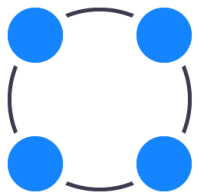


Определение промоторов РНК полимеразы II в геноме курицы, участвующих в транскрипции последовательностей латеральных петель хромосом ламповых щеток



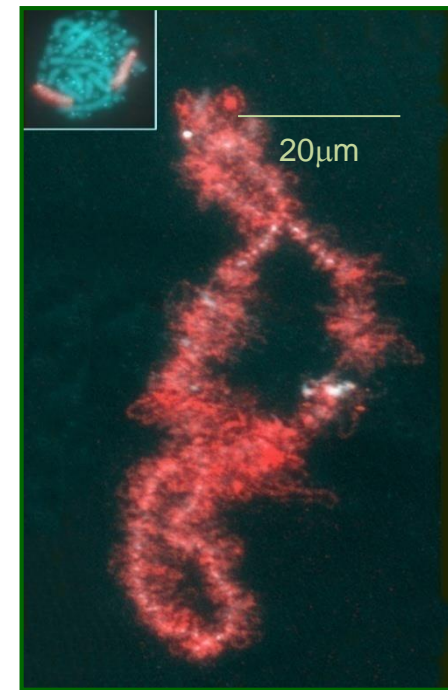
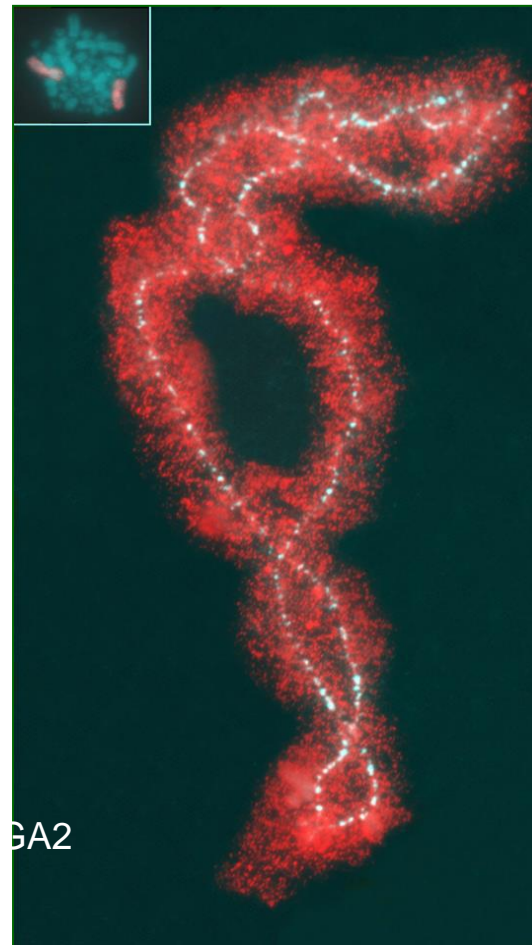
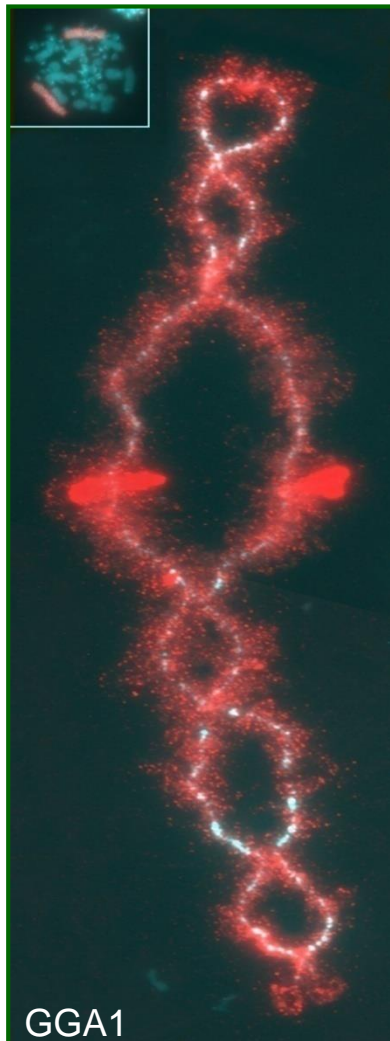
ИНСТИТУТ
БИОИНФОРМАТИКИ

