

Γονιδιωματική
Προκαρυωτικό γονιδίωμα[7]

Τμήμα Γεωπονίας, Ιχθυολογίας
και Υδάτινου Περιβάλλοντος

Μεζίτη Αλεξάνδρα

Συγκριτική γονιδιωματική σε τέσσερα είδη Αρχαίων

Σύγκριση γονιδιωμάτων *Thermococcus kodakarensis*, *Pyrococcus abyssi*, *Pyrococcus horikoshii*, *Pyrococcus furiosus*.

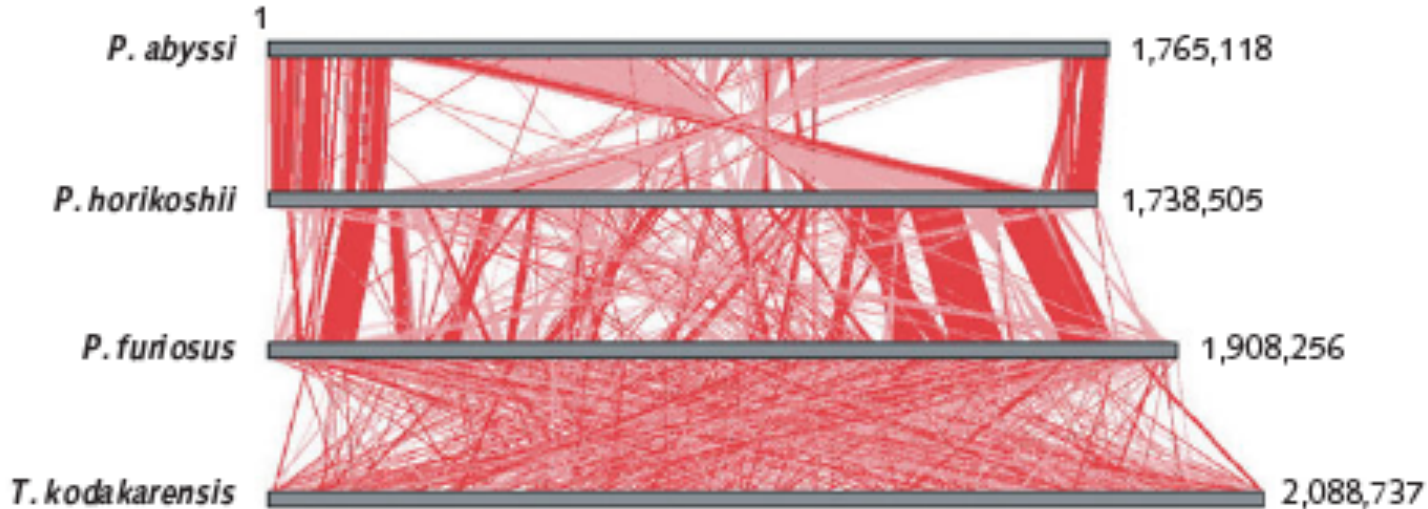
Characteristic	<i>T. kodakarensis</i>	<i>P. abyssi</i>	<i>P. horikoshii</i>	<i>P. furiosus</i>
Genome size (bp)	2 088 737	1 765 118	1 738 505	1 908 256
G+C (mole %)	52.0	44.7	41.9	40.8
Coding sequences	2 306	1 784	2 065	2 065

