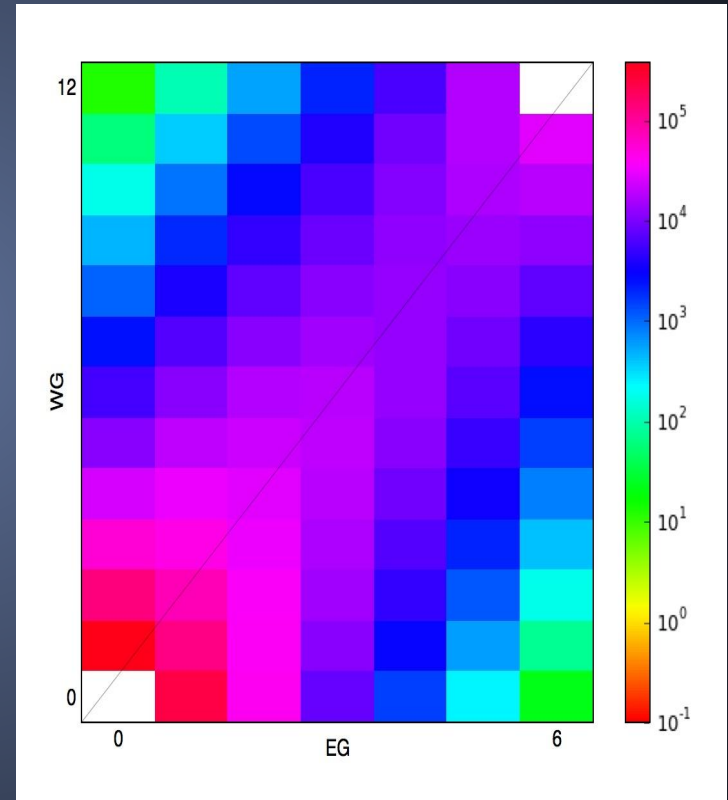
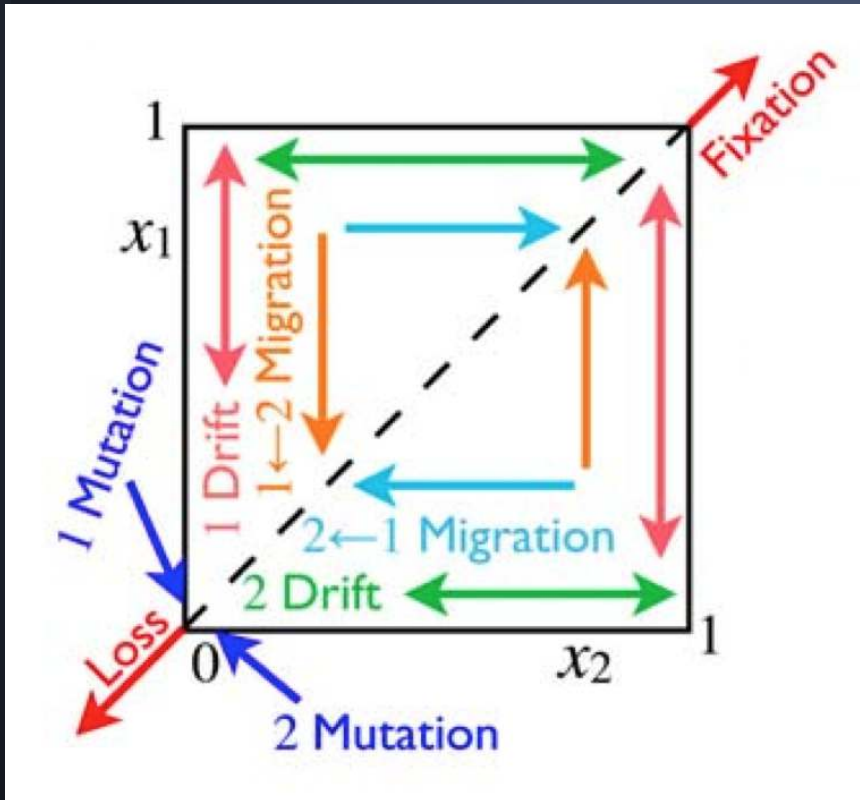
*dadi*