Руководитель: Сайфитдинова Алсу
Фаритовна, СПбГУ

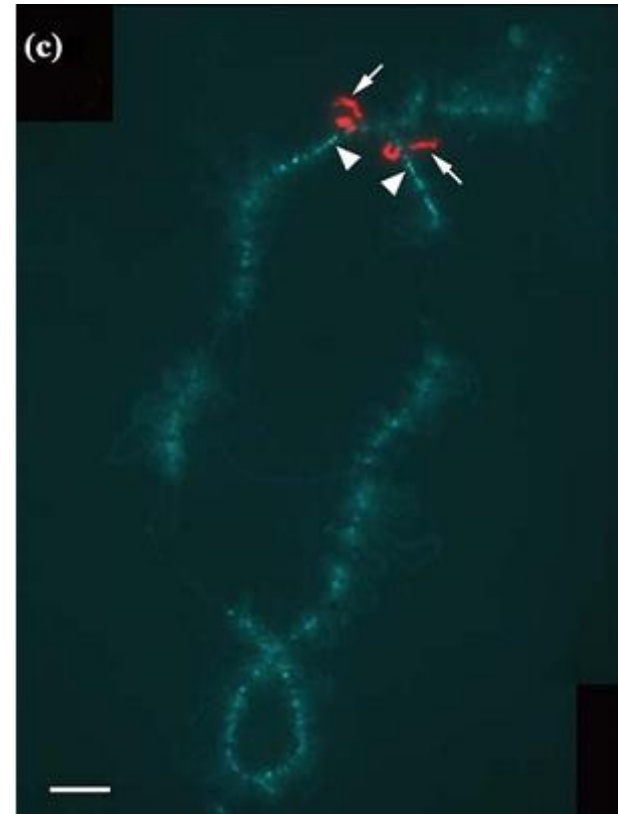
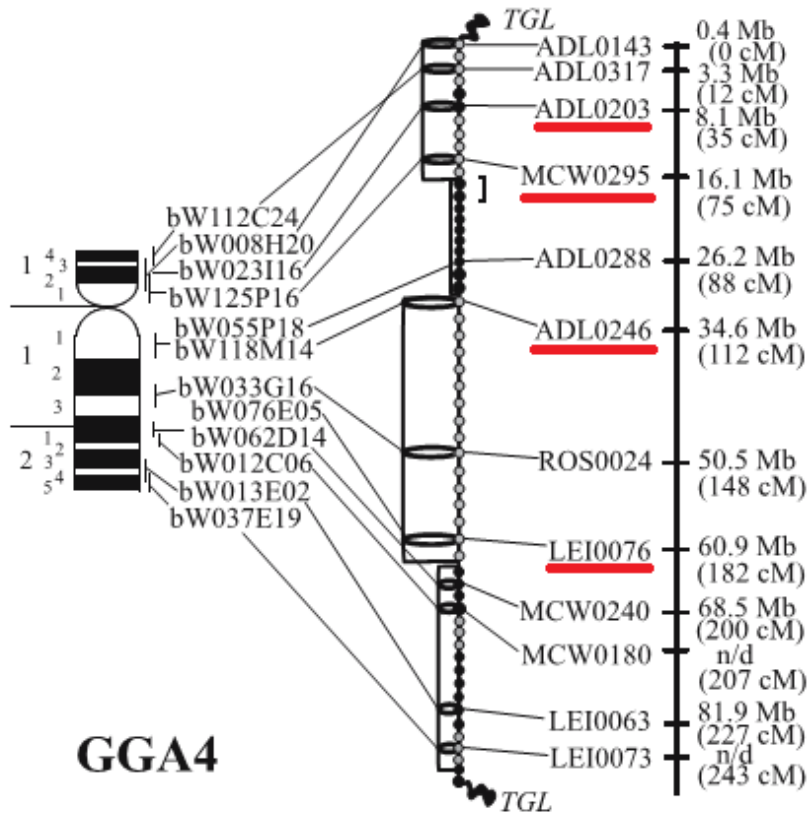
Студент: Алешкина Дарья

Хромосомы типа ламповых щеток (ЛЩ)

Хромосомный пейнтинг:
ДНК / ДНК FISH для митотических хромосом,
ДНК / РНК + ДНК FISH to LBCs