Οι διαφορές που παρατηρούνται είναι χαρακτηριστικές για διαφορετικά γένη

- G+C περιεχόμενο
- Αριθμός αλληλουχιών που κωδικοποιούν γονίδια

Συγκριτική γονιδιωματική σε τέσσερα είδη Αρχαίων

Μελέτη ομόλογων περιοχών- Synteny



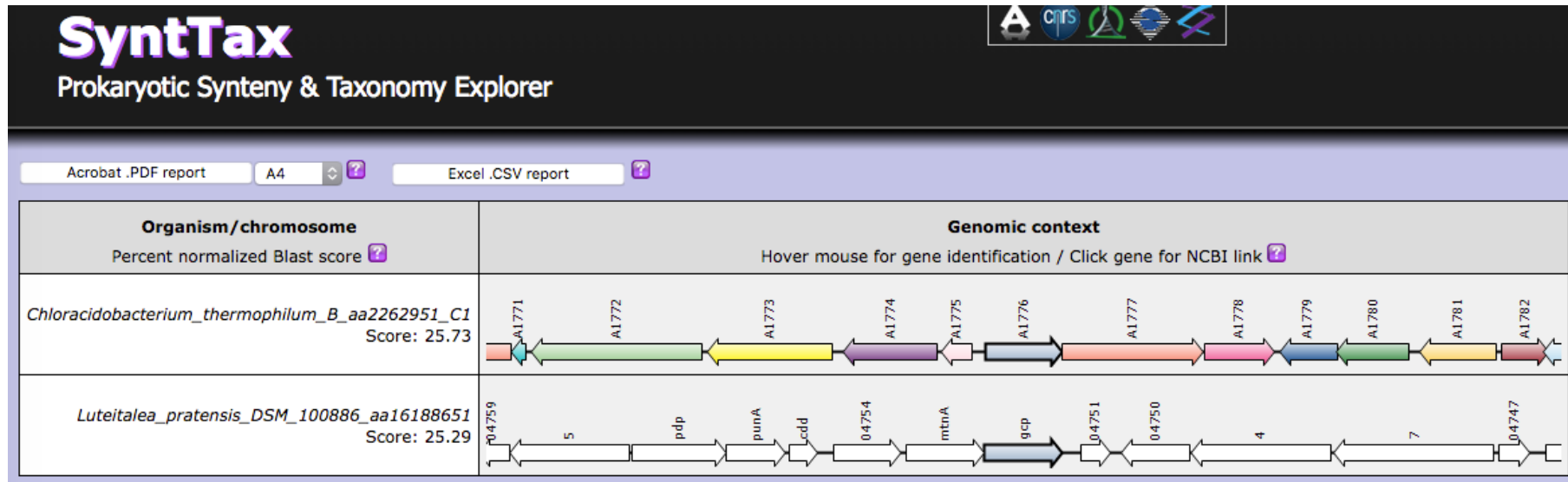
- Διαφορές στο περιεχόμενο των πρωτεϊνών ανάμεσα στα δύο γένη
- Μεγάλη ανακατανομή γονιδίων ανάμεσα στα είδη του *Pyrococcus*
- Αναστροφή στο *P. abyssi* και *P. horikoshii*
- Ελλειψη συνεχούς περιοχής του *T.kodakarensis* με ομολογία στο *Pyrococcus*
→ δεν αποτελεί αποτέλεσμα οριζόντιας μεταφοράς

Συγκριτική γονιδιωματική-Synteny

<http://autograph.genouest.org/>

<https://github.com/mjsull/Easyfig/wiki/Installation>

<http://archaea.u-psud.fr/SyntTax/>



Γονιδιώματα- Τι ακριβώς ψάχνουμε;;;

- Ποια είναι η φυλογενετική θέση;
 - Χρήση 16S rRNA αλληλουχιών
 - Άλλα rRNA γονίδια,
 - rpoB γονίδια
- Ποιές είναι οι μεταβολικές λειτουργίες;
 - Αυτότροφος/ Ετερότροφος
 - Φωτοσυνθετικός/Χημειοσυνθετικός (π.χ. $12\text{H}_2\text{S} + 6\text{CO}_2 \rightarrow \text{C}_6\text{H}_{12}\text{O}_6 + 6\text{H}_2\text{O} + 12\text{S}$)
 - Πηγές Αζώτου;
 - Διάσπαση άλλων συνθετων ουσιών κ.α.