*Diffusion Approximation for Demographic Inference*

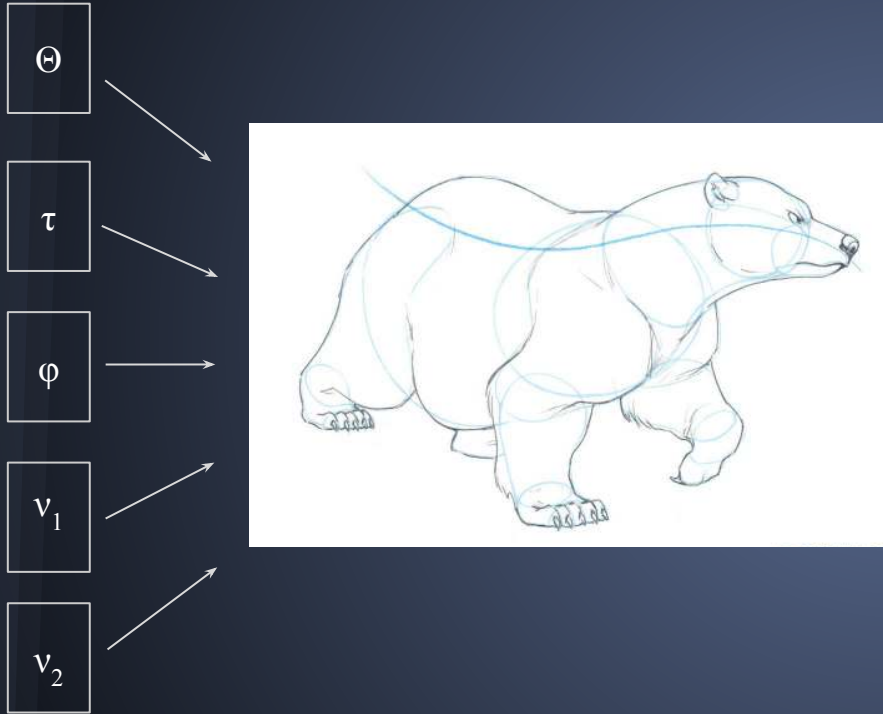
DADI - гибкая и многофункциональная библиотека для python, позволяющая моделировать частотный спектр генетических вариаций нескольких популяций



