

Изучение процессов потерь и
приобретений генов
у бактерий рода *Lactobacillus*

Косолапова Анастасия

Руководитель: Бондарева Ольга,

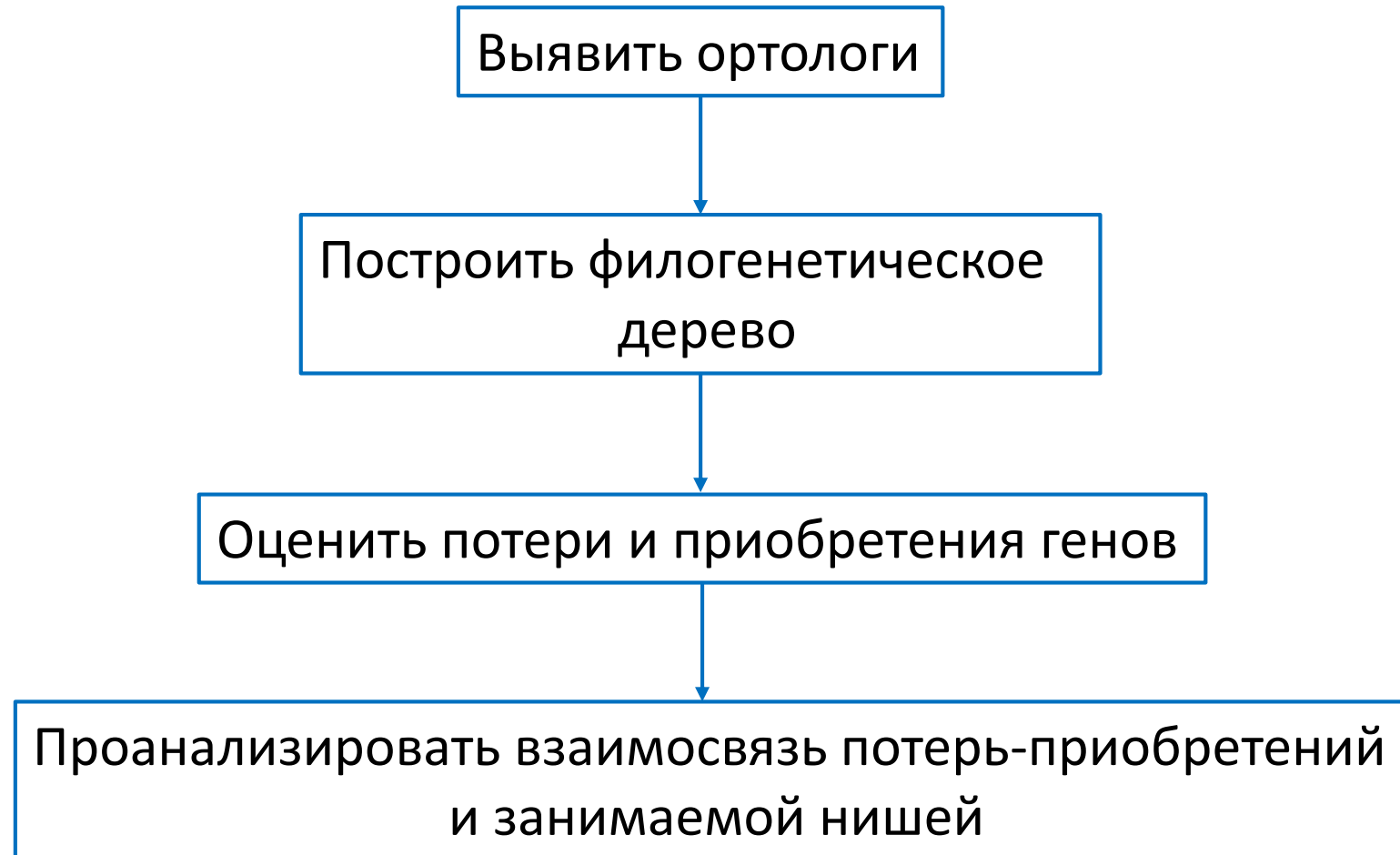
ЗИН РАН

Бактерии рода *Lactobacillus* могут занимать такие ниши как:



Количество генов:
от ~1,600 до ~3,000

Цель: изучить связь нишеспецифичности и состава геномов различных штаммов бактерий рода *Lactobacillus* , а также влияние нишеспецифичности на процесс потерь и приобретений генов.



