

Оценка разнообразия и степени дивергенции повторов в различных эукариотических геномах

ПАВЕЛ ДОБРЫНИН, НИКИТА КАРТАШОВ, ВАРВАРА КОНОНОВА, АЛЕНА
МАЯКОВСКАЯ, НАДЕЖДА ПОТАПОВА

Задачи

- ▶ Попытаться найти области консервативности в повторах двух типов LINE/L1 и SINE/tRNA.
- ▶ Определить насколько сильно отличаются повторы разных видов внутри семейства, используя дивергенцию от исходного генома как метрику.

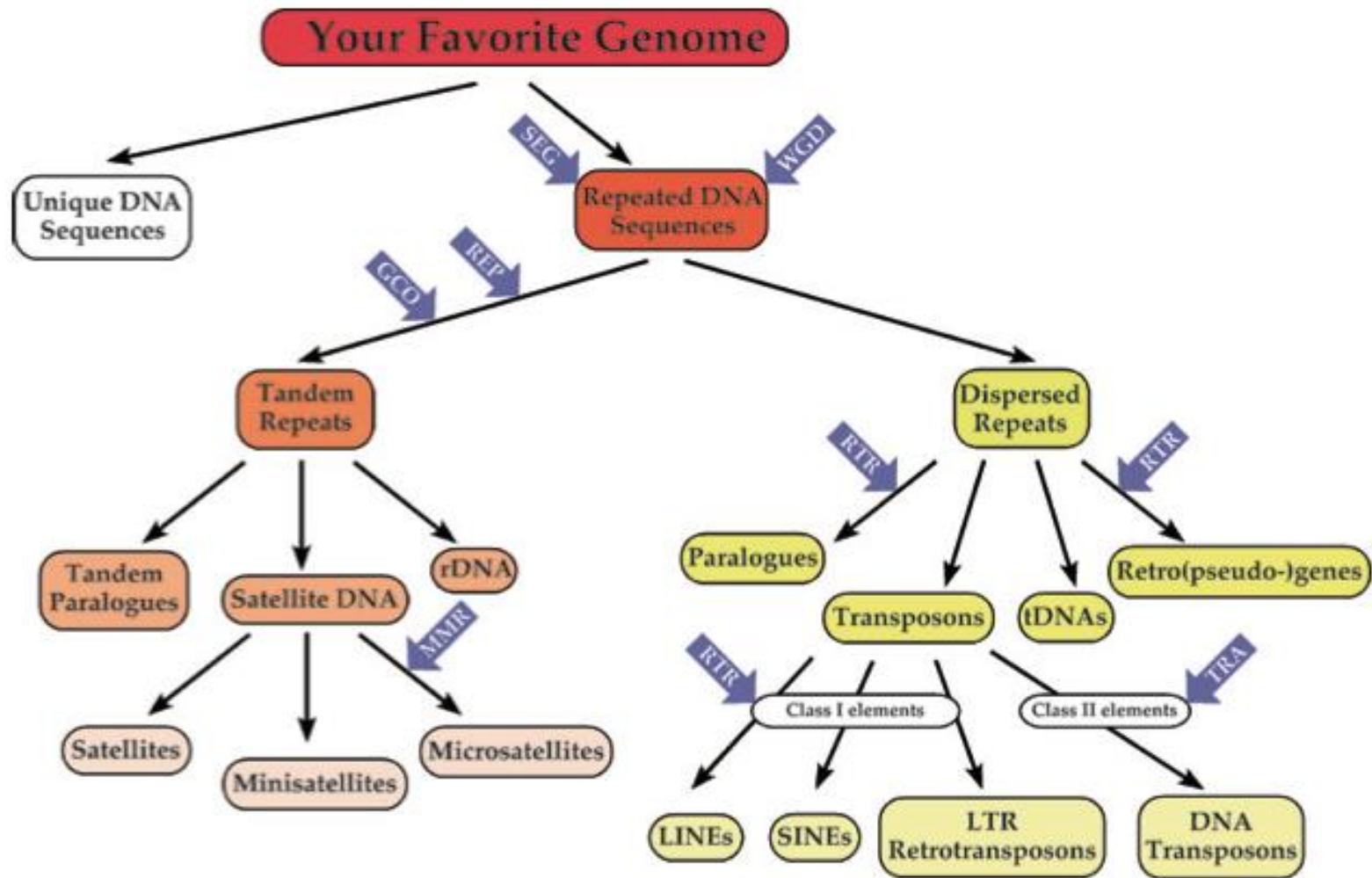
Что?