The ISME Journal

<https://doi.org/10.1038/s41396-018-0092-2>

 isme

ARTICLE



Cultivation and genomics of the first freshwater SAR11 (LD12) isolate

Michael W. Henson ¹ • V. Celeste Lanclos ¹ • Brant C. Faircloth^{1,2} • J. Cameron Thrash¹

Γονιδιώματα- Φυλογενετική θέση

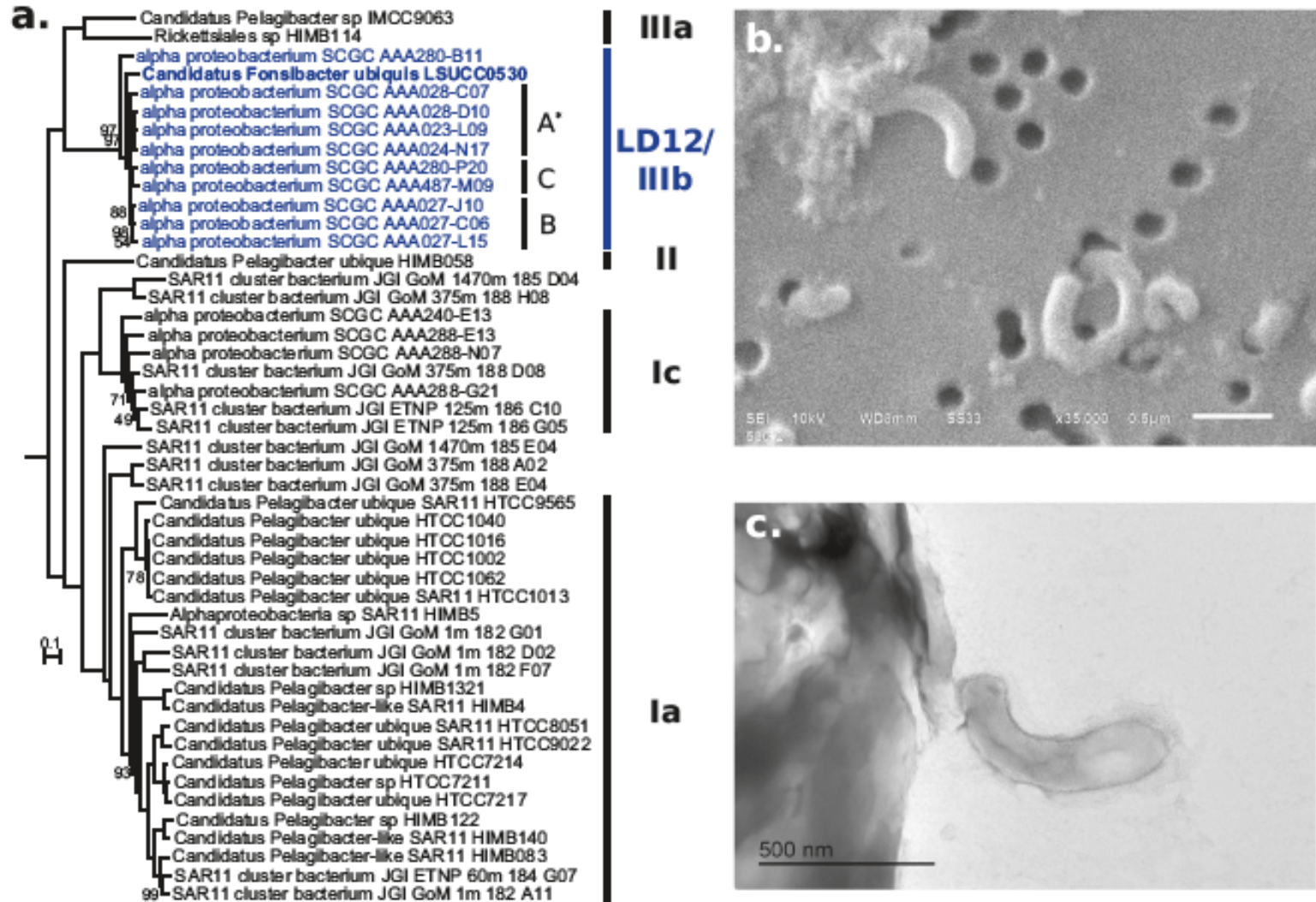
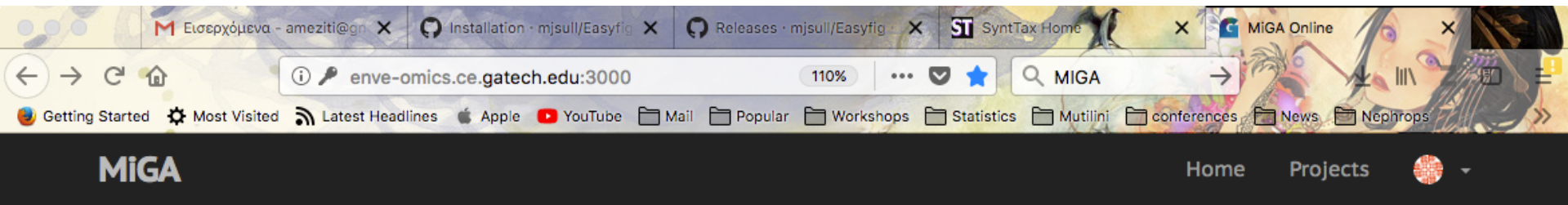