# 3. Demographic history



# 3. Demographic history



$\approx$



# 4. Gene Flow and Introgression

Кружилин Василий  
Дубинкина Вероника

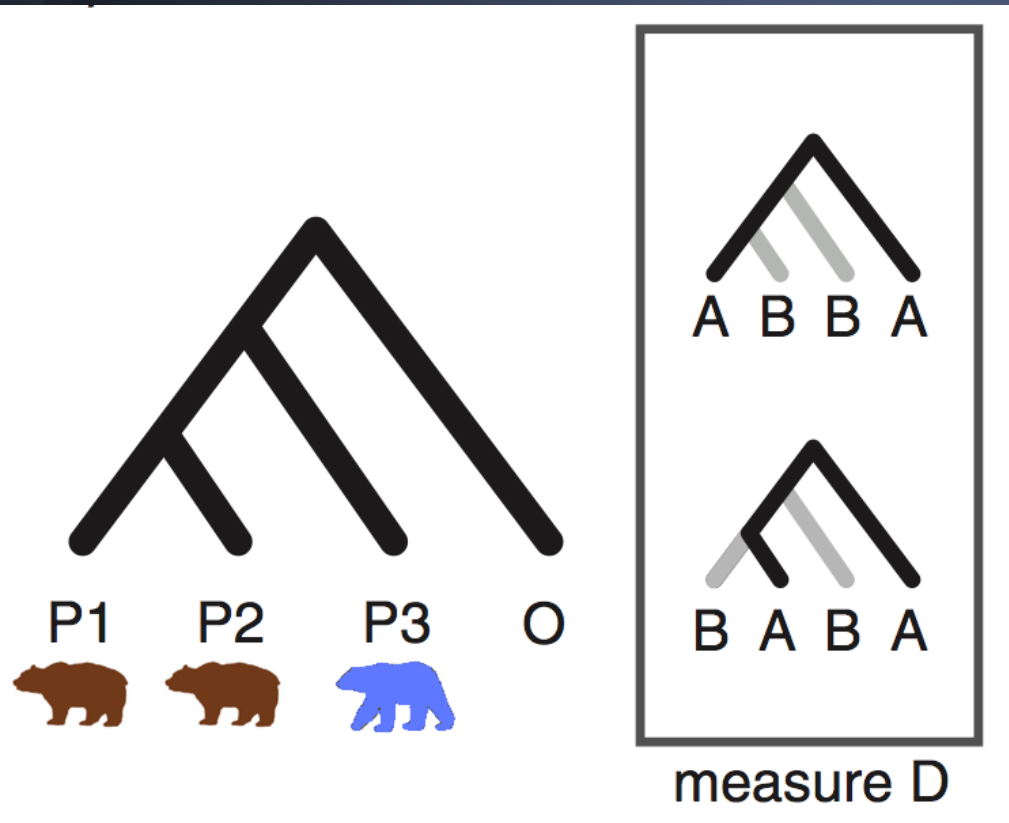
*Задача:*

проверить гипотезу  
переноса генов между  
различными  
популяциями бурых  
и белых медведей  
с помощью  
D - статистики.



# 4. Gene Flow and Introgression

D-statistics (ABBA/BABA-test):



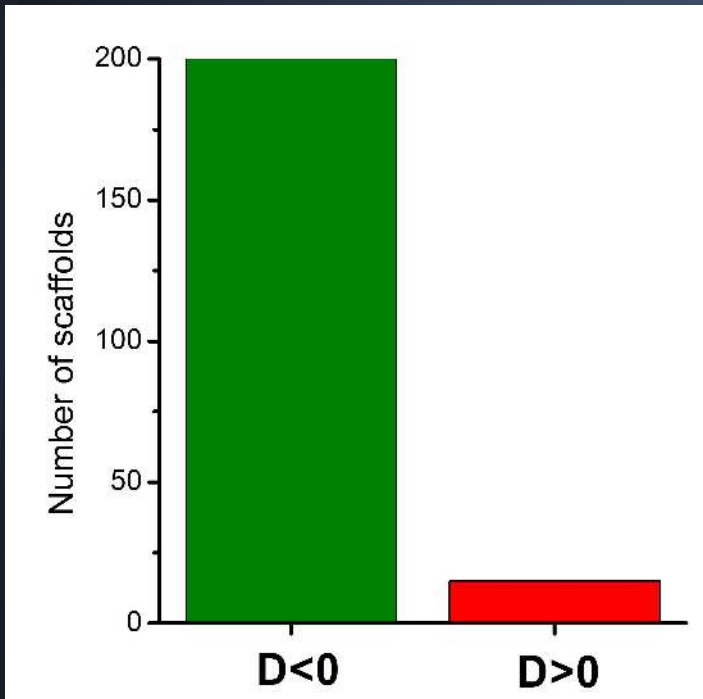
$$D = \frac{\sum_{site} (C_{ABBA} - C_{BABA})}{\sum_{site} (C_{ABBA} + C_{BABA})}$$