Картирование ВАС – клонов на хромосомах типа ЛЦ

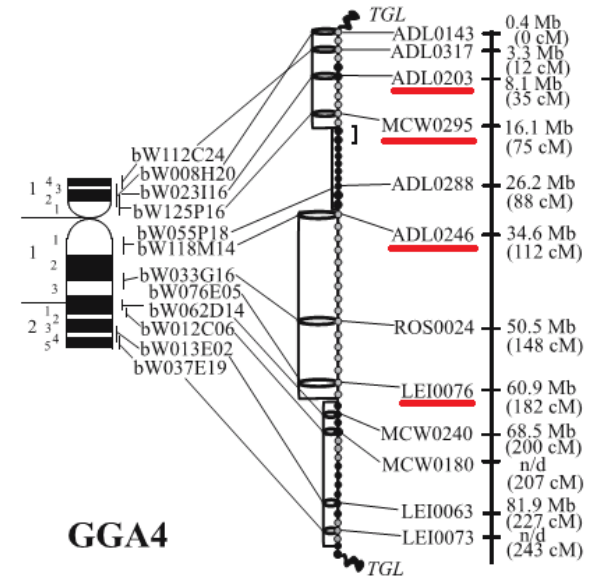


ВАС bW125P16 на 4p11-p12

Анализируемые ВАС-клоны

6 ВАС клонов:

- 1 локализуется на LBC1
- 4 локализируются на LBC4
- 1 локализуется на LBCZ



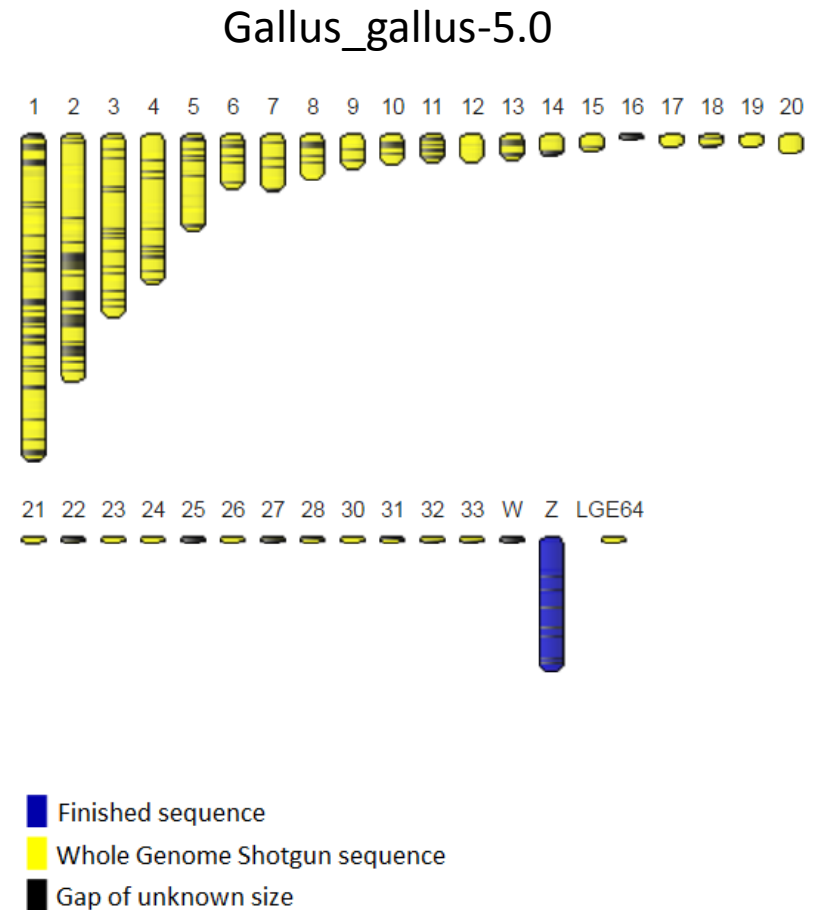
- Локализованы методом FISH в составе транскрибируемых петель
- Каждому ВАС клону соответствует микросателлитный маркер

Цель

- Выявить промоторные области РНК полимеразы II для определения сайта начала транскрипции ДНК в латеральных петлях хромосом типа ЛЦ

