

## Il gene *period* di *Drosophila* e i suoi omologhi nei mammiferi

### Ricerca in FlyBase del gene *period* di *Drosophila*

FlyBase è un database on line specifico su *Drosophila*, in particolare *Drosophila melanogaster*.

Già dalla home page è possibile avviare una ricerca riguardante informazioni sui geni oppure su altri argomenti: linee cellulari, librerie, trascritti, ... e molti altri. Per scegliere il tipo di ricerca da eseguire è sufficiente scorrere le opzioni nella finestra “Data Class” (riquadro giallo).

È inoltre possibile specificare se la ricerca deve essere eseguita solo per *Drosophila melanogaster* o per tutte le specie di *Drosophila* (riquadro verde).

The screenshot shows the FlyBase website interface. At the top, there is a navigation bar with links like Home, Tools, Files, Species, Documents, Resources, News, Help, Archives, and a search box labeled 'Jump to Gene'. Below this is a row of icons for various tools: BLAST, GBrowse, QueryBuilder, TermLink, ImageBrowse, and Batch Download. The main content area is divided into several sections. On the left, there are links for 'Fast-Track Your Paper', 'FlyBase Forum', 'News', and 'Upcoming Meetings'. The central part features a 'QuickSearch' form with the following fields: 'Species' (radio buttons for 'Dmel only' and 'All species'), 'Search' (radio buttons for 'ID/Symbol/Name' and 'All text'), 'Data Class' (a dropdown menu set to 'genes'), and 'Enter text' (an empty input field). A green box highlights the 'Species' and 'Search' options, and a yellow box highlights the 'Data Class' dropdown. A red box encompasses the entire 'QuickSearch' form. A red arrow points from the top 'QuickSearch' form to the bottom one, indicating a change in the search criteria. Below the search form, there is a 'Commentary' section with a 'Fast-Track Your Paper into FlyBase' link. At the bottom of the page, there is a footer with contact information and a site map.

Per ricercare il gene *period* bisogna quindi inserire “period” nella casella “Enter text” e avviare la ricerca cliccando su “Search” (ho eseguito la ricerca su *Drosophila melanogaster*).

QuickSearch

Species:  Dmel only  All species [Find A Fly Person](#)

Search:  ID/Symbol/Name  All text [QuickSearch help](#)

Data Class: genes

Enter text: period

Note: Wild cards (\*) can be added to your search term

Quello che si ottiene è una schermata con molte informazioni sul gene e anche collegamenti a siti esterni per permettere un approfondimento della ricerca su particolari temi utilizzando strumenti più adatti.

Principali informazioni su *period*:

- ✓ codifica per una proteina;
- ✓ è conosciuto anche come *dper*, *Clk* ed *EG:155E2.4*;
- ✓ mappa nel cromosoma X → X:2,579,613..2,586,813 [+];
- ✓ ha la funzione molecolare di legare proteine;
- ✓ è coinvolto in 13 processi biologici, tra i quali alcuni coinvolti nel ritmo circadiano, nella regolazione di altri processi biologici e nella risposta a stimoli e stress;
- ✓ se ne conoscono 214 alleli, un trascritto e un prodotto polipeptidico.

**General Information**

Symbol	Dmelper	Species	<i>D. melanogaster</i>
Name	period	Annotation symbol	CG2647
Feature type	protein_coding_gene	FlyBase ID	FBgn0003068
Gene Model Status	Current	Stock availability	7 publicly available
Also Known As	dper, Clk, EG:15E2.4		

**Genomic Location**

Chromosome (Lewin)	X	Recombination map	1-
Cytogenetic map	3B1-3B2	Sequence location	X:2,579,613..2,586,813 [+]

**Genomic Maps**

FlyBase GBrowse  
modENCODE GBrowse

**Summary Information**

**Automatically generated summary**

The gene *period* is referred to in FlyBase by the symbol *Dmelper* (CG2647, FBgn0003068). It is a protein\_coding\_gene from *Drosophila melanogaster*. There is experimental evidence that it has the **molecular function**: protein binding. There is experimental evidence for 13 unique **biological process** terms, many of which group under: circadian rhythm; regulation of biological process; entrainment of circadian clock; circadian behavior; mating; response to chemical stimulus; aging; response to stress; copulation; eclosion; memory; regulation of response to stimulus; determination of adult lifespan; locomotory behavior; age-dependent response to oxidative stress. **214 alleles are reported**. The **phenotypes** of these alleles are annotated with: indirect flight muscle motor neuron MNS; Malpighian tubule; posterior adult hindgut. It has **one annotated transcript** and **one annotated polypeptide**. **Protein features** are: PAC motif, PAS, PAS fold. Gene sequence location is X:2579613..2586813.