Повторы - дублирование цепочек нуклеотидов в геномной последовательности.

Повторы: tandemные и диспергированные.

Tandemные повторы не были рассмотрены в результате работы.

Диспергированные повторы



LINE/L1

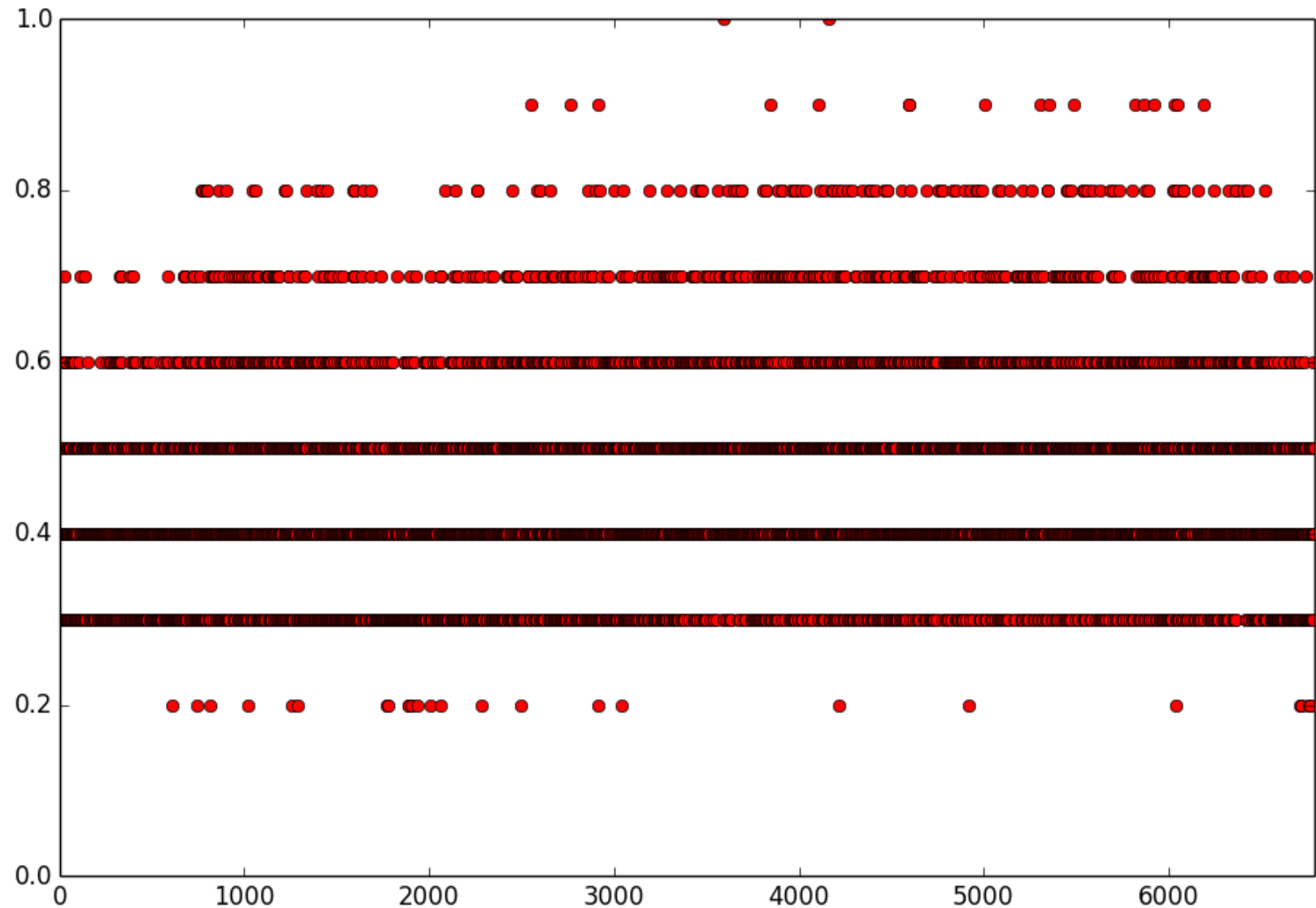
Stats

- ▶ Входные данные - геном гепарда *acinonyx jubatus*
- ▶ Обработан: TRF, dust, RM для поиска повторов, выравнивание выполнялось в *Clustal Omega* и *MUSCLE*
- ▶ Размер входного генома: 2 375 874 546 bp
- ▶ Всего найдено повторов: 3 558 537
- ▶ из полностью совпавших: 107 761

