

SKLADANIE A ANALÝZA KOMPLEXNÝCH GÉNOVÝCH ZHLUKOV

Dominika
SZABOVÁ

Bioinformatika

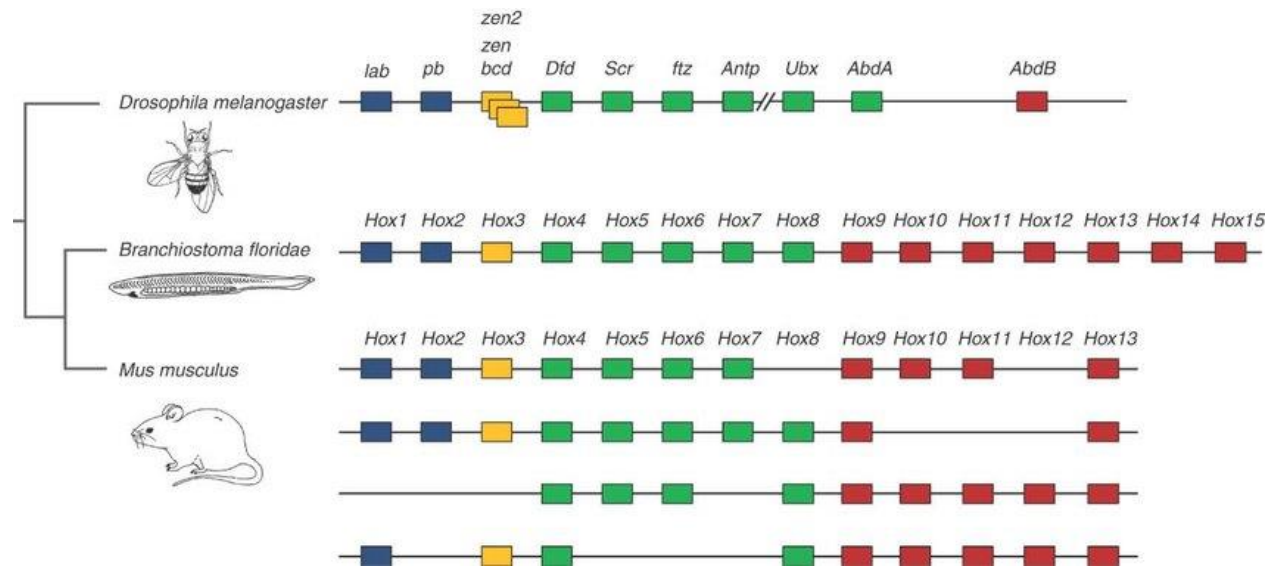
Školiteľ:

doc. Mgr. Tomáš Vinař, PhD.

Katedra aplikovanej
informatiky, FMFI UK

ÚVOD DO PROBLEMATIKY

- Génový zhluk = génový klaster (*eng. gene cluster*)
 - oblasť genómu
 - pozostáva z dvoch alebo viacerých génov
 - tieto gény majú rovnakú alebo podobnú funkciu
 - výskyt niekoľkých repetitívnych oblastí po celej dĺžke klastra
 - Výskyt u rôznych organizmov