Phenotypic Descriptions of Classical Alleles

Informazioni generali sul gene

Localizzazione genomica

Sommario delle informazioni che verranno approfondite in seguito

Esempi di altre informazioni che si possono ricavare dai risultati di FlyBase:

presenza di siti di inserzione per eventuali manipolazioni genetiche

**Gene Model & Products**

Please see the GBrowse view of *Dmelper* for information on other features  
To submit a correction to a gene model please use the [Contact FlyBase form](#)

**Gene Span**

**Transcript**

**CDS**

**Transgene Insertion Site**

- P(GawB)NP193
- P(GawB)NP6050
- P(Notc-UAS\_6.1136601462)
- P(EF)EP1362
- P(RS)S-H8-1890
- P(SSV)76S22987
- P(S5)S-H8-1890
- P(SSV)2GS51125
- P(EF)EP1575
- P(SSV)7GS20815
- P(SSV)2GS7464
- P(GawB)NP0905
- P(Notc-UAS\_6.1136601460)
- P(SSV)76S22913
- P(SUPac-P)per:Clk60501

composizione in introni ed esoni

Gene Ontology: Function, Process & Cellular Component (31 unique terms)		
Terms Based on Experimental Evidence (18 terms)		
Molecular Function	Evidence	References
protein binding	inferred from physical interaction with UniProtKB:O77058 (assigned by UniProtKB)	(Rosato et al., 2007)
Biological Process		
age-dependent response to oxidative stress	inferred from mutant phenotype	(Krishnan et al., 2009)
circadian behavior	inferred from mutant phenotype	(Kameo et al., 2000)
circadian rhythm	inferred from mutant phenotype	(Ashmore et al., 2003; Cerani et al., 2002; Lin et al., 2005; Kivilee et al., 2008)
copulation	inferred from mutant phenotype	(Eeaver and Giebler, 2004)
determination of adult lifespan	inferred from mutant phenotype	(Krishnan et al., 2009)
eclosion rhythm	inferred from mutant phenotype	(Blanchard et al., 2001)
entrainment of circadian clock	inferred from mutant phenotype	(Gleiser and Stanewsky, 2005)
entrainment of circadian clock by photoperiod	inferred from mutant phenotype	(Collins et al., 2006)
locomotor rhythm	inferred from mutant phenotype	(Blanchard et al., 2001; Pictot et al., 2007)
long-term memory	inferred from mutant phenotype	(Sakai et al., 2004)
mating behavior	inferred from mutant phenotype	(Sakai and Ishida, 2001)
regulation of circadian sleep/wake cycle, sleep	inferred from mutant phenotype	(Shaw et al., 2002)
response to oxidative stress	inferred from mutant phenotype	(Krishnan et al., 2009)
Cellular Component		
cytoplasm	inferred from direct assay	(Lin et al., 2004; Ashmore et al., 2003; Meyer et al., 2006; de la Paz Fernandez et al., 2007; Kivilee et al., 2009)
nucleus	inferred from direct assay	(Lin et al., 2004; Oryan et al., 2005; Ashmore et al., 2003; Meyer et al., 2006; de la Paz Fernandez et al., 2007)

classificazione con Gene Ontology

## Ricerca in HomoloGene degli omologhi in mammiferi

HomoloGene è un tool del National Center for Biotechnology Information (NCBI) per l'identificazione dei geni omologhi, cioè discendenti da un antenato comune.

Come per FlyBase, anche in questo caso la ricerca è avviabile dalla home page. Bisogna selezionare nella finestra "Search" HomoloGene (appare di default) e scrivere nel campo "for" il nome del gene di cui si vuole ricercare gli omologhi; per far partire la ricerca, infine, è sufficiente cliccare su "Go".

HomoloGene is a system for automated detection of homologs among the annotated genes of several completely sequenced eukaryotic genomes.

### HomoloGene Release 64 Statistics

Initial numbers of genes from complete genomes, numbers of genes placed in a homology group, and the numbers of groups for each species.