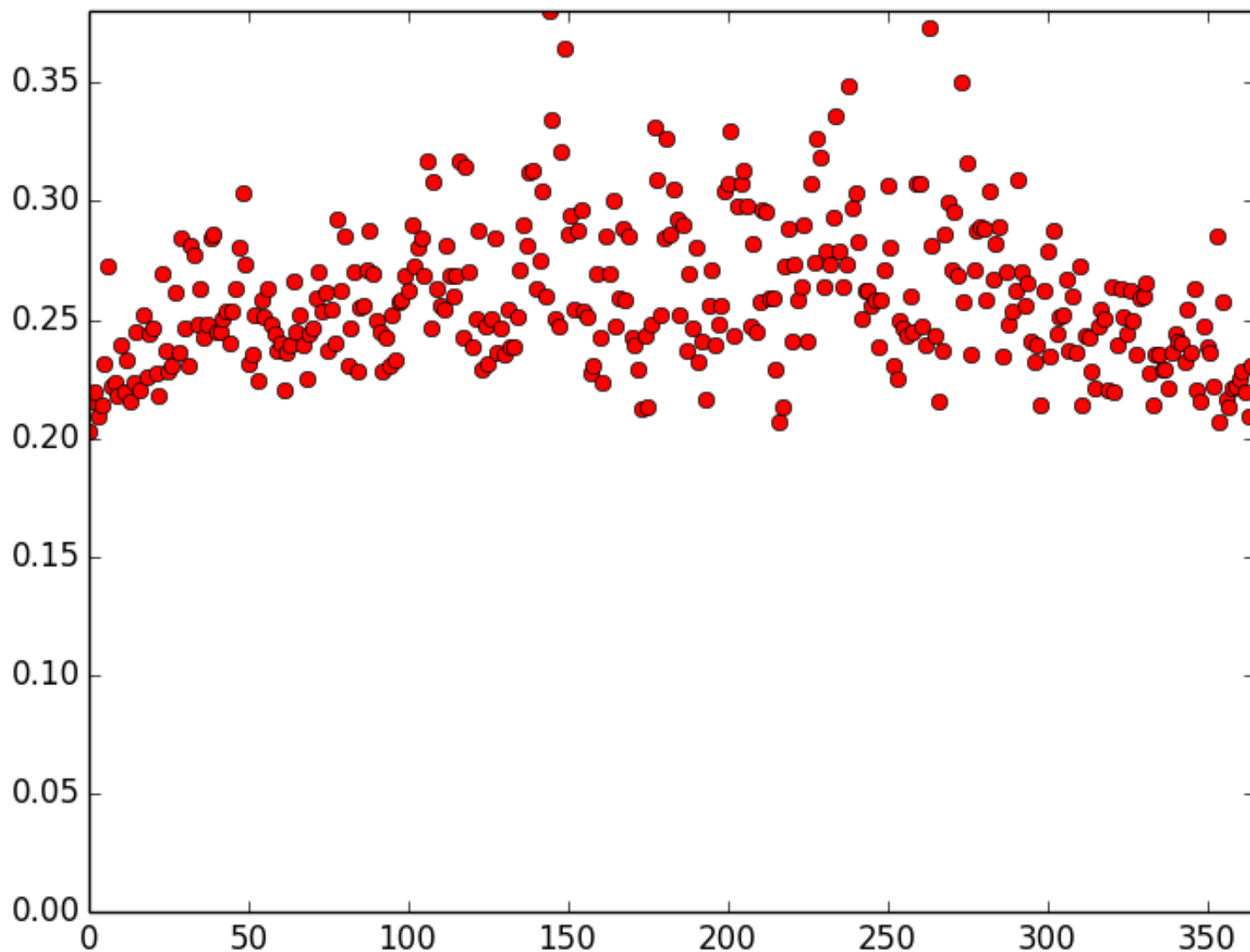
Консервативность LINE повторов

По горизонтали:
номер нуклеотида в
последовательности

По вертикали:
консервативность