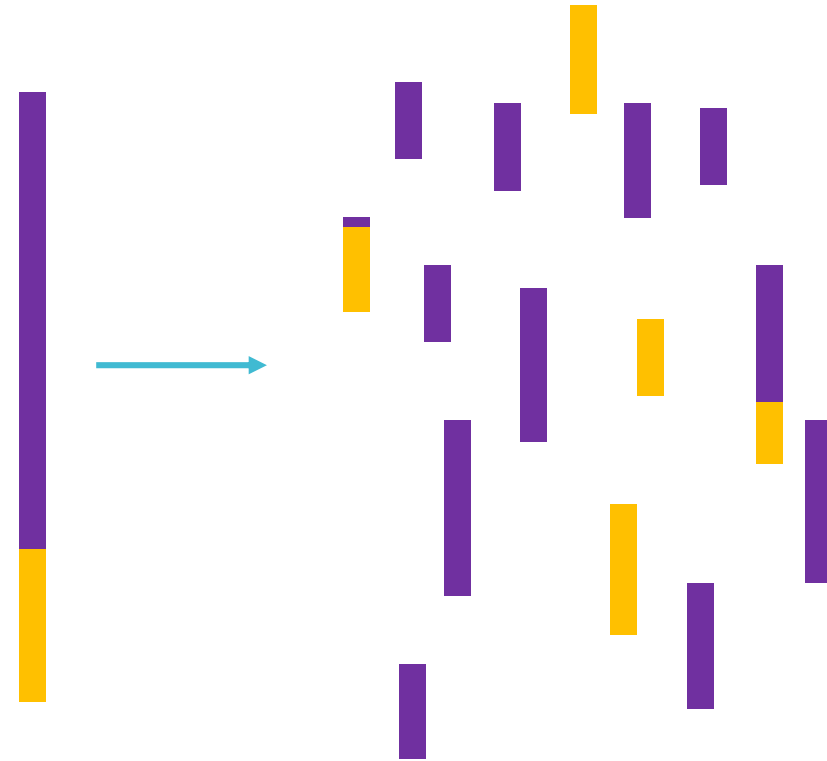
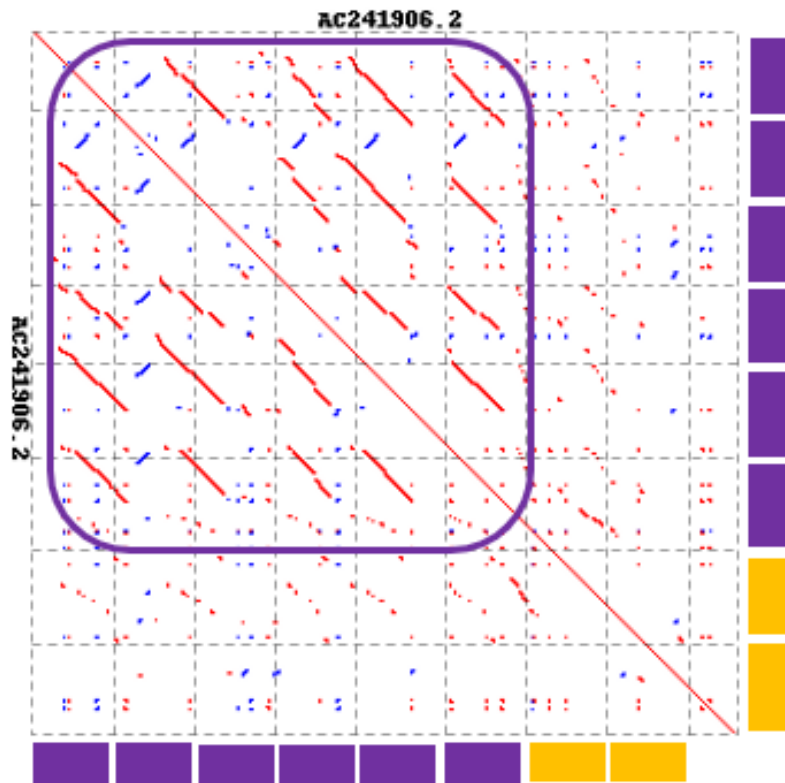
MOTIVÁCIA

A

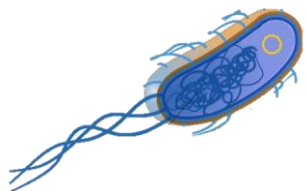
CIEĽ PRÁCE

- pokrývajú približne 5% ľudského genómu
- výskyt repetitívnych oblastí sťažuje ich správne zoskladanie
- zoskladanie osekvenovaného génového klastra do pôvodnej sekvencie
- uložený vo forme niekoľkých bakteriálnych artifiálnych chromozómov
- zaviesť postup pri manipulácii s takýmto typom dát
- výsledky vizualizovať, vzájomne porovnávať a zaznamenávať pozorované rozdiely (2 hlavné analýzy)

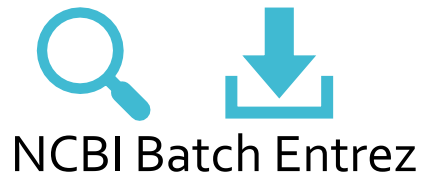
Problém repetitívnych oblastí v génovom klastri