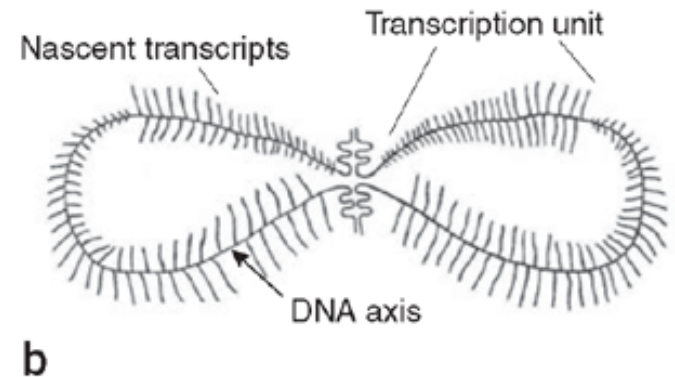
Поиск последовательностей ВАС-клонов

- Проведена локализация 4 маркеров в контигах сборки Gallus_gallus-5.0 (ArkDB, BLAST)
- Средняя длина ВАС-клона в WAG-библиотеке - 134 kb



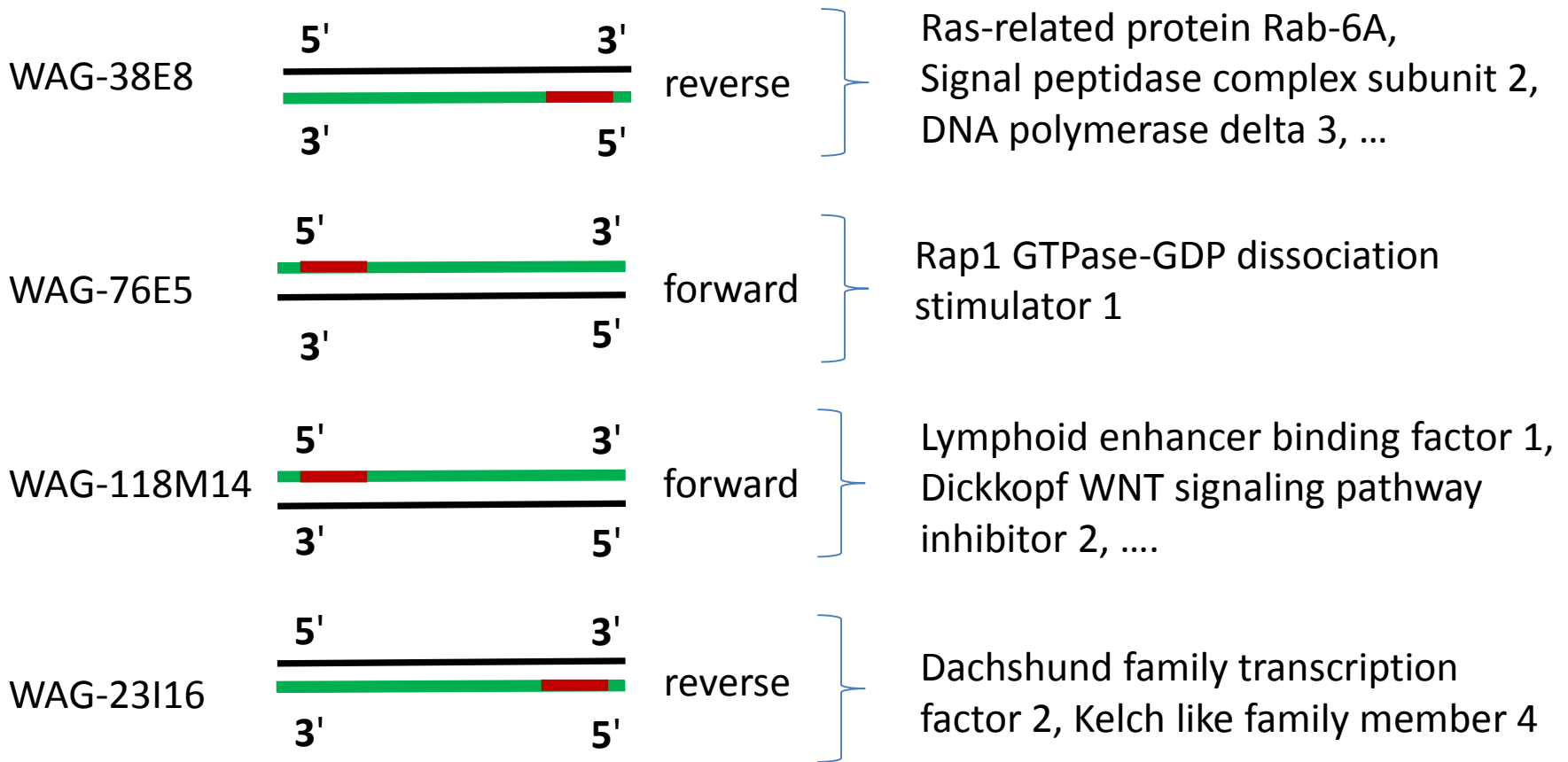
Определение транскрибируемой нити ДНК в латеральных петлях