Ход работы

- Подготовительный этап: скачены последовательности белков и CDS для 185 видов рода *Lactobacillus* (всего 1708 штаммов)
- Составлена таблица, отражающая ниши, занимаемые различными видами

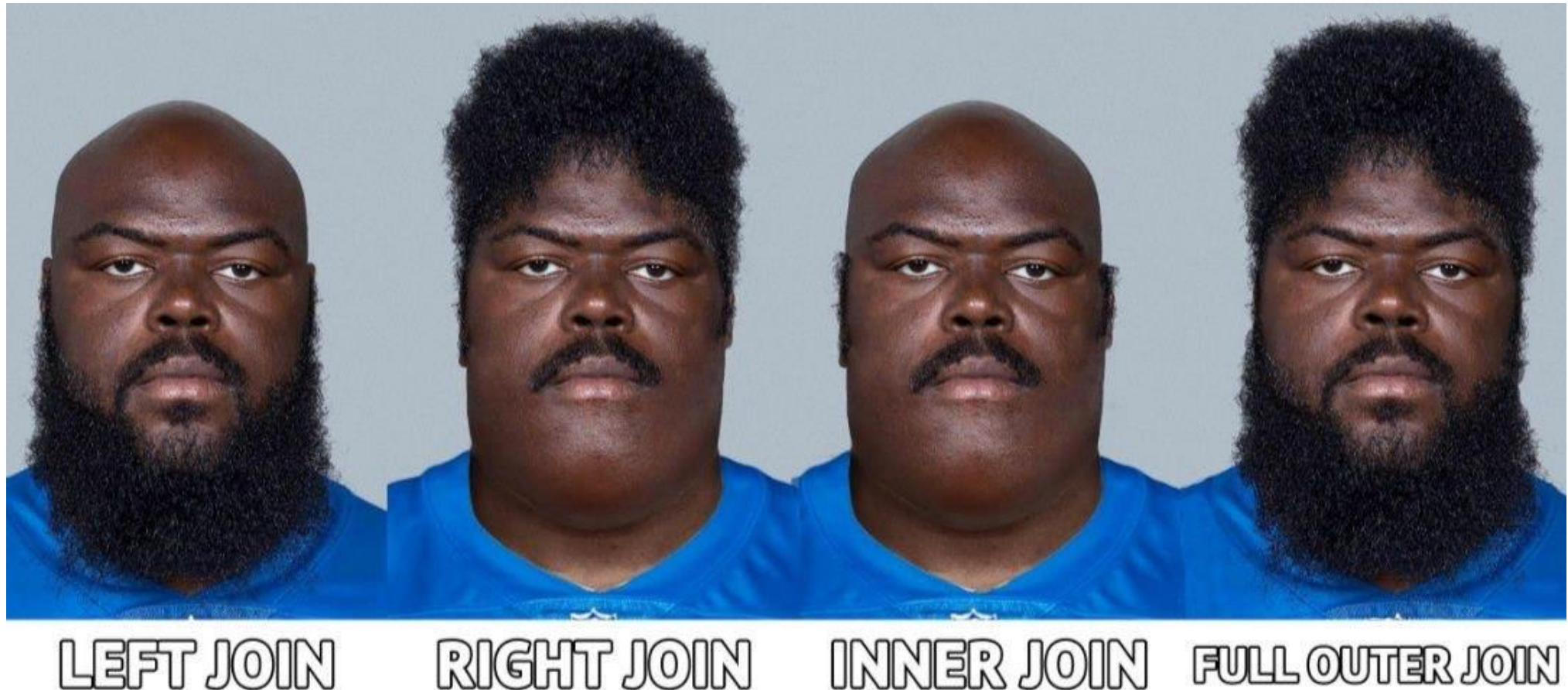
Species	Oral cavity	Gastrointestinal tract	Genital tract	Dairy products	Plant material	Meat	Other
Lactobacillus paracasei	Oral cavity	Gastrointestinal tract		Dairy products	Plant material		
Lactobacillus rhamnosus		Gastrointestinal tract	Genital tract	Dairy products			
Lactobacillus plantarum	Oral cavity	Gastrointestinal tract			Plant material		
Lactobacillus casei		Gastrointestinal tract	Genital tract	Dairy products	Plant material		
Lactobacillus delbrueckii				Dairy products	Plant material		
Lactobacillus iners			Genital tract				
Lactobacillus jensenii			Genital tract				
Lactobacillus crispatus	Oral cavity	Gastrointestinal tract	Genital tract				
Lactobacillus reuteri		Gastrointestinal tract					
Lactobacillus helveticus				Dairy products			
Lactobacillus fermentum	Oral cavity			Dairy products	Plant material		
Lactobacillus acidophilus	Oral cavity	Gastrointestinal tract	Genital tract	Dairy products			
Lactobacillus salivarius	Oral cavity	Gastrointestinal tract					
Lactobacillus gasseri		Gastrointestinal tract	Genital tract				
Lactobacillus johnsonii		Gastrointestinal tract					
Lactobacillus brevis	Oral cavity	Gastrointestinal tract			Plant material		
Lactobacillus ruminis		Gastrointestinal tract					
Lactobacillus buchneri					Plant material		
Lactobacillus sakei						Meat	
Lactobacillus amylovorus		Gastrointestinal tract			Plant material		
Lactobacillus casei					Plant material		

