



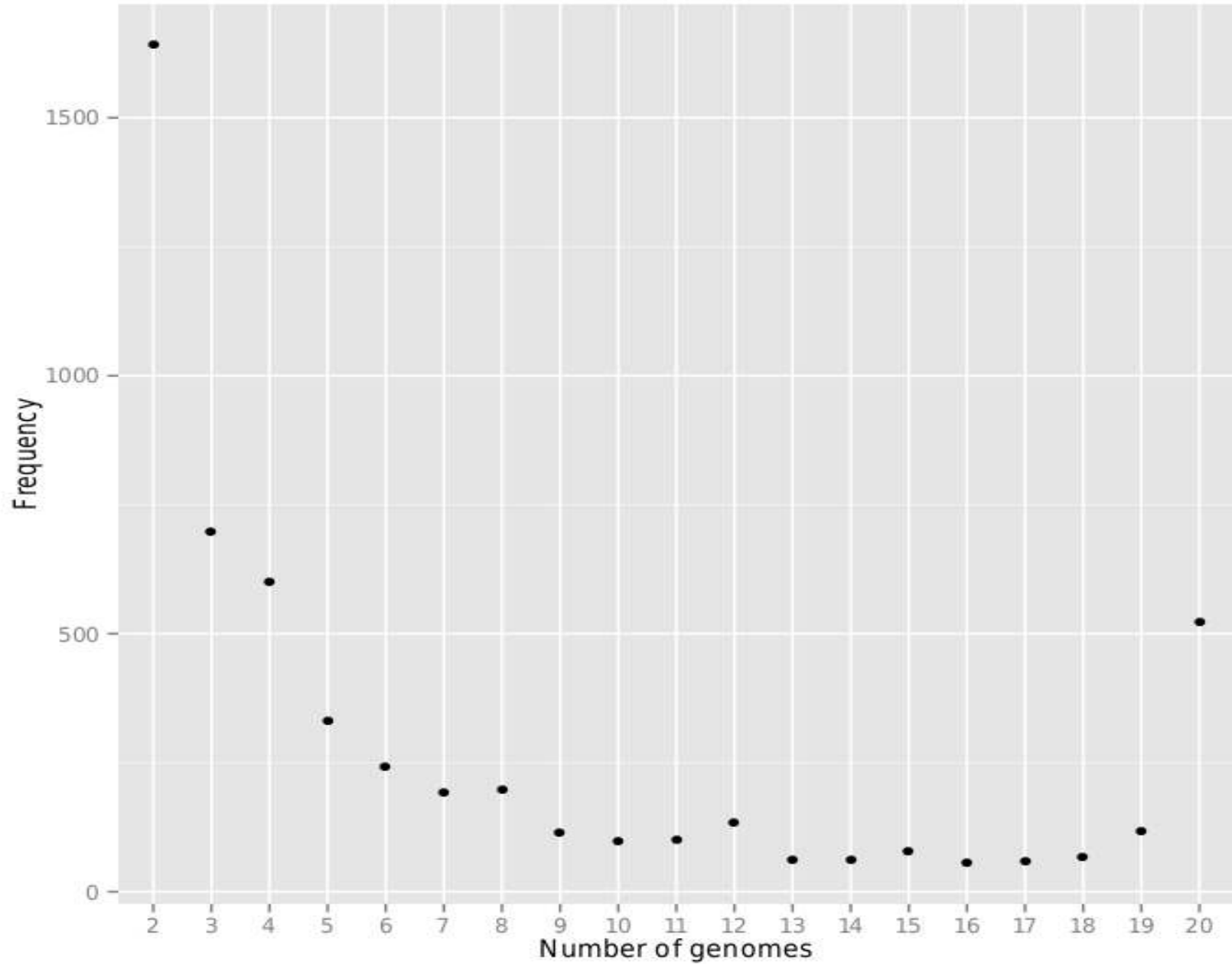
**Институт
Биоинформатики**

Эволюция бактерий рода *Lactobacillus*

