

Статистический анализ свойств мишеней микроРНК

Кирилл Просви́ров Антонович

Студент (специалист)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

E-mail: prosvirov.k@gmail.com

Определение мишеней микроРНК необходимо для понимания регуляции экспрессии генов, но является трудной биоинформатической задачей. Биоинформатически тяжело понять характерные свойства мишени микроРНК. Как следствие, результаты современных алгоритмов предсказания мишеней имеют значительное расхождение как с экспериментальными данными, так и между собой. В данной работе мы занимались исследованием свойств сайтов связывания и микроРНК

В качестве материалов использовалась база мишеней микроРНК TargetScan и язык программирования Python. Для сравнительного геномного анализа использовались следующие виды: *Homo sapiens*, *Macaca Mulatta*, *Mus Musculus*, *Felix catus*, *Loxodonta africana*, *Otolemur garnetti*, *Monodelphis domestica*, *Ornithorhynchus anatinus*.

В результате исследования были получены распределения таргетов вдоль 3'-нетранслируемой области как для эволюционно консервативных сайтов связывания, так и для неконсервативных. Распределение для неконсервативных сайтов было сравнено с распределением сайтов вдоль случайных бернуллиевских последовательностей. Распределения были построены для всех видов сайтов: 8mer, 7mer-m8, 7mer-1A, 6mer. Также было исследовано явление кооперативной регуляции мРНК с помощью микроРНК. Было изучено предсказание консервативных сайтов в зависимости от их относительно смещение во множественном выравнивании.

Полученные распределения полностью подтверждают теорию взаимодействия микроРНК с мРНК через поли-А, которое влияет на трансляцию, для консервативных сайтов связывания. Полученный график кооперативности отрицает наличие эффект кооперативной регуляции одной мРНК двумя микроРНК.

Иллюстрации

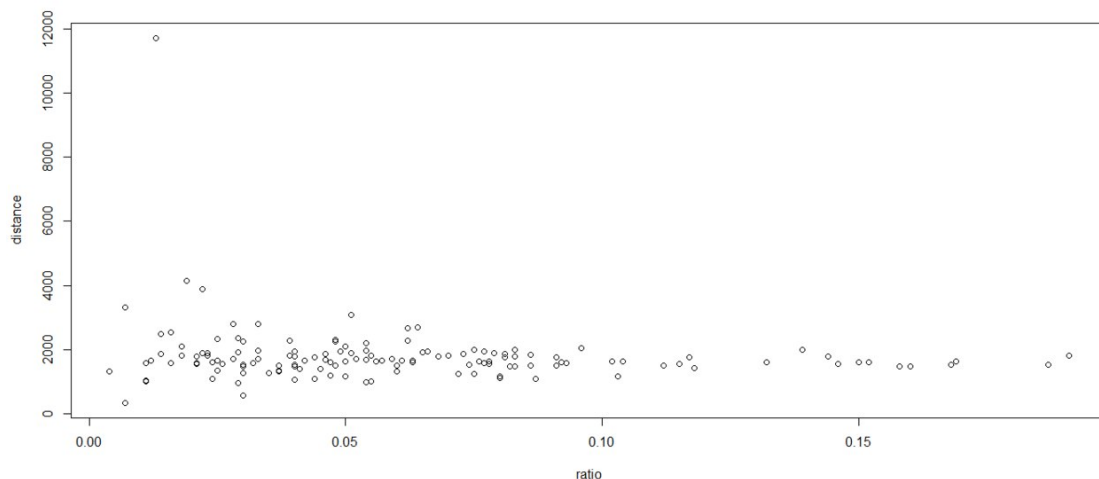


Рис. 1. Кооперативность микроРНК. По оси абсцисс - отношение пересечения набора мишеней к объединению для одной пары микроРНК, по оси ординат - средняя длина между сайтами на одной мРНК.