Поиск ортологов

- Поиск ортологов был выполнен при помощи **Proteinortho**

Поиск ортологов

- Поиск ортологов был выполнен при помощи **Proteinortho**
- Данные были объединены при помощи функции merge (R)

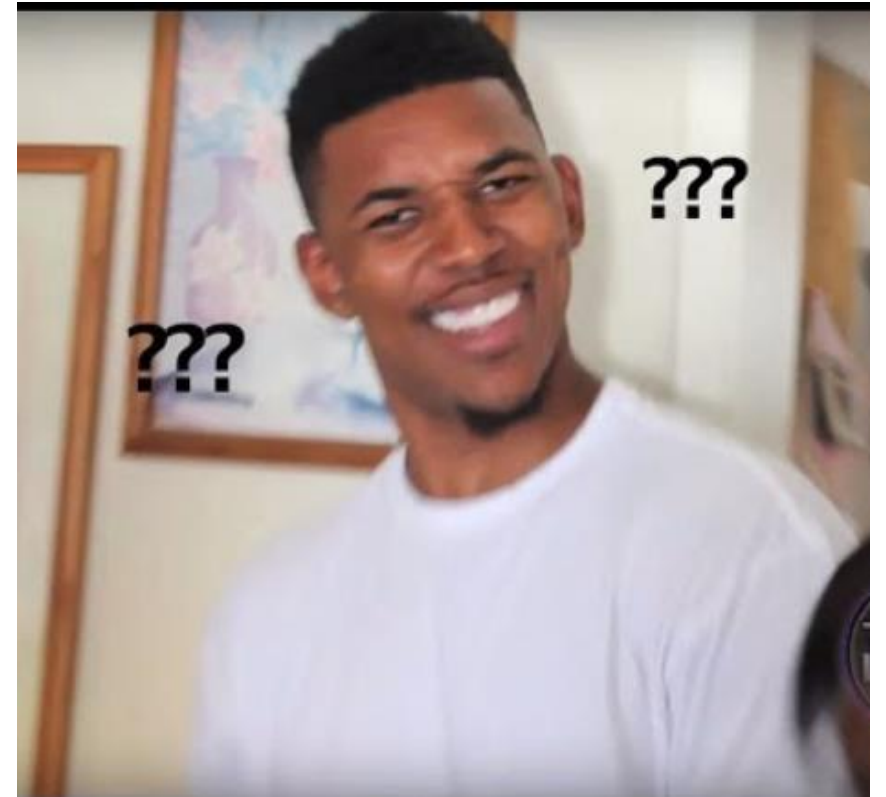


Построение дерева

- Для построения дерева были необходимы только полные ряды ортологов

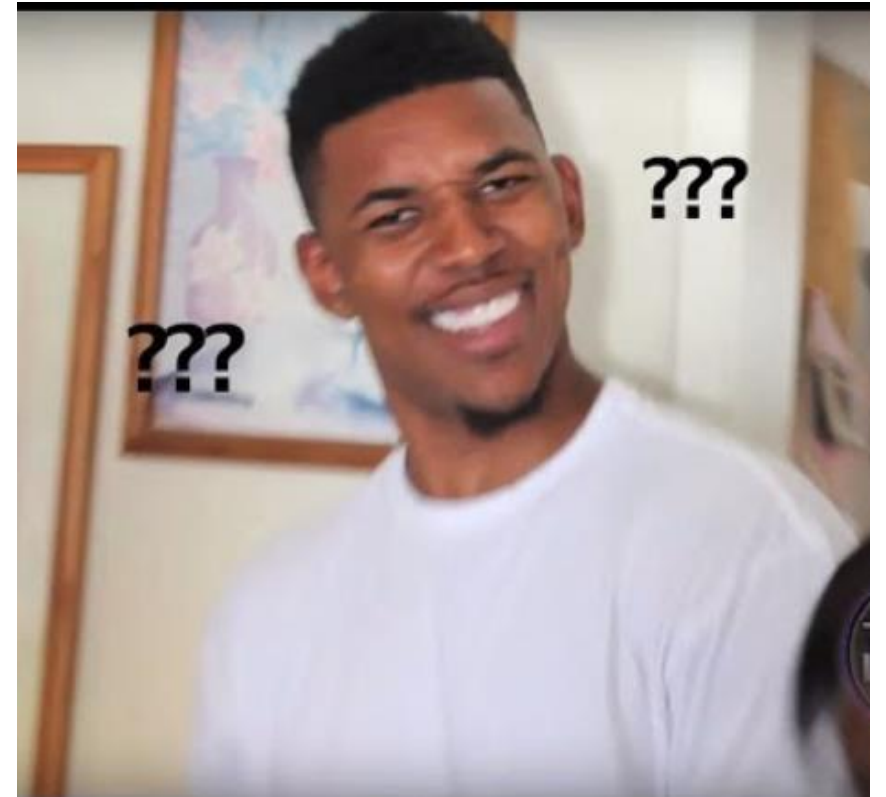
Построение дерева

- Для построения дерева были необходимы только полные ряды ортологов (которые не были выявлены)