Species	Number of Genes		HomoloGene groups
	Input	Grouped	
Homo sapiens	22,165*	19,571	18,876
Pan troglodytes	25,096	17,243	16,375
Canis lupus familiaris	19,766	16,789	15,996
Bos taurus	22,049*	19,803	16,276
Mus musculus	25,388	21,786	19,026
Rattus norvegicus	21,991	19,267	17,512
Gallus gallus	17,959	13,207	11,969
Danio rerio	26,288	20,764	13,900
Drosophila melanogaster	14,085	9,315	7,796
Anopheles gambiae	12,460*	8,944	7,618
Caenorhabditis elegans	20,155*	8,685	4,829
Schizosaccharomyces pombe	5,043	3,237	2,949
Saccharomyces cerevisiae	5,880	4,854	4,373
Kluyveromyces lactis	5,335	4,462	4,385
Eremothecium gossypii	4,722	3,933	3,809
Magnaporthe grisea	12,832*	7,295	6,364
Neurospora crassa	10,079	6,175	6,039
Arabidopsis thaliana	27,165*	19,850	11,226
Oryza sativa	26,887	17,330	10,674
Plasmodium falciparum	5,266	2,440	1,130

\* indicates organisms where new genome annotation data is used in this build.

Per una ricerca più accurata è possibile inserire, insieme al nome del gene, alcune limitazioni, come ad esempio l'organismo a cui in gene appartiene.

Items 1 - 4 of 4

1: HomoloGene:122433. Gene conserved in Diptera  
per  
AgaP\_AGAP001856 AGAP001856-PA

2: HomoloGene:104228. Gene conserved in Diptera  
e  
AgaP\_AGAP002291 AGAP002291-PA

3: HomoloGene:11092. Gene conserved in Bilateria  
FLII  
flightless I homolog (Drosophila)  
FLII  
flightless I homolog (Drosophila)  
FLII  
flightless I homolog (Drosophila)  
FLI  
flightless I homolog (Drosophila)  
FLII  
flightless I homolog (Drosophila)  
FLII  
flightless I homolog (Drosophila)  
fli  
flightless I  
AgaP\_AGAP011292 AGAP011292-PA  
fli-I (Drosophila flightless) homol...

4: HomoloGene:5849. Gene conserved in Eukaryota  
MRPS12  
mitochondrial ribosomal protein S12  
MRPS12  
mitochondrial ribosomal protein S12  
MRPS12  
mitochondrial ribosomal protein S12  
MRPS12  
mitochondrial ribosomal protein S12  
MRPS12  
mitochondrial ribosomal protein S12  
MRPS12  
mitochondrial ribosomal protein S12  
tko  
technical knockout  
SPAC4F8.06  
mitochondrial ribosomal protein sub...  
YNR039C  
Mitochondrial protein, may interact...  
KLLA0F7007g  
hypothetical protein  
ASG5\_ASL222W  
ASL222Wp  
MSG\_09891  
hypothetical protein  
NCLU05542.1  
hypothetical protein  
rps12  
ribosomal protein S12  
AT2907875  
ribosomal protein S12 mitochondrial...  
rps12  
ribosomal protein S12  
PF00600  
ribosomal protein

Si ottiene una schermata con tutti i geni omologhi trovati, raggruppati in "blocchi".

In questo caso due "blocchi" contengono i geni omologhi conservati nei Ditteri (un ordine di insetti, a cui appartiene anche *Drosophila melanogaster*), uno i geni omologhi conservati nei Bilateri (animali che possiedono simmetria bilaterale) e l'ultimo i geni omologhi conservati negli Eucarioti.

"Mammals: 0" significa che non ci sono "blocchi" di omologhi composti interamente da geni di mammiferi, ma non che non siano stati trovati omologhi in mammiferi. Infatti in questo caso sono stati trovati geni omologhi a *period* di *Drosophila melanogaster* in *Homo sapiens*, *Pan troglodytes*, *Bos taurus*, *Mus musculus*, *Rattus norvegicus*, *Gallus gallus*, *Drosophila melanogaster*, *Schizosaccharomyces pombe*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Kluyveromyces lactis*, *Eremothecium gossypii*, *Magnaporthe grisea*, *Neurospora crassa*, *Arabidopsis thaliana*, *Arabidopsis thaliana*, *Oryza sativa* e *Plasmodium falciparum*, che sono mammiferi (riquadri verdi nella pagina che segue).