Fig. 1 Phylogeny and morphology of LSUCC0530. **a** Phylogenetic position of LSUCC0530 within the SAR11 clade using a concatenation of 83 single-copy marker genes and 23,356 amino acid positions. The tree was inferred using RAxML with 100 bootstrap runs. Values at the nodes indicate 100% bootstrap support unless otherwise noted. The tree was rooted on HIMB59. Subclades are indicated on the right,

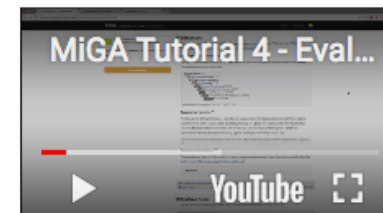
and LD12 microclusters are indicated **a–c**. Asterisk—we have included AAA028-C07 in microcluster **a**, even though it was excluded previously [18]. **b** Scanning electron micrograph of LSUCC0530 cells at $\times 35,000$ magnification. Scale bar represents $0.5 \mu\text{m}$. **c** Transmission electron micrograph of a LSUCC0530 cell thin section. Scale bar represents $0.5 \mu\text{m}$

Γονιδιώματα- Φυλογενετική θέση



Welcome to MiGA

Explore the Microbial Genomes Atlas for select species.



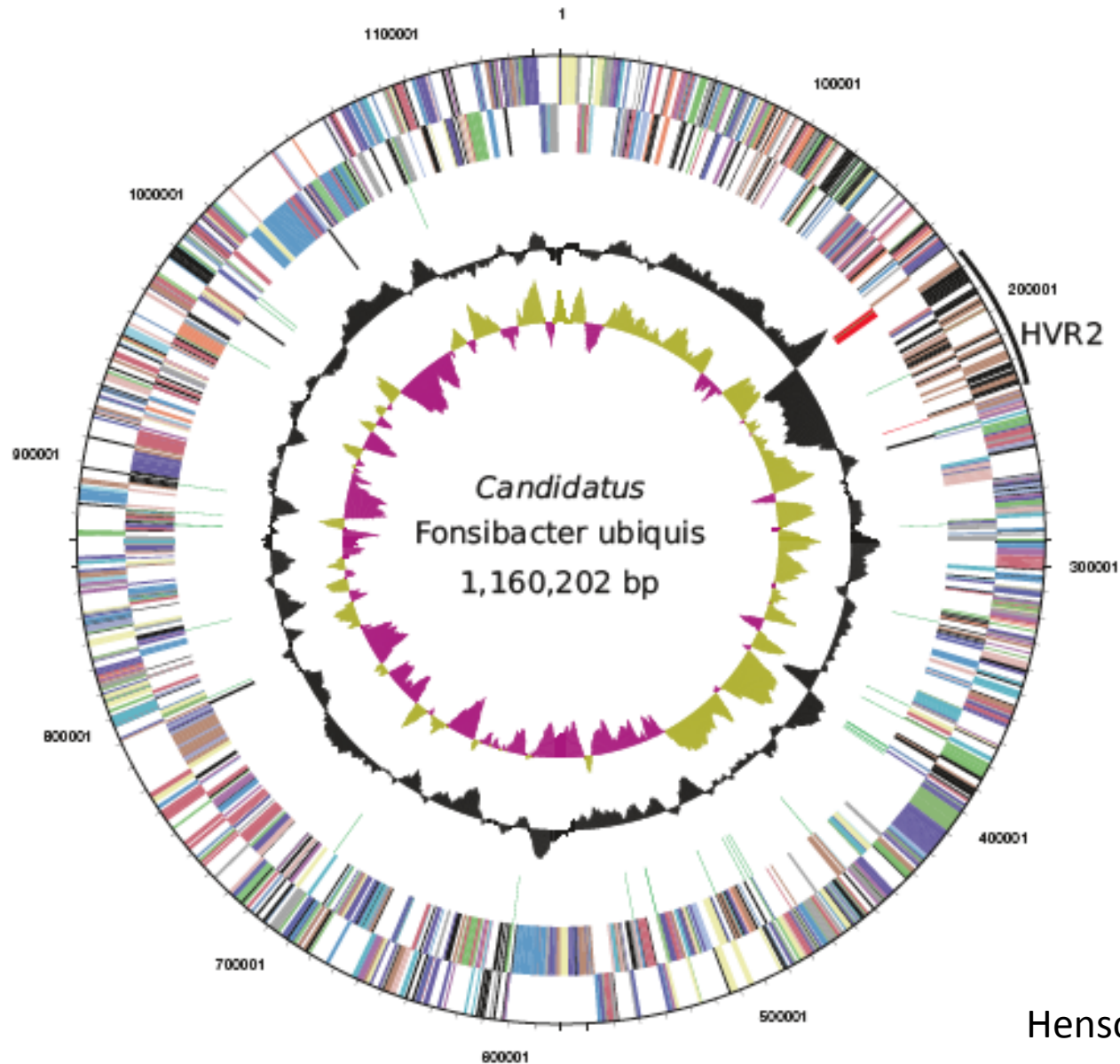
NCBI Prok

Query the NCBI Genome database
(Prokaryotes) with your own

RefSeq

Query the collection of reference
genomes in the NCBI RefSeq

Γονιδιώματα- Μεταβολισμός



Henson et al. 2017

Fig. 2 Circular diagram of the LSUCC0530 genome. Rings indicate, from outside to the center: Position relative to the replication start site; Forward stand genes, colored by COG category; reverse stand genes,

colored by COG category; RNA genes (tRNAs green, rRNAs red, other RNAs black); GC content; GC skew