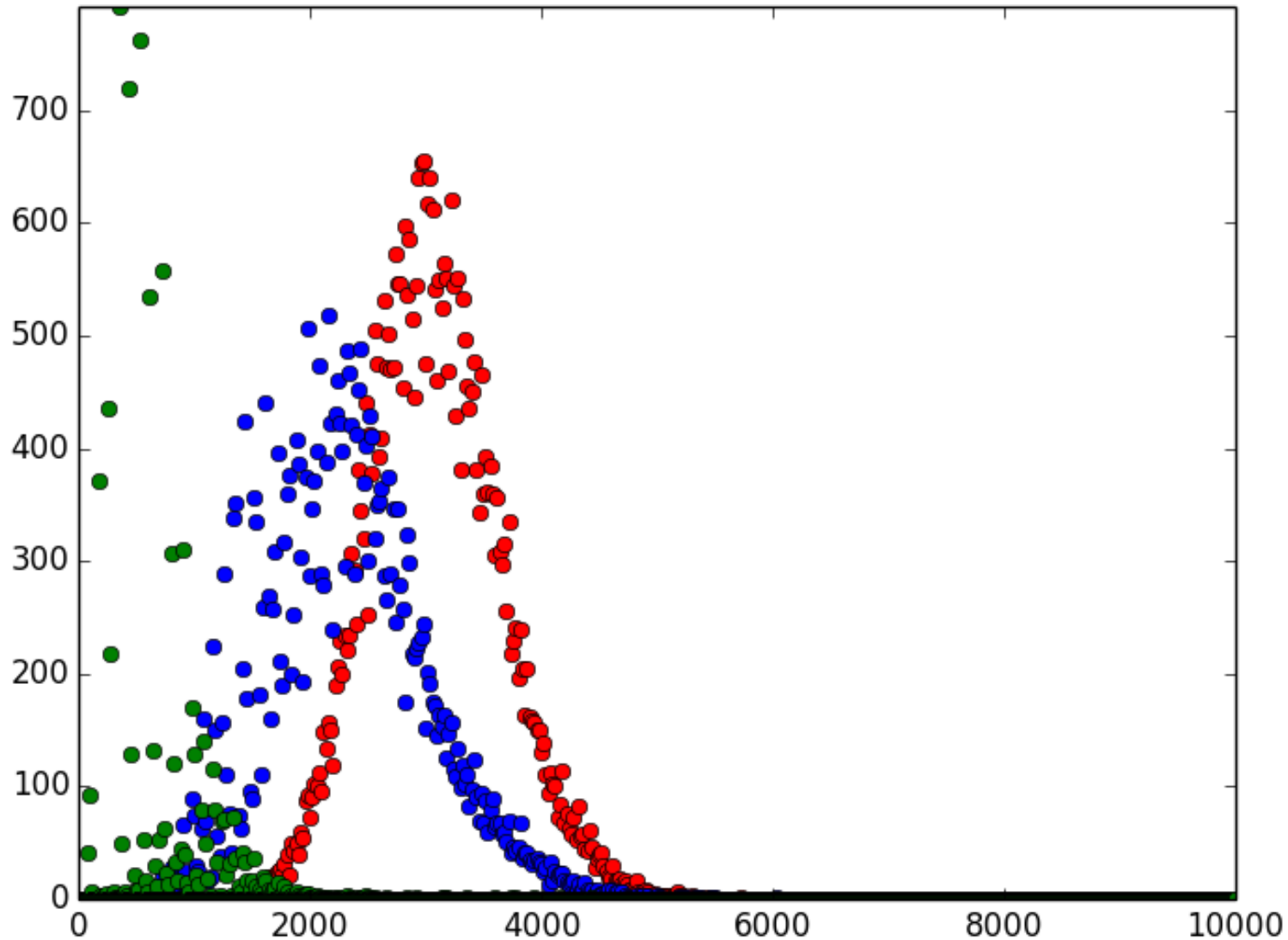


Консервативность LTR/ERV1 повторов



По горизонтали:
номер нуклеотида в
последовательности
По вертикали:
консервативность

