

Изучение РНК-структур

1. GtRNADB database - база данных tRNA

<http://gttnadb.ucsc.edu/>

Посмотрим на структуру tRNA.

human hg19 -> High Confidence tRNA Gene Set -> рассматриваем один из них, все характеристики. Не закрываем окно со структурой, будем потом сравнивать с другим предсказанием.

View in genome browser. Обращаем внимание на аннотацию ChIP-seq clusters (factorbook motifs).

Repeat elements - логично, ведь нужны комплементарные участки для сворачивания в структуру.

Загружаем последовательность.

1. Vienna Package.

Содержит много web-сервисов для анализа РНК-структур

<http://rna.tbi.univie.ac.at/>

RNA-fold – web-version

<http://rna.tbi.univie.ac.at/cgi-bin/RNAWebSuite/RFold.cgi>

Взять любую последовательность ДНК длиной в диапазоне от 100 до 500 нуклеотидов. Свернуть ее в структуру. <http://rna.tbi.univie.ac.at/cgi-bin/RNAWebSuite/RFold.cgi>

Можно случайным образом набить последовательность РНК и также свернуть ее в структуру. <http://rfam.xfam.org/>

Посмотреть, каким методом строится структура.

(Рассказать, что есть RNA-fold – command-line version. Для этого ставится ViennaPackage – <https://www.tbi.univie.ac.at/RNA/>

ViennaPackage содержит командную версию RNAfold. Посмотреть, какие еще существуют программы в ViennaPackage?)

RNAprobing - свернуть tRNA в структуру. Сравниваем со структурой из базы данных.

2. Structural alignment (LocARNA)

<http://rna.informatik.uni-freiburg.de/LocARNA/Input.jsp>

И сворачивает, и выравнивает последовательности. На вход только последовательности (можно со структурами).

Сперва загрузим свои последовательности:

Выбираем 4 последовательности tRNA с <http://gtrnadb.ucsc.edu/> (первые 4 из high confidence), запускаю.

Выполнить 4 примера с сайта

Try LocARNA with these **examples**:

- snoRNAs with constraints
- tRNA alignment with fixed structure
- tRNA alignment
- RNA Boundaries with LocARNA-P

Имея набор последовательностей, можно найти консенсную структуру, скачать её (download alignment structure). Затем можно находить последовательности, образующие данную структуру, в геномах. RNAinverse web server () - найти последовательность по структуре

3. Rfam (Infernal)

Посмотреть три структуры (скриншоты) регуляторных РНК человека - snRNA, snoRNA, miRNA

Extra:

4. [RiboD: A comprehensive database for prokaryotic riboswitches](http://ribod.iiserkol.ac.in/)

<http://ribod.iiserkol.ac.in/>

RiboD is a database of prokaryotic riboswitches that provides a comprehensive list of computationally predicted riboswitches, riboswitch regulated genes and operons from the

sequenced prokaryotic genomes available in the [RefSeq](#). Currently, the RiboD database contains riboswitches for 1777 prokaryotic genomes and covers 31 metabolite and ion sensing riboswitch classes.