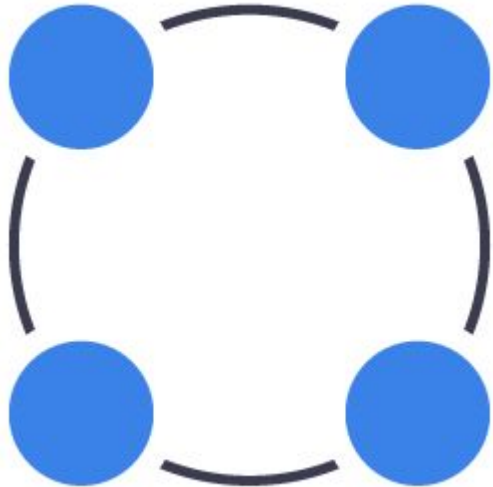


# Увеличение длины интронов за счет мобильных элементов

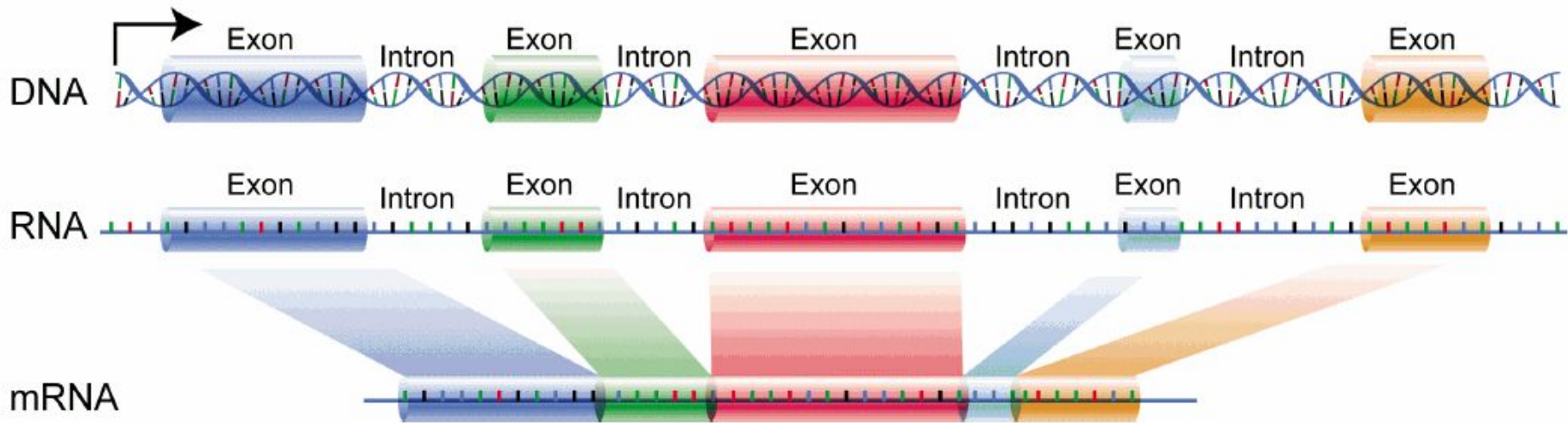


Анастасия Мурзина

Руководитель:  
Ирина Поверенная  
(ИОГен РАН)