Γονιδιώματα- Μεταβολισμός

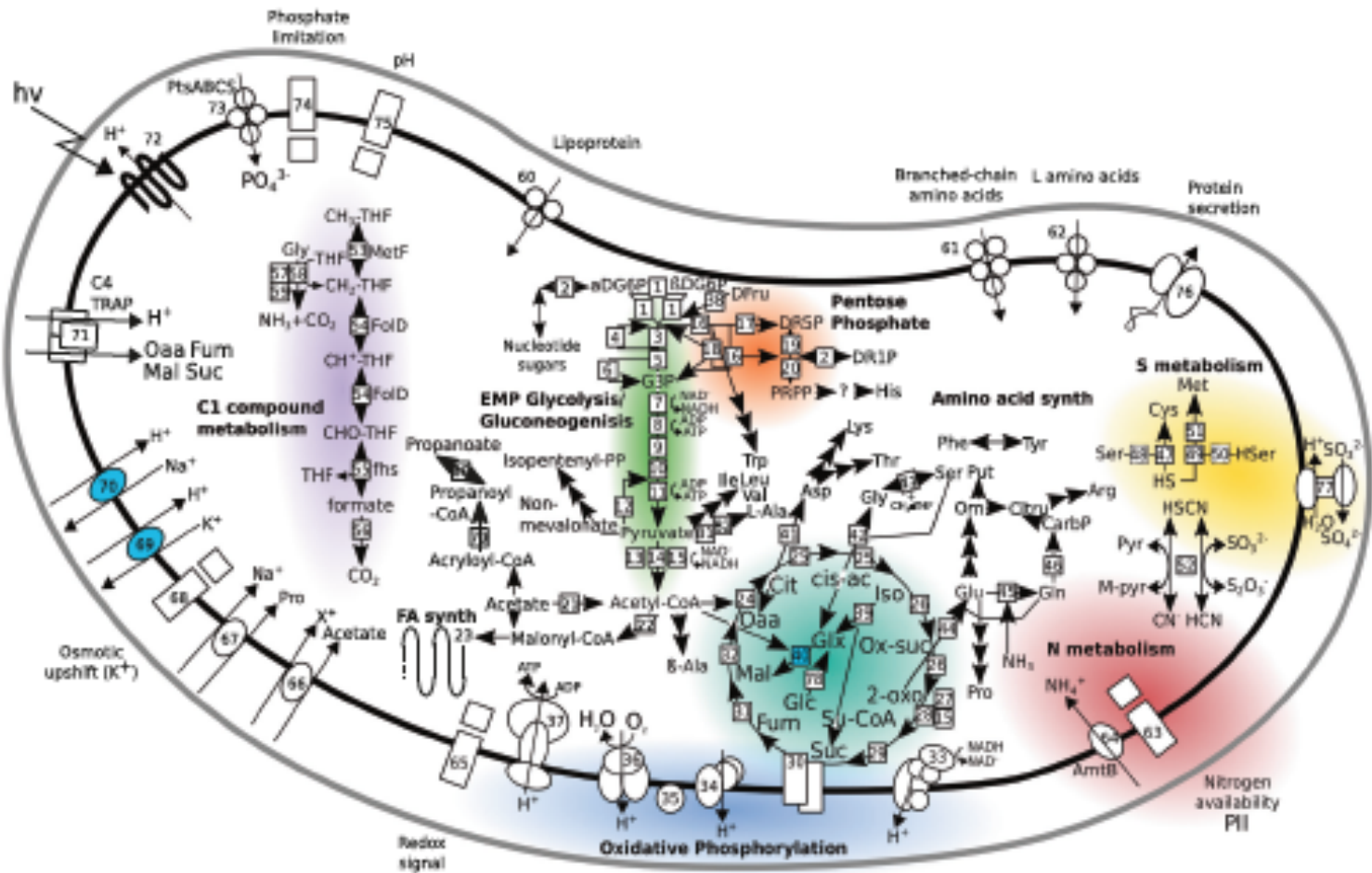


Fig. 3 Metabolic reconstruction of *L.SUCC0530*. Solid boxes indicate recovered genes, dashed boxes indicate missing genes. Color shading distinguishes major metabolic sub-systems, which are also labeled in bold text. ABC transporters are depicted with circles indicating sub-units. Symporters and antiporters are depicted with ovals. Two component systems are depicted with large and small rectangles. The C4 TRAP transporter is depicted separately. Major sub-systems are

colored for easier identification. Multiple arrows indicate all genes present in a given pathway. Numbers identify genes according to the key in Table S1. Question marks indicate a single missing gene in an otherwise complete pathway (e.g., PRPP → His). Light blue fill indicates genes with no SAR11 orthologs outside of the LD12 subclade