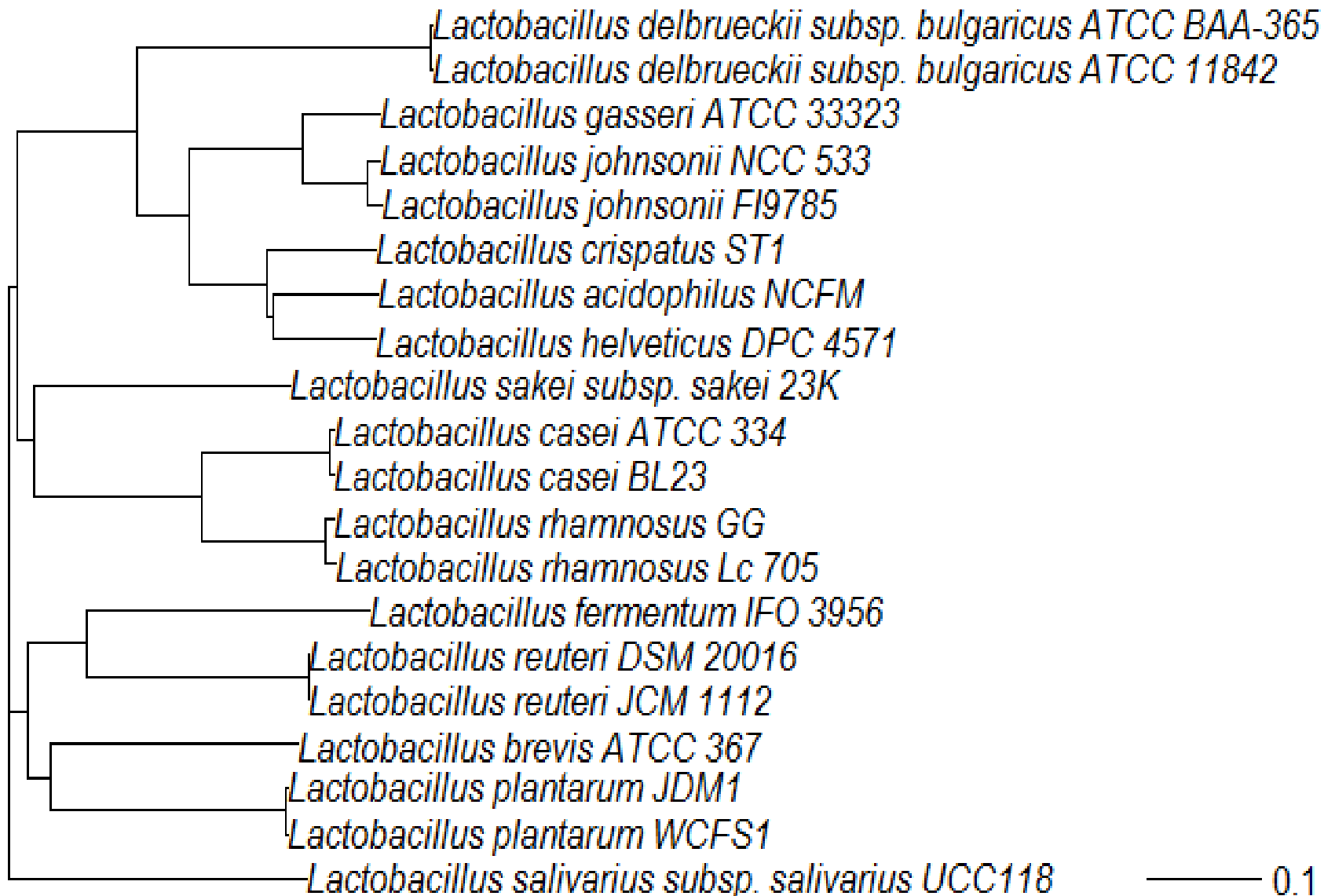
Бондарева Ольга

Руководитель: М.С. Гельфанд,
факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ

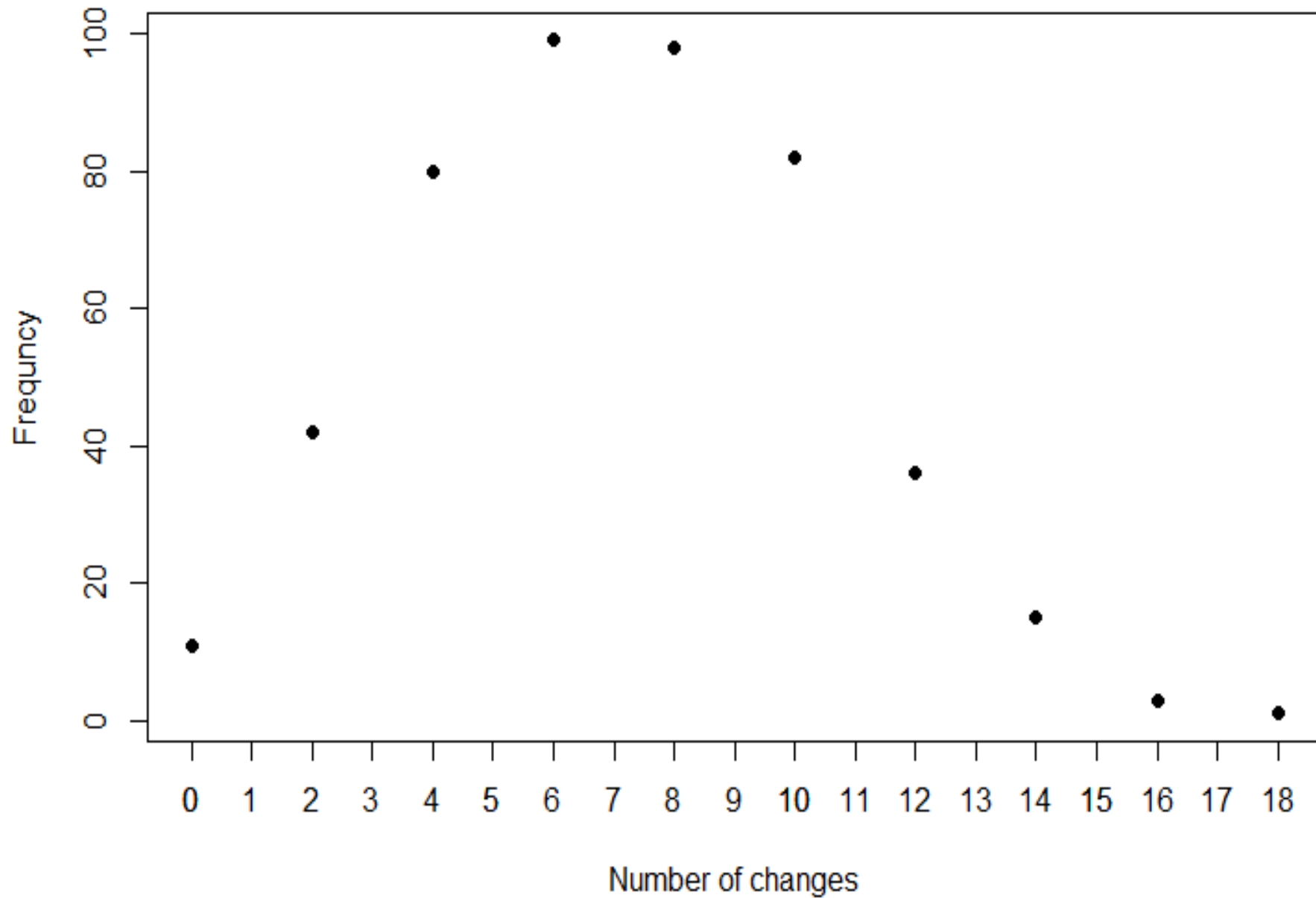
Ортологические ряды. Реальность. Protheinportho