1: HomoloGene:122433. Gene conserved in Diptera Download

per	period	<i>Drosophila melanogaster</i>
AgaP_AGAP001856	AGAP001856-PA	<i>Anopheles gambiae</i>

2: HomoloGene:104228. Gene conserved in Diptera Download

e	ebony	<i>Drosophila melanogaster</i>
AgaP_AGAP002291	AGAP002291-PA	<i>Anopheles gambiae</i>

3: HomoloGene:11092. Gene conserved in Bilateria Download

FLII	flightless I homolog (Drosophila)	<i>Homo sapiens</i>
FLII	flightless I homolog (Drosophila)	<i>Pan troglodytes</i>
FLII	flightless I homolog (Drosophila)	<i>Bos taurus</i>
Flii	flightless I homolog (Drosophila)	<i>Mus musculus</i>
Flii	flightless I homolog (Drosophila)	<i>Rattus norvegicus</i>
FLII	flightless I homolog (Drosophila)	<i>Gallus gallus</i>
flii	flightless I homolog (Drosophila)	<i>Danio rerio</i>
fli	flightless I	<i>Drosophila melanogaster</i>
AgaP_AGAP011292	AGAP011292-PA	<i>Anopheles gambiae</i>
fli-1	FLII (Drosophila flightless) homol...	<i>Caenorhabditis elegans</i>

4: HomoloGene:6848. Gene conserved in Eukaryota Download

MRPS12	mitochondrial ribosomal protein S12	<i>Homo sapiens</i>
MRPS12	mitochondrial ribosomal protein S12	<i>Pan troglodytes</i>
MRPS12	mitochondrial ribosomal protein S12	<i>Canis lupus familiaris</i>
MRPS12	mitochondrial ribosomal protein S12	<i>Bos taurus</i>
Mrps12	mitochondrial ribosomal protein S12	<i>Mus musculus</i>
Mrps12	mitochondrial ribosomal protein S12	<i>Rattus norvegicus</i>
MRPS12	mitochondrial ribosomal protein S12	<i>Gallus gallus</i>
lko	technical knockout	<i>Drosophila melanogaster</i>
SPAC4F8.06	mitochondrial ribosomal protein sub...	<i>Schizosaccharomyces pombe</i>
YNR036C	Mitochondrial protein, may interact...	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>
KLLAD0F07007g	hypothetical protein	<i>Kluyveromyces lactis</i>
AGOS_AGL222W	AGL222Wp	<i>Eremothecium gossypii</i>
MGG_08691	hypothetical protein	<i>Magnaporthe grisea</i>
NCU06542.1	hypothetical protein	<i>Neurospora crassa</i>
rps12	ribosomal protein S12	<i>Arabidopsis thaliana</i>
AT2G07675	ribosomal protein S12 mitochondrial...	<i>Arabidopsis thaliana</i>
rps12	ribosomal protein S12	<i>Oryza sativa</i>
PF00600c	ribosomal protein	<i>Plasmodium falciparum</i>

È possibile inoltre notare che sono stati trovati più geni omologhi appartenenti allo stesso organismo: ad esempio, nel caso di *Drosophila melanogaster* sono stati trovati, oltre a *period*, altri tre geni (*ebony*, *Flightless I* e *technical knockout*). Si tratterà dunque di geni paraloghi (riquadri viola).

Cliccando sul nome di ogni “blocco”, è possibile visualizzare una pagina con maggiori informazioni sui geni in esso raggruppati:

1. link alla pagina di Entrez Gene;
2. informazioni sulle proteine derivanti dai geni;
3. informazioni sui domini proteici conservati;
4. possibilità di allineare tra loro coppie di sequenze o di fare un allineamento multiplo tra tutte le sequenze del “blocco”;
5. altri links per maggiori informazioni.

Invece cliccando su “Download” è possibile scaricare in formato multifasta le sequenze (sequenza proteica, sequenza di mRNA o sequenza genomica) di tutti o alcuni geni del “blocco”.

Dalle sequenze scaricate sarà quindi possibile effettuare maggiori ricerche per confermare l’omologia o per capire le relazioni evolutive tra i vari geni. Ad esempio, attraverso il programma Jalview, può essere costruito un albero filogenetico per capire l’ordine con cui le varie sequenze si sono evolute.