- Транскриптом яичника - Chickspress SRA data (Burgess Ovary Female SRX316896)
- Определение направления транскрипции с помощью Geneious software



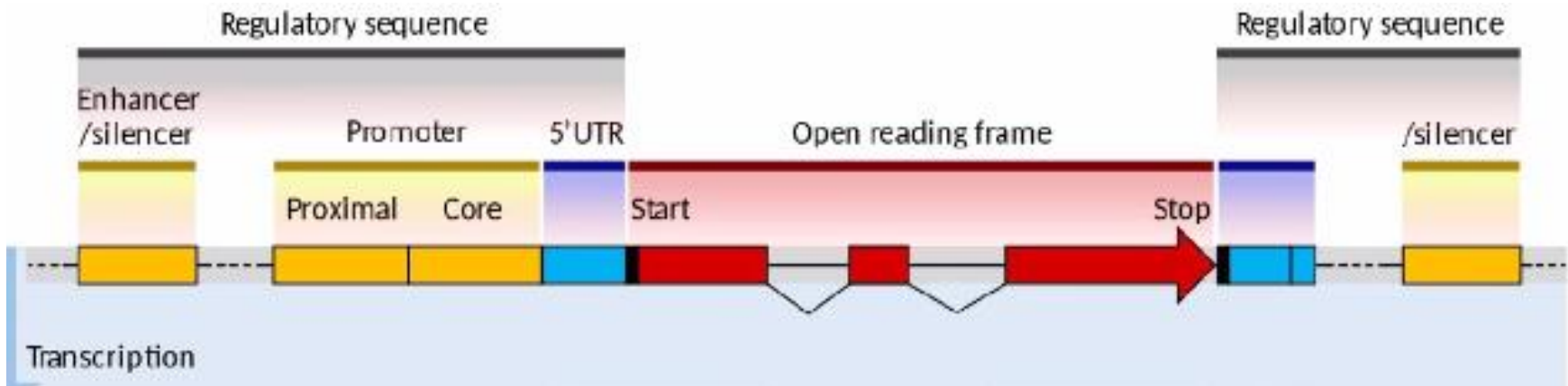
| | 5 | 256 | 266 | 276 |
|------------------|--------------------|----------------|----------|----------------|
| ENSGALG0... | AAAGAGCAGATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | AAAGAGCAGATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | AAAGAGCAGATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | AAAGAGCAGATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | NCAGATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | GCAGATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | GCAGATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | NAGATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | CAGATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | CAGATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | AGATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | GATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | ATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | ATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | ATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | ATTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | NTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | NTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | NTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |
| FWD ERR348571... | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA | TTGAAAAC | TGCTGCAGAATGGA |

Возможные экспрессирующиеся гены



Предсказание промоторов

- NewCrGReporter - CpG-островки
- QGRS Mapper - G-квадруплексы
- GMAT software – микросателлитные повторы



Промоторные области в латеральных петлях

| ВАС - клон | Хромосома | Координаты | Состав |
|------------|-----------|------------------------------|-------------|
| WAG-38E8 | GGA - 1 | chr1:196,046,659-196,047,559 | STR+CpG |
| WAG-76E5 | GGA - 4 | chr4:59,948,000-59,949,195 | PQS+STR |
| | | chr4:59,957,978-59,958,174 | PQS+STR |
| WAG-118M14 | GGA - 4 | chr4:38,288,770-38,289,859 | PQS+STR+CpG |
| | | chr4:38,242,832-38,243,755 | PQS+STR |
| | | chr4:38,249,000-38,250,800 | STR+CpG |
| WAG-23I16 | GGA - 4 | chr4:8,579,345-8,581,729 | CpG |

Результаты и выводы

1. Определены транскрибирующиеся последовательности 4-х ВАС-клонов, локализованных в латеральных петлях
2. Для каждой петли определено, с какой нити идет транскрипция
3. Идентифицированы уникальные последовательности, потенциально транскрибирующиеся на латеральных петлях в хромосомах типа ЛЩ
4. Обнаружено от одной до трех возможных промотерных областей для каждой латеральной петли

Полученные данные будут использованы для экспериментального подтверждения положения промоторов и дальнейшего исследования транскрипции на хромосомах типа ЛЩ

Спасибо за внимание!