# 4. Gene Flow and Introgression

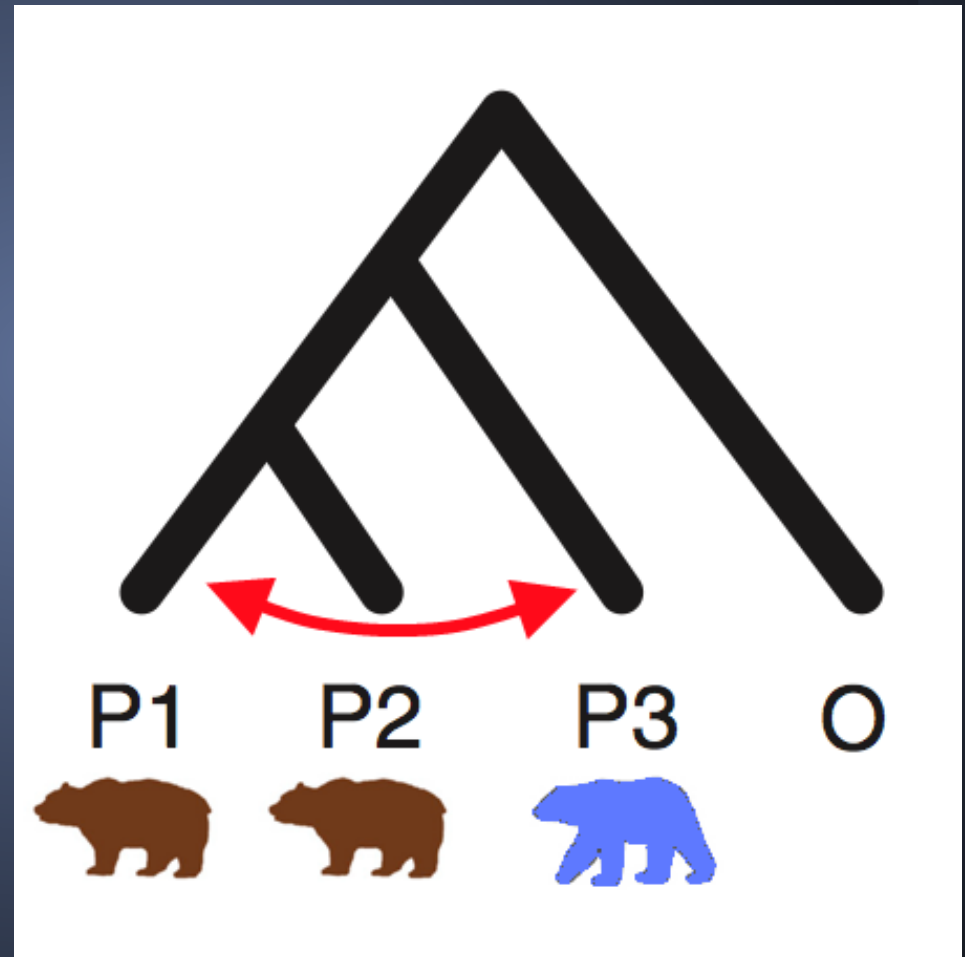
Обработка данных:

<b>chromo</b>	<b>position</b>	<b>anc</b>	<b>ABC01</b>	<b>ABC02</b>		<b>GP01</b>	
scaffold79	945	A	AA	AA		AA	
scaffold79	946	G	GG	GG		GG	
scaffold79	1660	G	AA	AG		AA	
scaffold79	1844	A	AA	AA		AG	
scaffold79	2469	G	GG	GG		GG	
scaffold79	2538	A	GG	GG		GG	
scaffold79	2564	A	AA	AA	...	AA	...
scaffold79	2669	C	TT	TT		TT	
scaffold79	2681	A	GG	AG		AG	
scaffold79	3062	C	CC	CC		CC	
scaffold79	3265	A	AA	AA		AA	