APLIKOVANÝ POSTUP



prístupové
číslo



fasta
dokumenty

GENEIOUS
de novo assembler

nezoskladané
sekvencie

LAST
Alignent &
dot-plot

informácie
o prekryve

upravené
sekvencie

faFrag



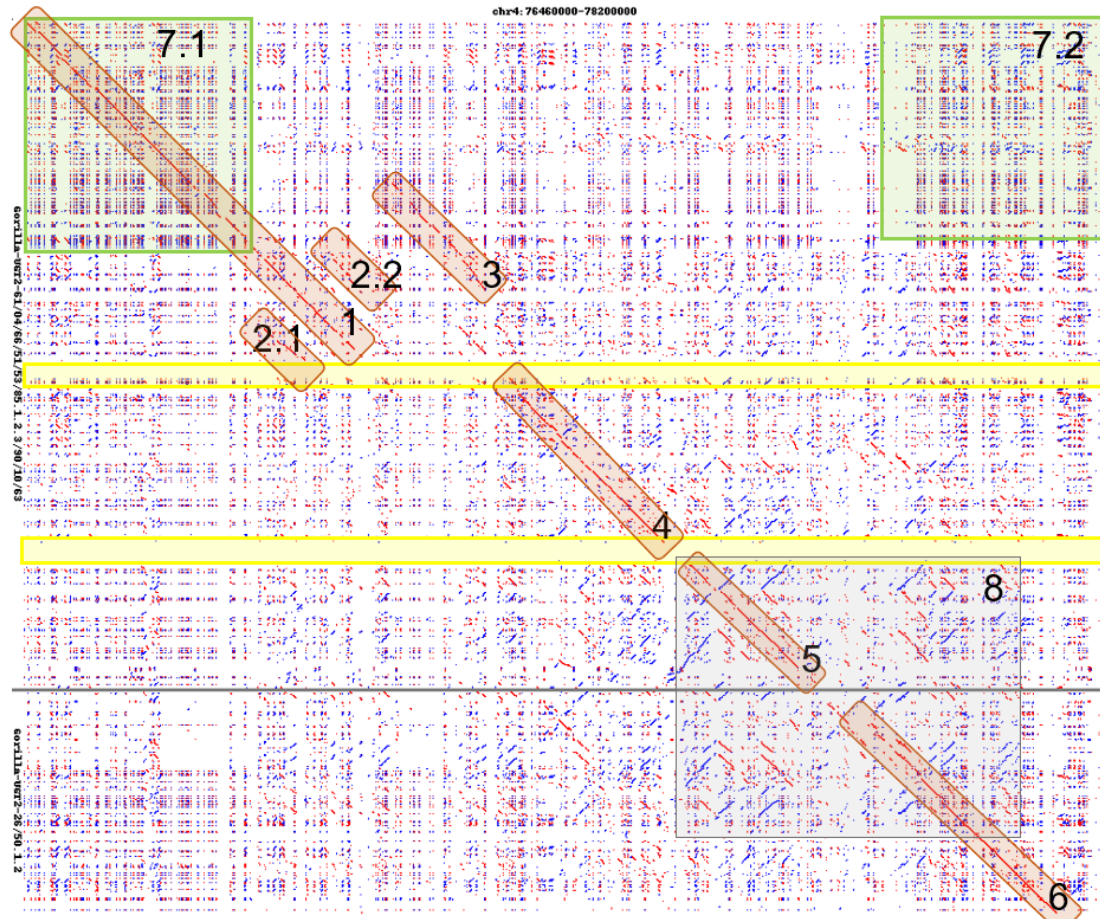
zoskladané sekvencie

ANALÝZA

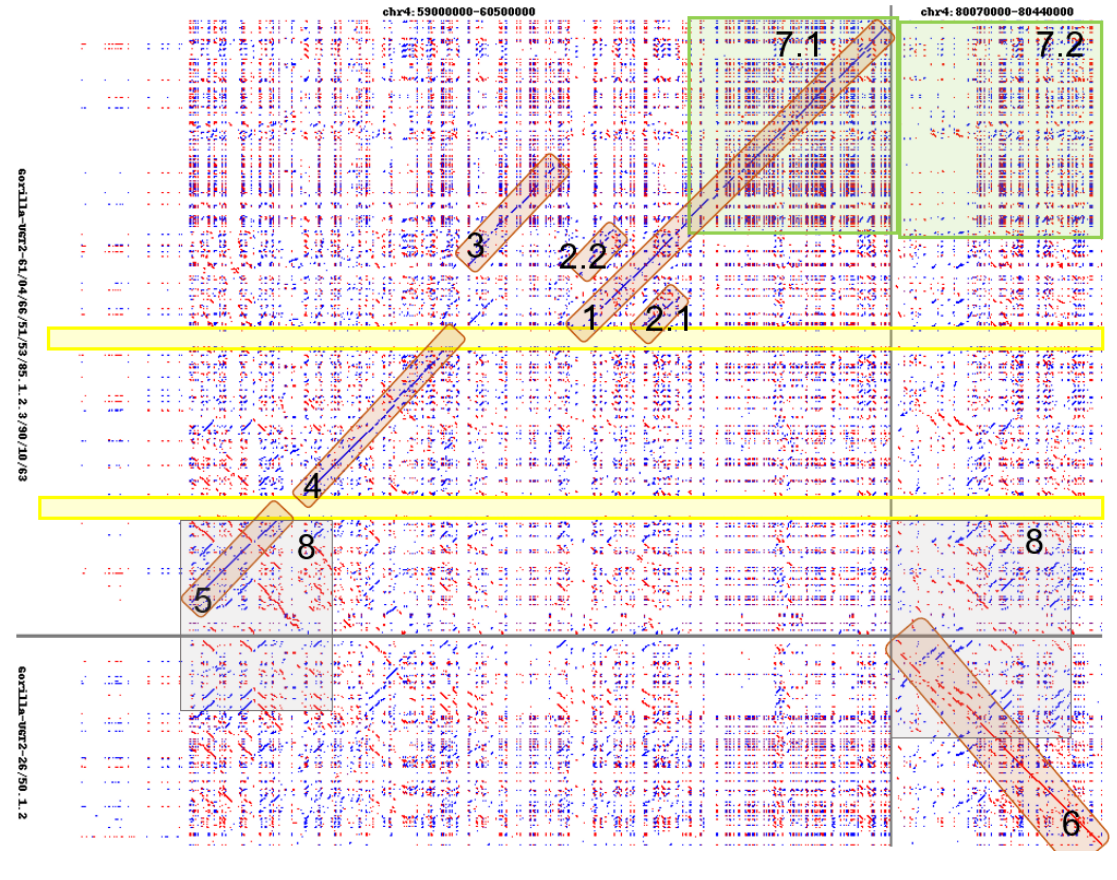
I. Zarovnanie génového klastra
UGT2 gorily nížinnej voči
dostupným genómom v
databáze

