Plan van Aanpak

Project Lumbricus terrestris

A shiny fish with a small white bug

Description automatically generated with medium confidence

Project 'Lumbricus terrestris'

Naam projectleden: Laïsja Thomasia , Alena Savachenko

Opdrachtgever : Chris van Oevelen

Versie : 1.0

Regenwormen zijn bodembewonende wormen die behoren tot de familie Lumbricidae. Regenwormen spelen een heel belangrijke rol in het ecosysteem, vooral in de bodem.

Regenwormen zijn bekend om hun vermogen om organisch materiaal, zoals dode bladeren en plantenresten, af te breken en te verwerken tot humus, een voedzame stof die belangrijk is voor planten.Lumbricus terrestris, ook wel de gewone regenworm of zandworm genoemd, is een van de bekendste en grootste soorten regenwormen. Volwassen Lumbricus kunnen tussen de de 20 en 30 cm lang worden, en in uitzonderlijke gevallen zelfs tot 40 cm. Lumbricus terrestris hebben een een roze-bruine kleur en is voorzien van segmenten, met een duidelijk zichtbaar clitellum. Ze hebben ook een lichaam die cilindrisch is, met een glad oppervlak en segmenten die door een dunne slijmlaag verbonden zijn.

in dit project wordt er een genoom annotatie uitgevoerd op Lumbricus terrestris. Genoomannotatie is het proces waarbij wetenschappers de verschillende functies van de genen en andere elementen binnen het genoom van een organisme identificeren en labelen.

Het doel van genoomannotatie is om de informatie in het DNA te begrijpen, zodat onderzoekers kunnen bepalen welke stukken van het genoom coderen voor eiwitten, welke functies deze eiwitten hebben, en hoe ze bijdragen aan de werking van de cel of het organisme.

Dit wordt uitgevoerd met de behulp van C.elegans als basemodel voor L. terrestris. Dit is omdat C. elegans goed geannoteerd is en als modelorganisme gebruikt kan worden voor de genoom annotatieprocess van Lumbricus terrestris.

In vergelijking met Lumbricus terrestris is het genoom van C. elegans is relatief klein met een compleet en gedetailleerd overzicht van de genen.

Het hele annotatieproces bestaat over het algemeen uit de volgende stappen:

1) Het maskeren van sterk repetitieve elementen in de genoomsequentie om annotatie te vergemakkelijken;

2) het gebruik van transcripten en eiwitten van dezelfde of verwante soorten om ab initio voorspellingen van genstructuren te verifiëren;

3) gebruik van ab initio genzoekalgoritmen om mogelijke genstructuren te identificeren;

4) het combineren van deze gegevens om een eerste reeks genmodellen te creëren;

5) filteren van de resultaten op kwaliteit om de meest waarschijnlijke genmodellen te identificeren die volledige eiwitcoderende regio's.(ncbi.nlm.nih.gov n.d.)

**Een overzicht van publiek beschikbare genomen en annotaties in de soort Lumbricus terrestris**

Er zijn echter maar een paar artikelen in de literatuur die de assemblage en annotatie van het Lumbricus terrestris genoom onderzoeken. Voor het eerst wordt een gedetailleerde genoomassemblage van de genen van een soort Lumbricus terrestris gepubliceerd op 30 oktober 2023(Blaxter, Spurgeon, and Kille 2023). Deze genoomassemblage is de eerste publiekelijk openbaar beschikbare bron voor het een soort Lumbricus terrestris. Dankzij de snelle vooruitgang van high-throughput sequencing technologieën de long-read -sequencing technologieën van Pacific Biosciences hebben het genoom gesequencet en gepubliceerd. Het gepubliceerde genoom, hoewel compleet op het niveau van de sequentie, een zeer gefragmenteerde annotatie analyse. De regenwormvariëteit wordt gekenmerkt door een hoge morfologische variabiliteit. Verdere studie van de metadata van genoomassemblages zal de ontwikkeling en het testen van moleculair genetische bio-informatica protocollen en algoritmen mogelijk maken.Gedetailleerde en systematische studies van de annotatie van het Lumbricus terrestris genoom ontbreken tot nu toe in de literatuur.

Doelstellingen van het onderzoek

* het verkrijgen van een annotatie van het volledige genoomannotatie van Lumbricus terrestris en de verbetering ervan met behulp van genoomvoorspelling van transcriptiestartsites
* structurele en functionele genoomanalyse Lumbricus terrestris

- analyse van regulerende relaties tussen genoomelementen Lumbricus terrestris.

Op basis van het gestelde doel werden de volgende doelstellingen geformuleerd:

1. het analyseren van genoommodel en de de relatieve inhoud van sterk repetitieve

Elementen in het genoom van de Lumbricus terrestris. (Augustus soft, RepeatModeler, RepeatMaster, Breaker)

2. het uitvoeren van structurele en functionele annotatie van genen voor de

Lumbricus terrestris en vergelijken met de beschikbare annotaties (BLAST,GO, MAKER2)

3. Retraining Augustus (TopHat, Cufflinks)

Pipline:

Fasta-file ref. genoom -> augustus, output gff3 -> functionele annotatie Blast (input: eiwitsequentie augustus)- > visualisatie (ref. genoom, ref. trasncripts)

Blaxter, Mark L., David Spurgeon, and Peter Kille. 2023. ‘The Genome Sequence of the Common Earthworm, Lumbricus Terrestris (Linnaeus, 1758)’. *Wellcome Open Research* 8:500. doi: 10.12688/wellcomeopenres.20178.1.

ncbi.nlm.nih.gov. n.d. ‘The NCBI Eukaryotic Genome Annotation Pipeline’. Retrieved 25 November 2024 (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/refseq/annotation\_euk/process/).