## 4. Gene Flow and Introgression



Биномиальный тест:  
 $p\text{-value} \ll 5\%$

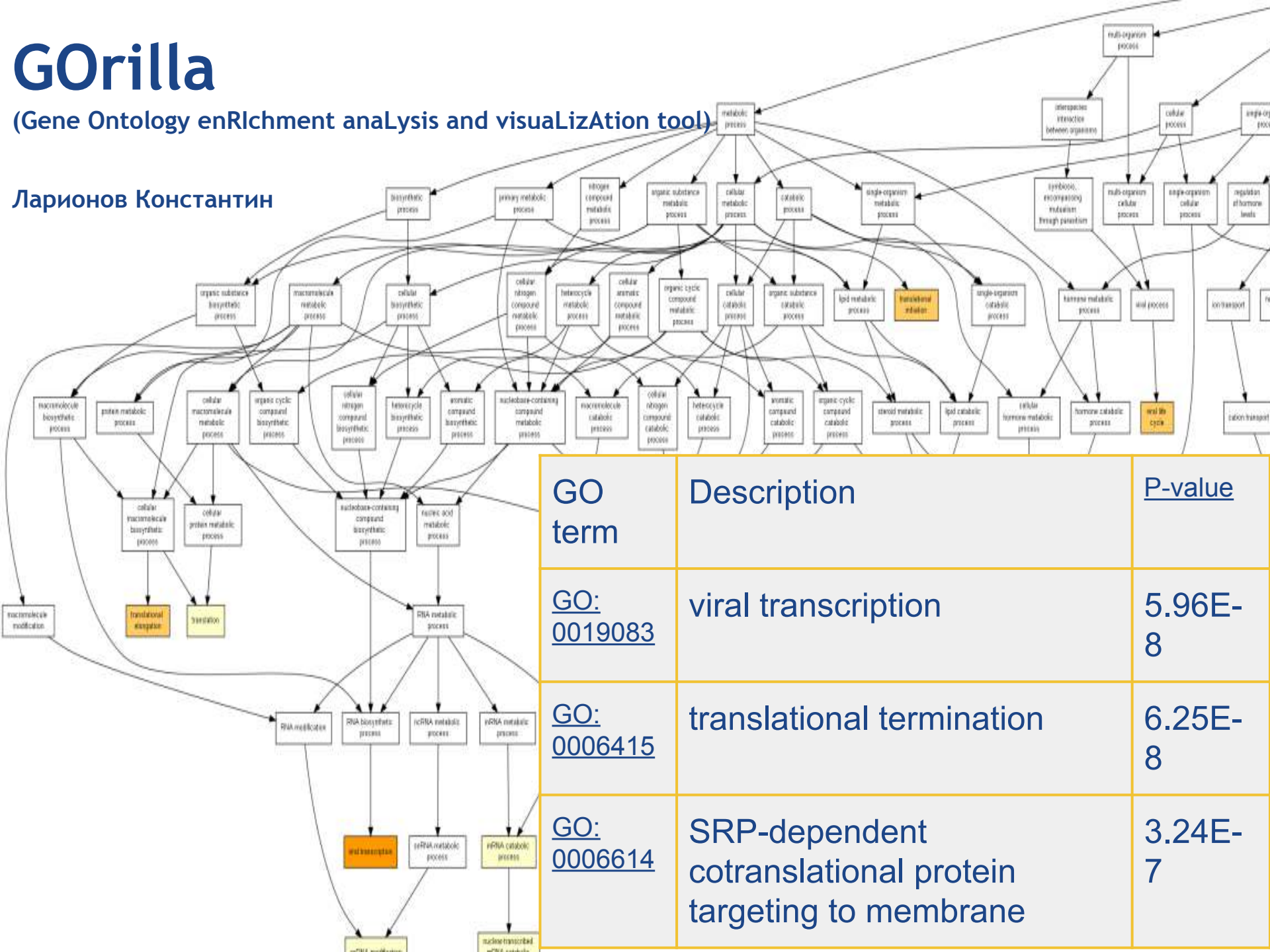




# GOrilla

(Gene Ontology enRiChment analysis and visualiZation tool)

Ларионов Константин



GO term	Description	P-value
<a href="#">GO:0019083</a>	viral transcription	5.96E-8
<a href="#">GO:0006415</a>	translational termination	6.25E-8
<a href="#">GO:0006614</a>	SRP-dependent cotranslational protein targeting to membrane	3.24E-7

# Common genes

(giant panda and polar bear)

Genes	Preferential place of expressing	Description
ABCC6	kidney	ATP-binding cassette, sub-family C, member 6
ALKP3	muscle	alpha-protein kinase 3-like
APOB	liver, small intestine, spleen	apolipoprotein B
ARID5B	larynx, uterus	AT rich interactive domain 5B (MRF1-like)
COL5A3	mammary gland, bone, PNS	collagen, type V, alpha 3
EHD3	kidney, lymph node, PNS	EH domain-containing protein 3-like
IPO4	small intestine	importin-4-like
LAMC3	tongue, small intestine, placenta	laminin subunit gamma-3-like
LYST	blood	lysosomal trafficking regulator
TTN	muscle	titin-like
VCL	soft tissue, bone, bone marrow	vinculin