Общее филогенетическое древо



Сопряжение филогенетических деревьев



Сопряжение филогенетических деревьев. Гены - отступники

Ряд, №	Различия	Gene function
51	12	transcriptional regulator, YutD
60	12	S-adenosylmethionine synthetase
61	12	membrane-associated phospholipid phosphatase
115	16	MTA-SAH nucleosidase
117	12	xanthine permease
118	12	ampC beta-lactamase class C related penicillin binding protein
138	12	valyl-tRNA synthetase
140	12	radC DNA repair protein radC homolog
156	18	Cysteine sulfinatase/cysteine desulfurase related enzyme
162	12	RNA binding protein, RRM domain
164	12	Integral membrane cell division protein, FtsW

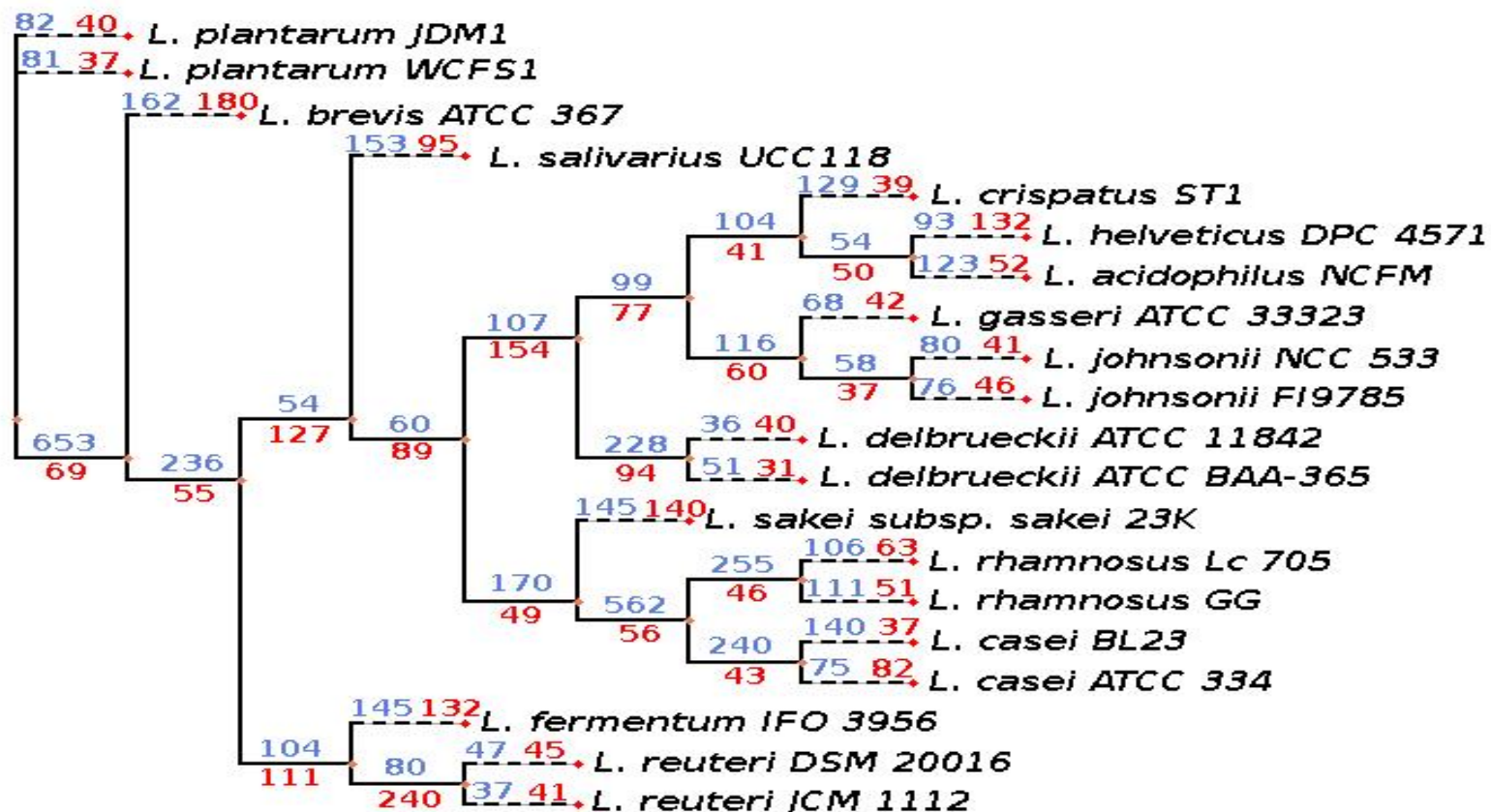
Задачи летней стажировки

- изучить поток генов
- проаннотировать уникальные гены с помощью терминов GO

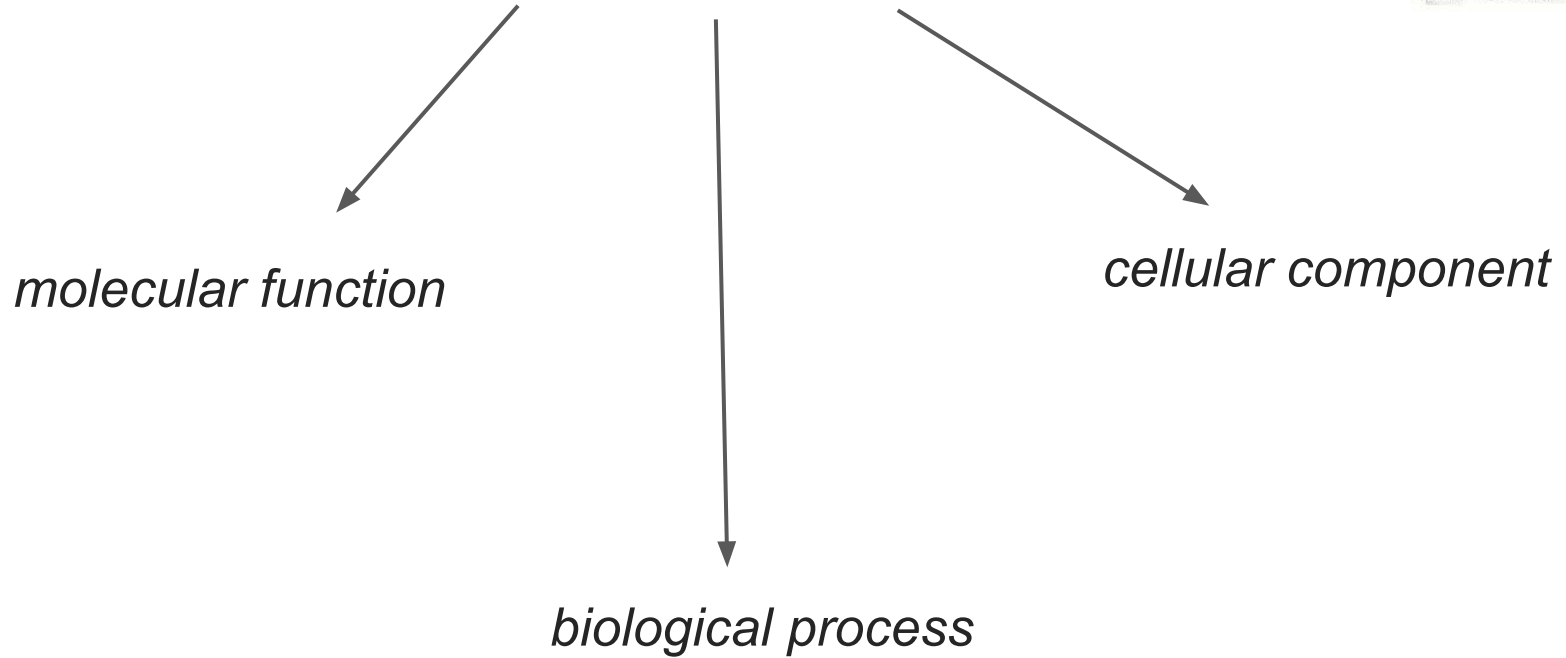
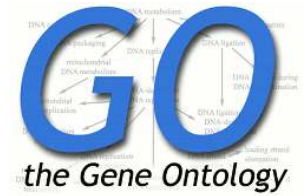
Поток генов