Построение дерева

- Для построения дерева были необходимы только полные ряды ортологов (которые не были выявлены)
- Были отобраны ряды, имеющие минимальное количество пропусков и соответствующие консервативным генам



Построение дерева

- Последовательности, соответствующие одной ортогруппе, были выравнены между собой (MUSCLE)
- Выравненные последовательности были конкатенированы

>Seq11	>Seq21	→	>Organism1
.....		Seq11Seq21
>Seq12	>Seq22		>Organism2
.....		Seq12Seq22

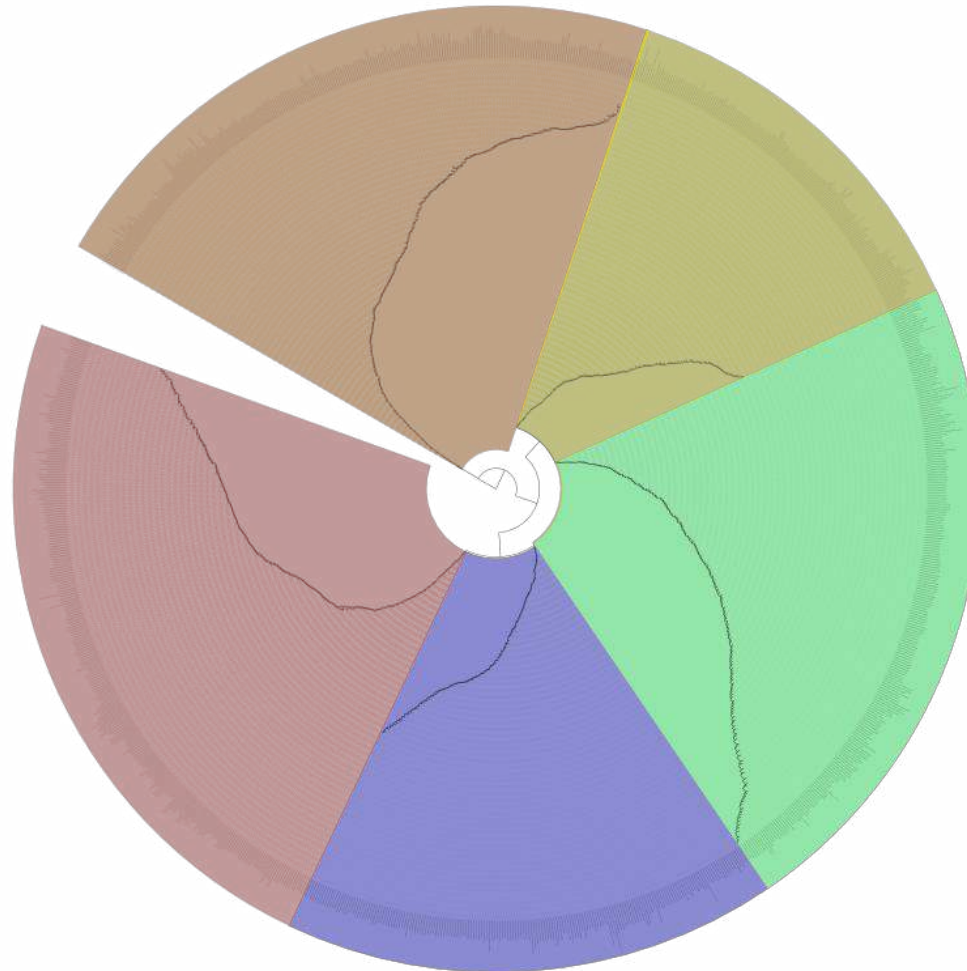
- Дерево было построено при помощи RAxML

КАКИЕ

НУКЛЕОТИДЫ?

Дерево, построенное на основании выравненных **белковых** последовательностей

Tree scale: 1



Заключение

Что получилось?

- Найти ортологи
- Выровнять и сконкатенировать последовательности
(аминокислотные вместо нуклеотидных)
- Построить филогенетическое дерево (не то)
- Подготовить данные для оценки потерь и приобретений в GLOOME

Спасибо за внимание!