# Positive selection in mitochondrial DNA



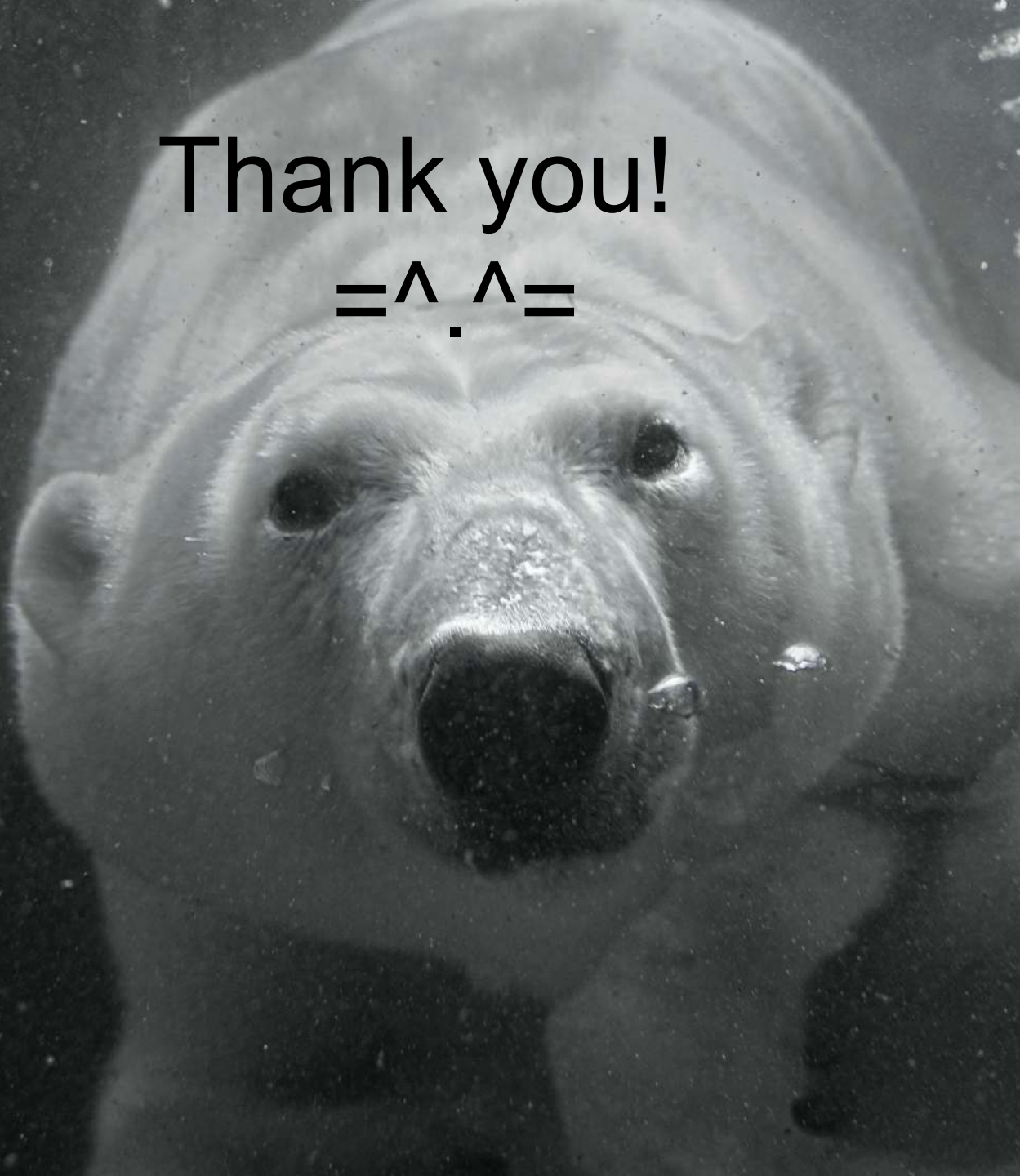
Method	Ka	Ks	Ka/Ks
NG	0.186179	0.158378	1.17554
LWL	0.192312	0.182772	1.0522
MLWL	0.223904	0.120566	1.85711
LPB	0.228125	0.118914	1.91841
MLPB	0.227728	0.119244	1.90977
GY-HKY	0.246562	0.107242	2.29912

A. melanoleuca and U. maritimus

*В митохондриальном геноме был положительный отбор!  
Инфа не 100% ☺*

Thank you!

=^\_^=



# 1. Divergence time (белки)

NADH dehydrogenase subunit 6  
cytochrome b  
NADH dehydrogenase subunit 5  
NADH dehydrogenase subunit 4  
NADH dehydrogenase subunit 4L  
NADH dehydrogenase subunit 3  
cytochrome c oxidase subunit III  
ATP synthase F0 subunit 6  
ATP synthase F0 subunit 8  
cytochrome c oxidase subunit II  
cytochrome c oxidase subunit I  
NADH dehydrogenase subunit 2  
NADH dehydrogenase subunit 1