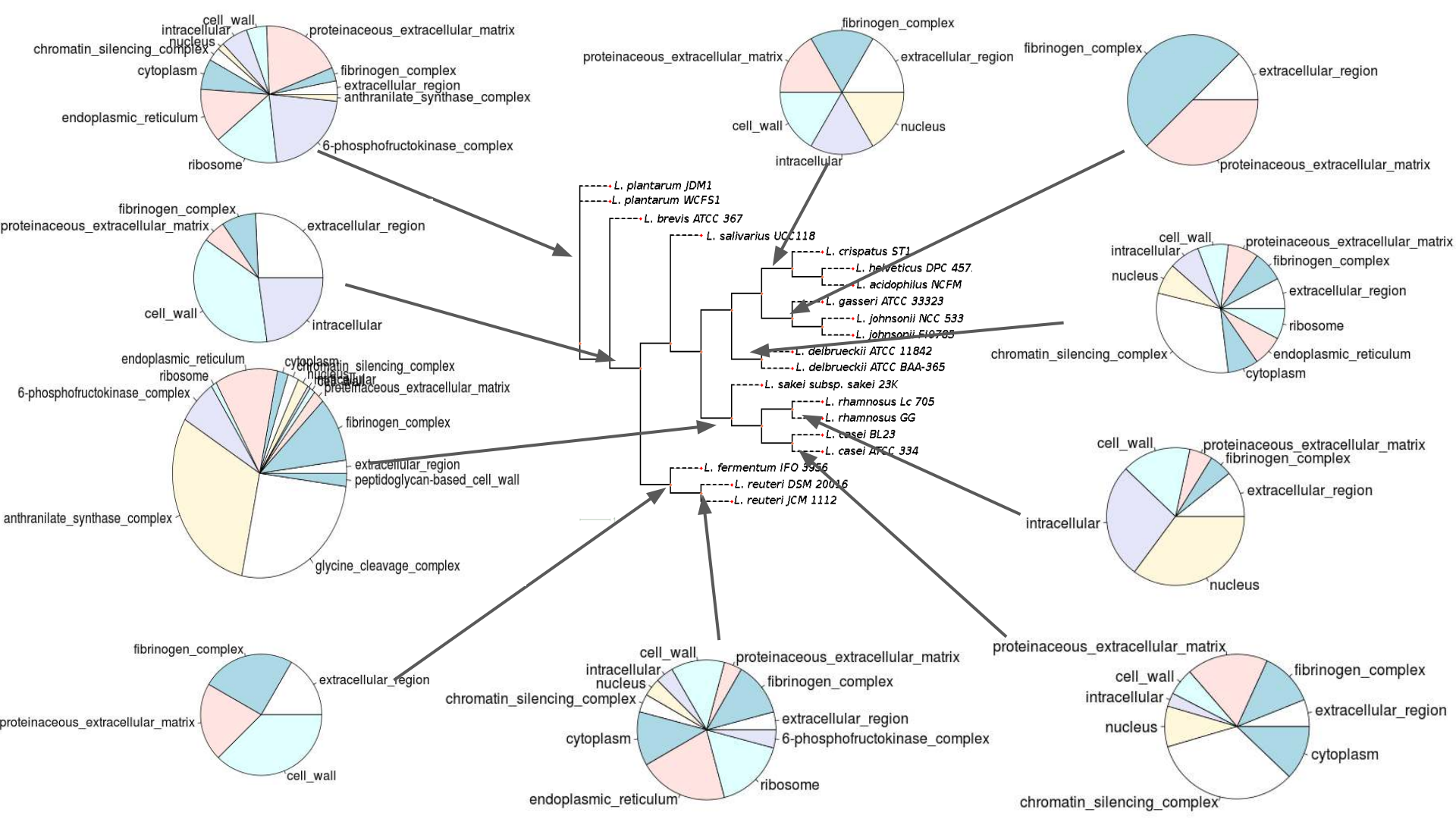
приобретение

потеря



Gene Ontology (GO)





Результаты

- оценен поток генов
- уникальные гены проаннотированы GO
- выявлены некоторые эволюционные процессы внутри группы бактерий *Lactobacillus*