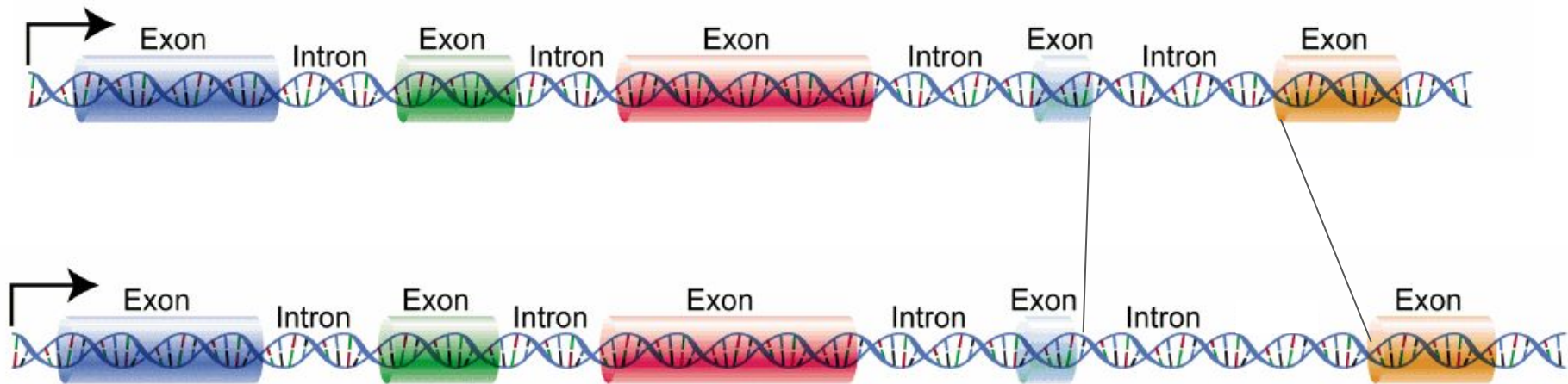
# Описание проекта

В эукариотических генах можно выделить кодирующие участки - экзоны, и некодирующие участки - интроны.



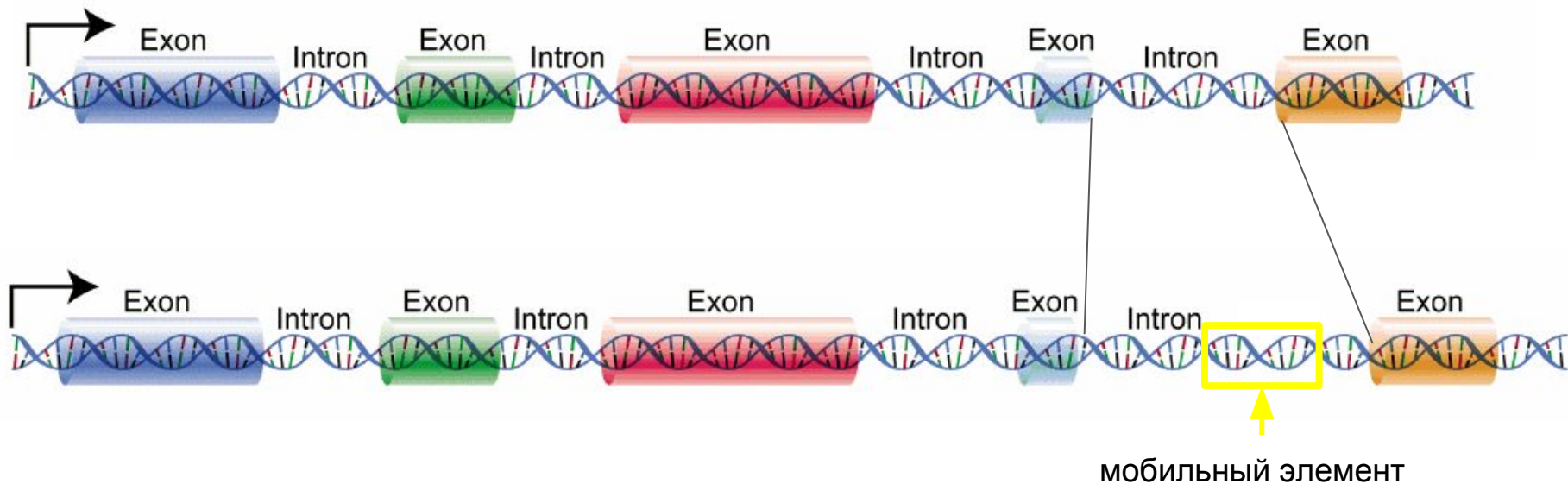
# Описание проекта

В отличие от экзонов, для интронов характерно большое накопление мутаций, поэтому их последовательности очень вариативны, так что даже **длина** интрона может сильно отличаться у родственных организмов.



# Описание проекта

Гипотеза: Значительное увеличение длины интронов может быть связано с активным накоплением в интронах большого количества мобильных элементов и повторов.



# Задачи проекта

1. Создание наборов данных из последовательностей интронов для геномов *Homo sapiens* и *Danio rerio*.
2. Поиск мобильных элементов в интронных последовательностях с помощью программы RepeatMasker.
3. Анализ зависимости длины интрона от общей длины всех мобильных элементов.

# Текущие результаты

- Последовательность и аннотация генома человека были скачаны с БД GENCODE
- Будущие входные файлы для RepeatMasker с последовательностями интронов белок-кодирующих генов были созданы с помощью скриптов, написанных на Python (pandas, Biopython)

# Задачи проекта

1. Создание наборов данных из последовательностей интронов для геномов *Homo sapiens* и *Danio rerio*.
2. Поиск мобильных элементов в интронных последовательностях с помощью программы RepeatMasker.
3. Анализ зависимости длины интрона от общей длины всех мобильных элементов.