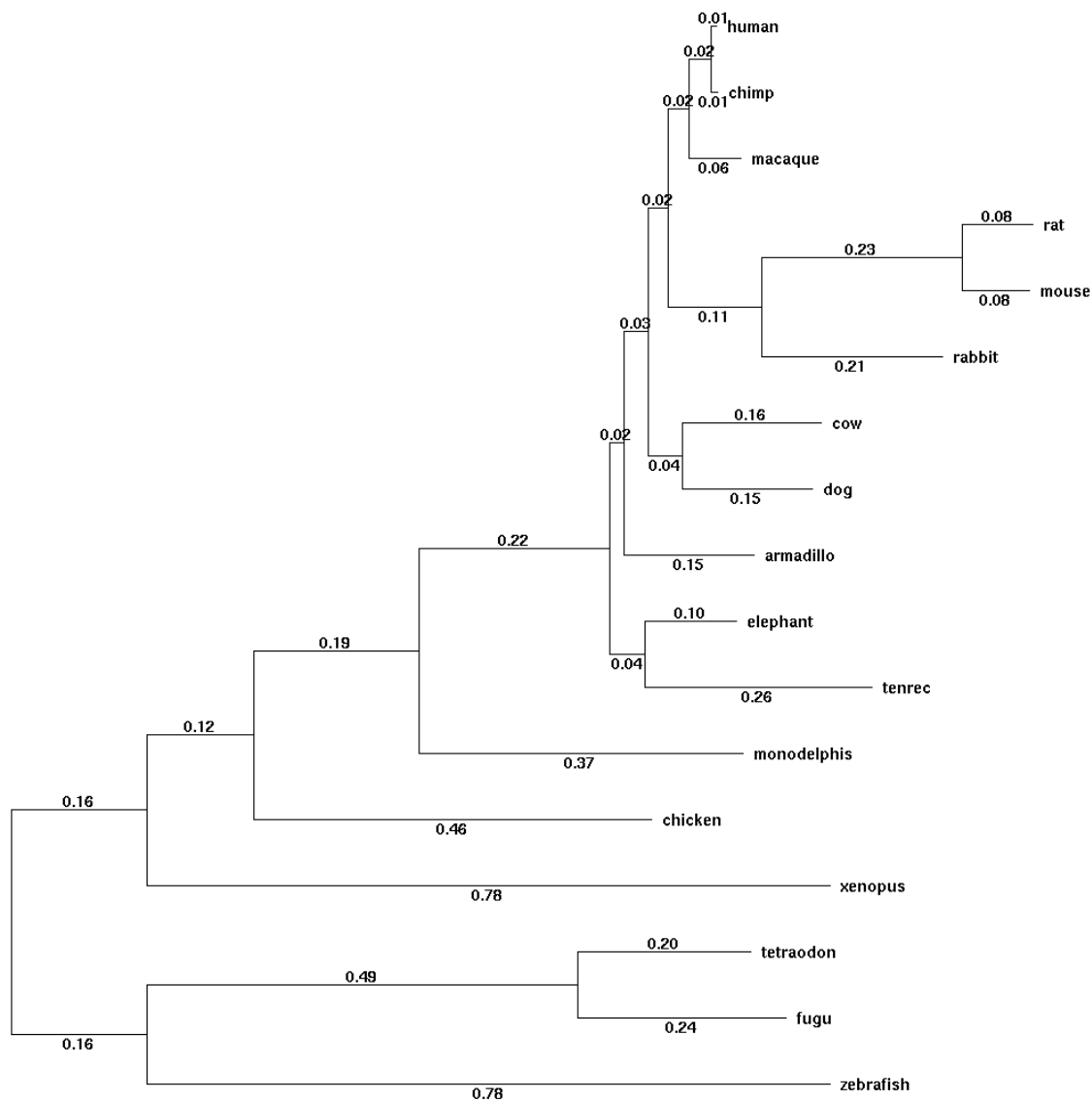


Рис. 2. Филогенетическое дерево, использованное в работе

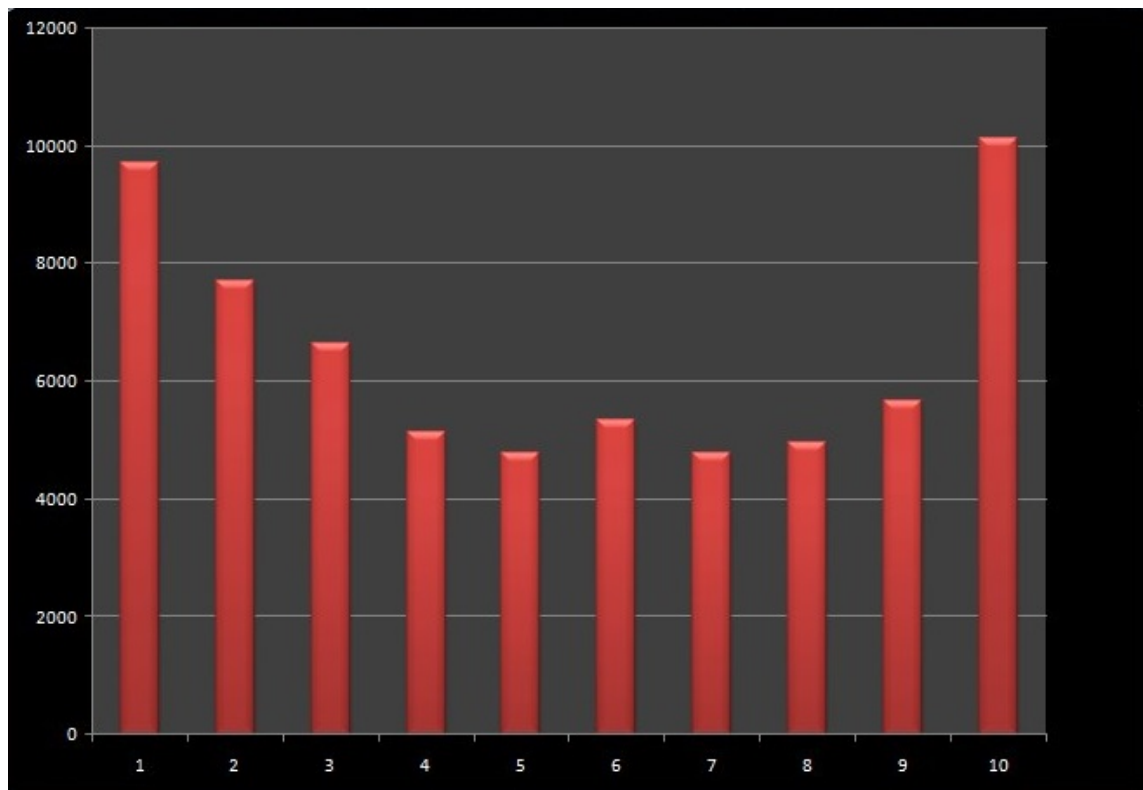


Рис. 3. Распределение консервативных мишеней вдоль 3'-нетранслируемой области. По оси абсцисс - номер десятой части длины области, по оси ординат - количество попавших сайтов связывания.