II. Zarovnanie génového klastra
UGT2 u zvyšných primátov
voči ľudskému UGT2 klastru
dostupnému v databáze

I. Zarovnanie génového klastra UGT2 gorily nížinnej voči dostupným genómom v databáze

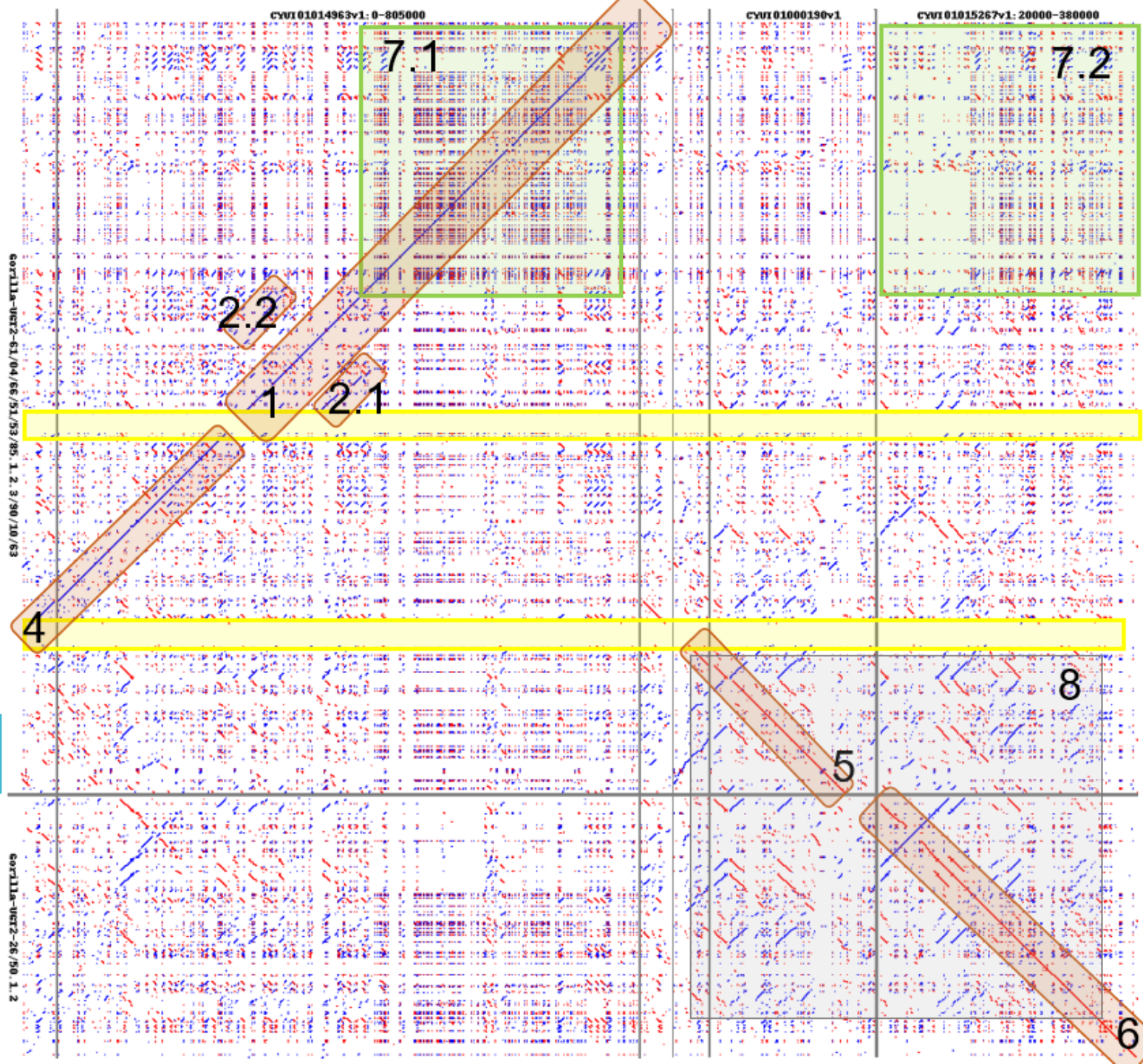


gorGor3 (2011)



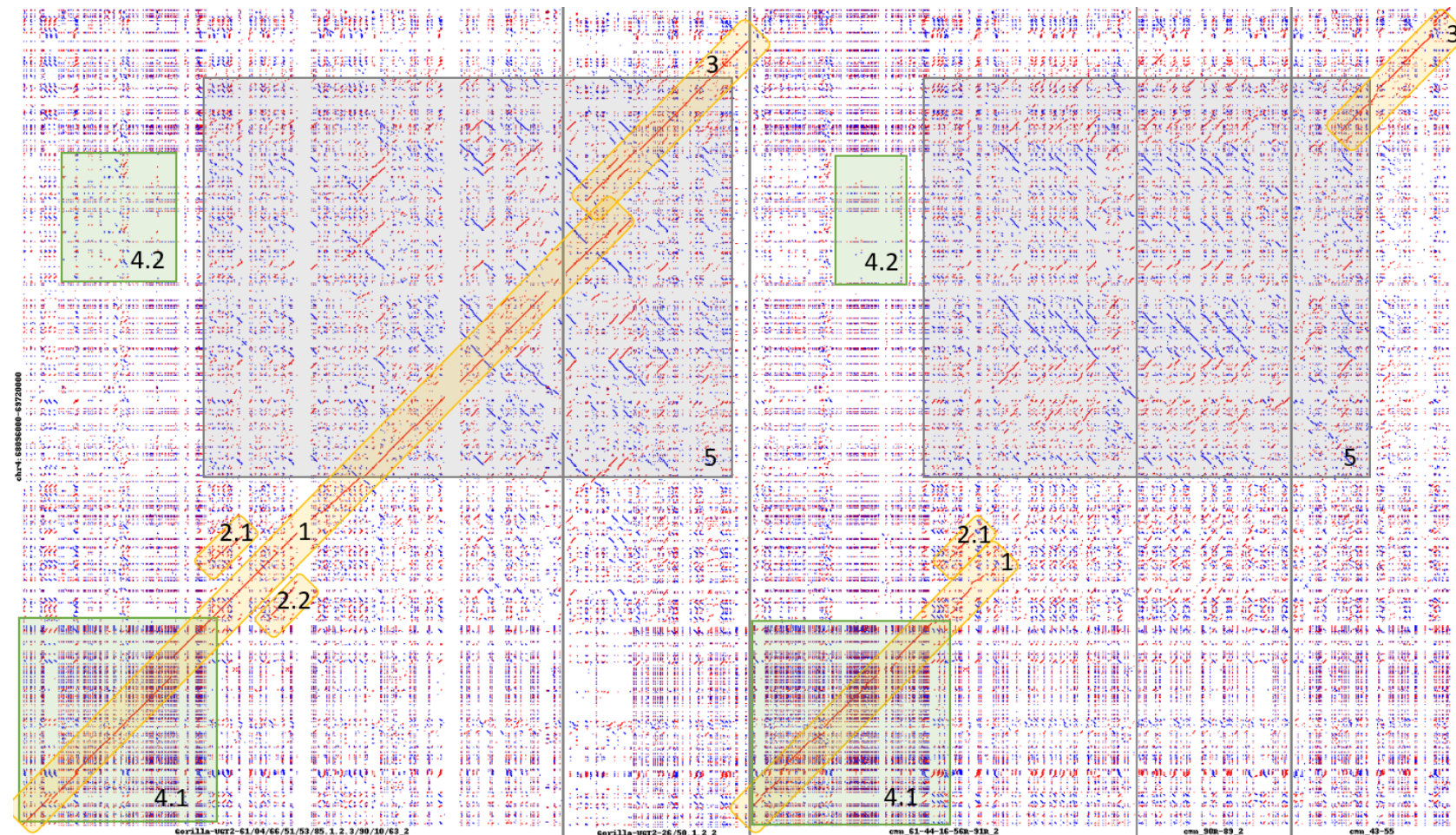
gorGor4 (2014)