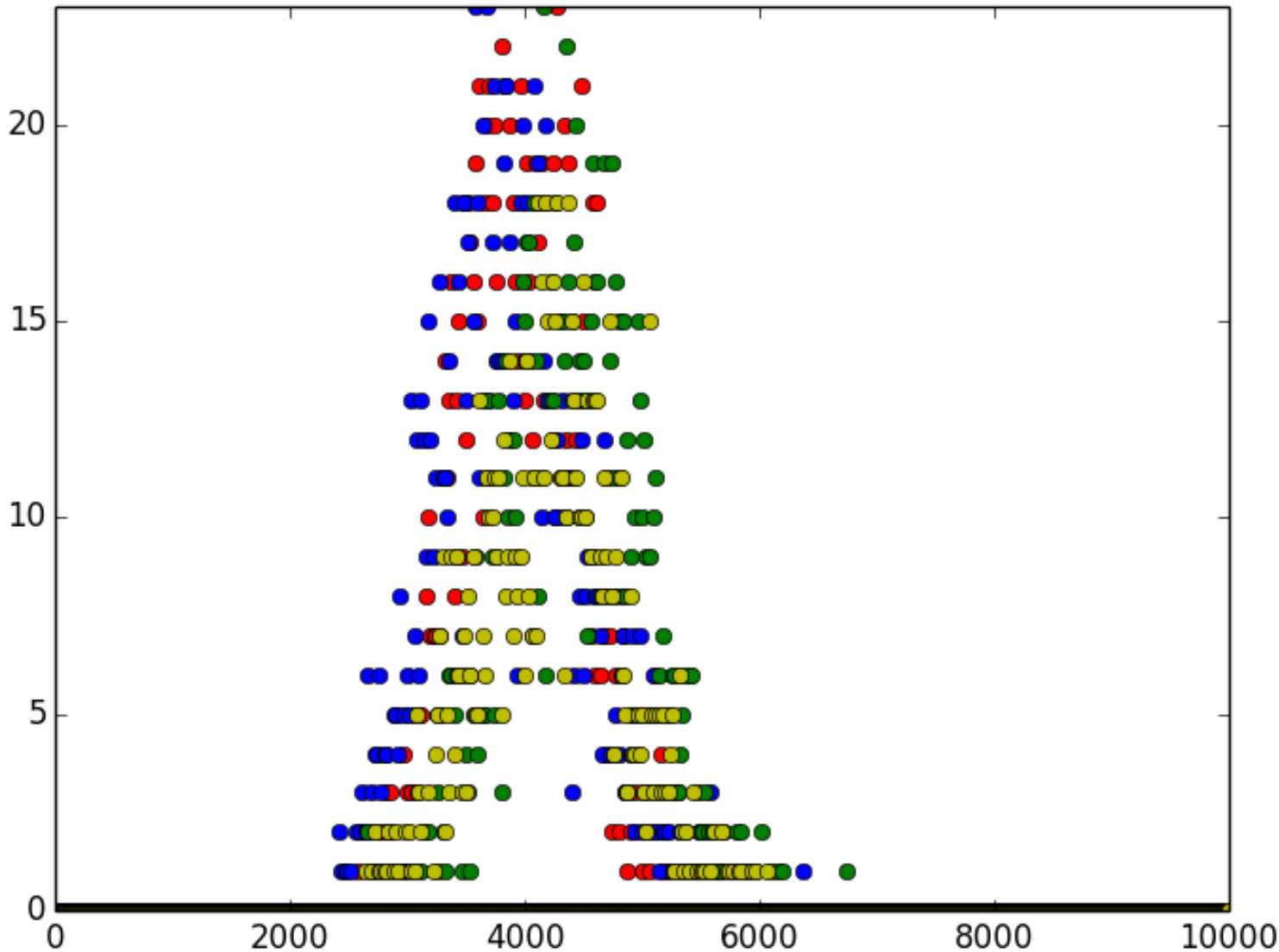
SINE/tRNA повторы



По горизонтали:
дивергенция от 0 до 50
По вертикали:
количество повторов

SINEC_Fc3 - красным,
SINEC_Fc2 - синим,
SINEC_Fc - зеленым.

LTR/ERV1 повторы



По горизонтали:
дивергенция от 0 до 50
По вертикали:
количество повторов

MLT1A0 - красным,
MLT1B - синим,
MLT1D - зеленым,
MLT1C - желтым.



Спасибо за внимание..... Спасибо за внимание