gorGor5 (2016)

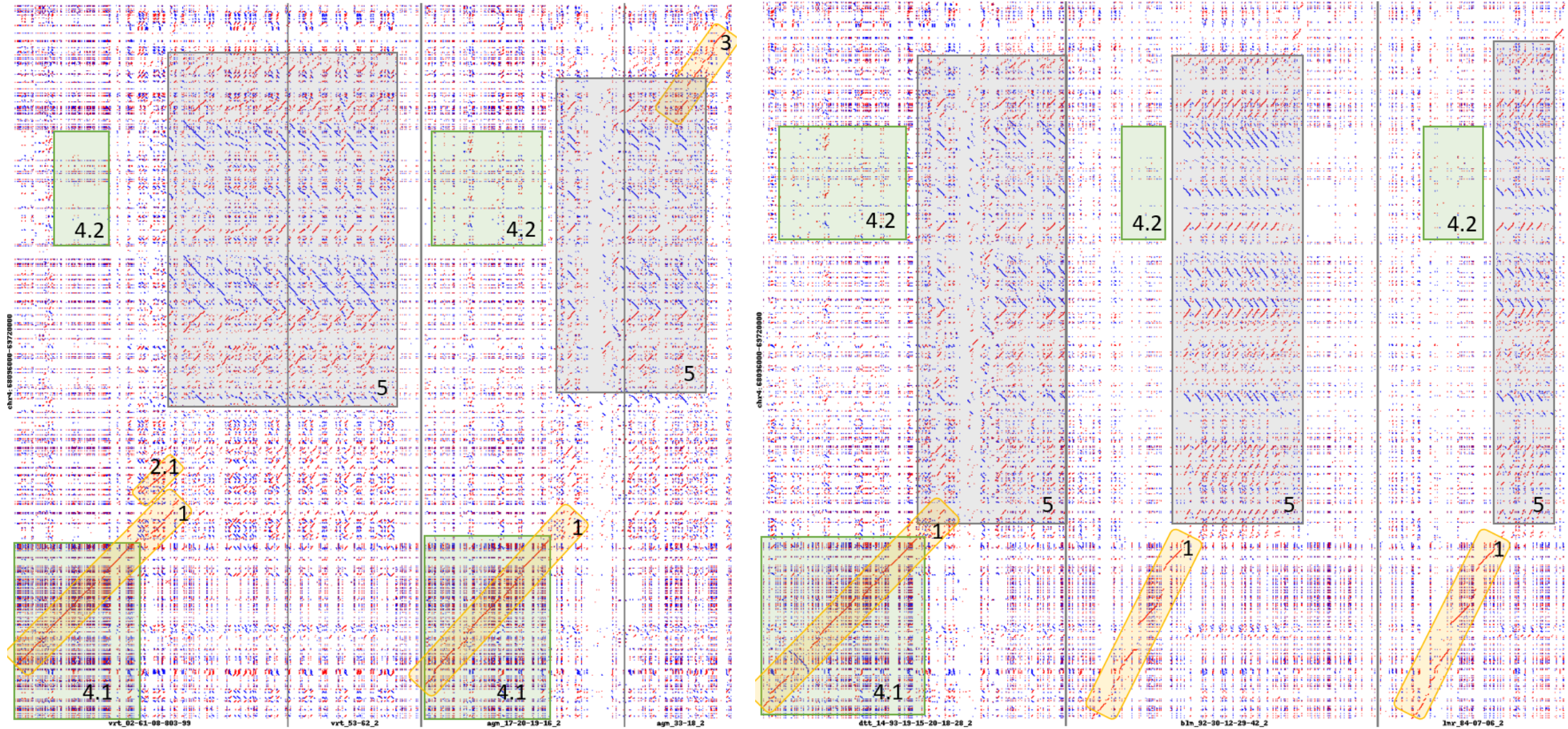


II. Zarovnanie génového klastra UGT2 gorily voči dostupným genómom v databáze

gorila nižinná & colobus



mačiak grivet, pavučiak stredoamerický, červenoburchý titi, lemur čierny & lemur kata



MOTIVÁCIA DO BUDÚCNA

- Zoskladanie zvyšných génových klastrov, ktoré sú už osekvenované, aplikovať obdobné postupy a analýzu
- Sústrediť sa na štruktúru UGT2 klastra podrobnejšou analýzou zarovnaní a viacerými porovnaniami medzi primátmi

ĎAKUJEM ZA
POZORNOST

ODPOVEDE NA OTÁZKY

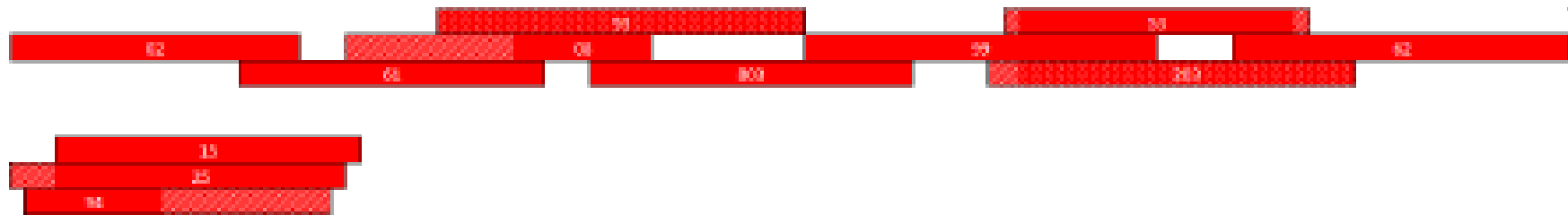
Otázky od oponenta: Tina Višnovská, PhD.

Akým spôsobom boli identifikované BACy patriace do klastra UGT2 (tabuľka 4.1)?

TARGET	REGION	STATUS	LIB_CODE	SPECIES	DATE_SET	GENBANK
199	UGT2	Phase 1	abgp	ag_monkey	02-JUN-10	AC241217
199	UGT2	Phase 2.5	abgp	ag_monkey	25-JUN-10	AC241217



Ak sa pozrieme na obrázok 4.3, časť g) na strane 31, je možné iba na základe dát použitých v tejto práci rozhodnúť, či sa zhodujúca sekvencia z BACov 15, 25 a 94 v skutočnosti nachádza v skúmanom UGT2 klastri druhu *Chlorocebus aethiops* raz, dvakrát alebo trikrát? Ak je to možné rozhodnúť, tak akým spôsobom, a ak sa to rozhodnúť nedá, aké dodatočné dáta by mohli pomôcť zodpovedať túto otázku?



(g) African green monkey

AC234008.2	AC234053.2	AC234293.2	AC234803.2	AC241202.2	AC241203.3	AC241899.2	AC242561.2	AC242562.4	AC242625.2	AC245615.2	AC245694.2
AC234008.2											
AC234053.2											
AC234293.2											
AC234803.2											
AC241202.2											
AC241203.3											
AC241899.2											
AC242561.2											
AC242562.4											
AC242625.2											
AC245615.2											
AC245694.2											

chr4: 68096000-69720000

