

Hľadanie génov (cvičenie)

Broňa Brejová

25.11.2021

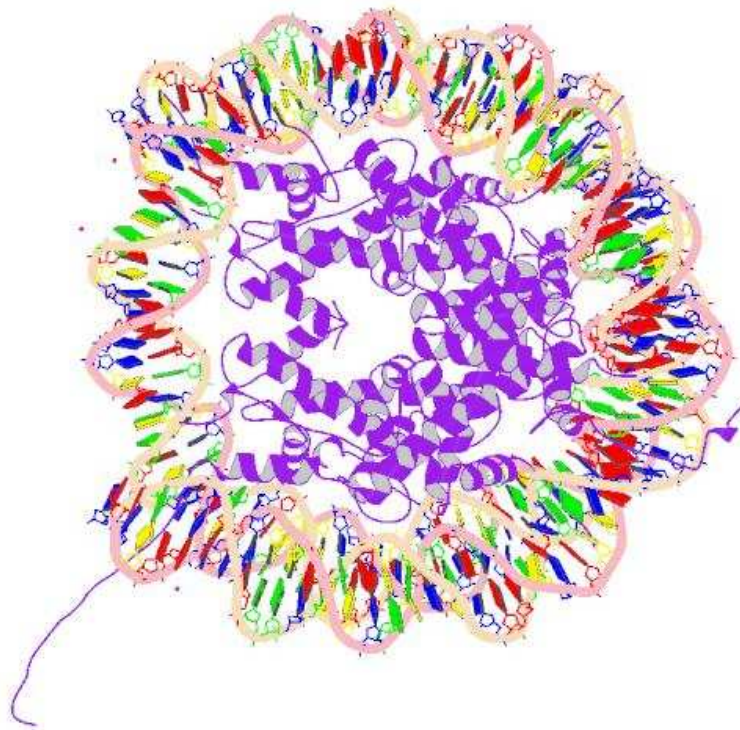
Hľadanie génov

Ideálne kombinácia výpočtových modelov a experimentálnej informácie

- RNA-seq
- Metódy na detekciu proteínov
- Komparatívna genomika (celogenómové zarovnanie, zarovnanie proteínov z príbuzného organizmu)
- Stav chromatinu, histónové modifikácie

Históny a nukleozómy

- DNA v chromozónoch ovinutá okolo nukleozómov pozostávajúcich z histónov H2A, H2B, H3, H4
- 146 báz ovinutých okolo nukleozómu, cca 50 báz medzi nukleozómami

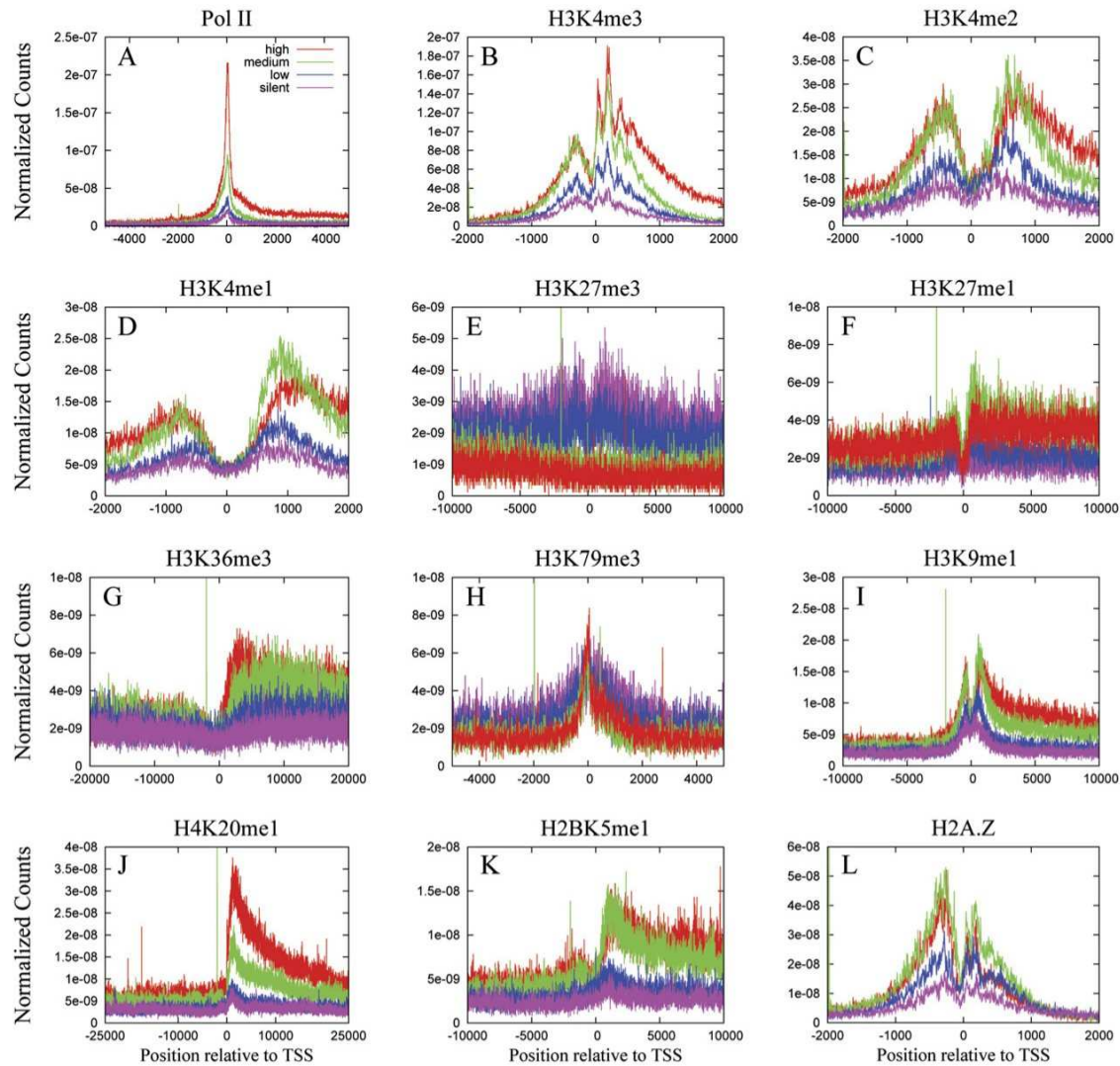


Histónové modifikácie

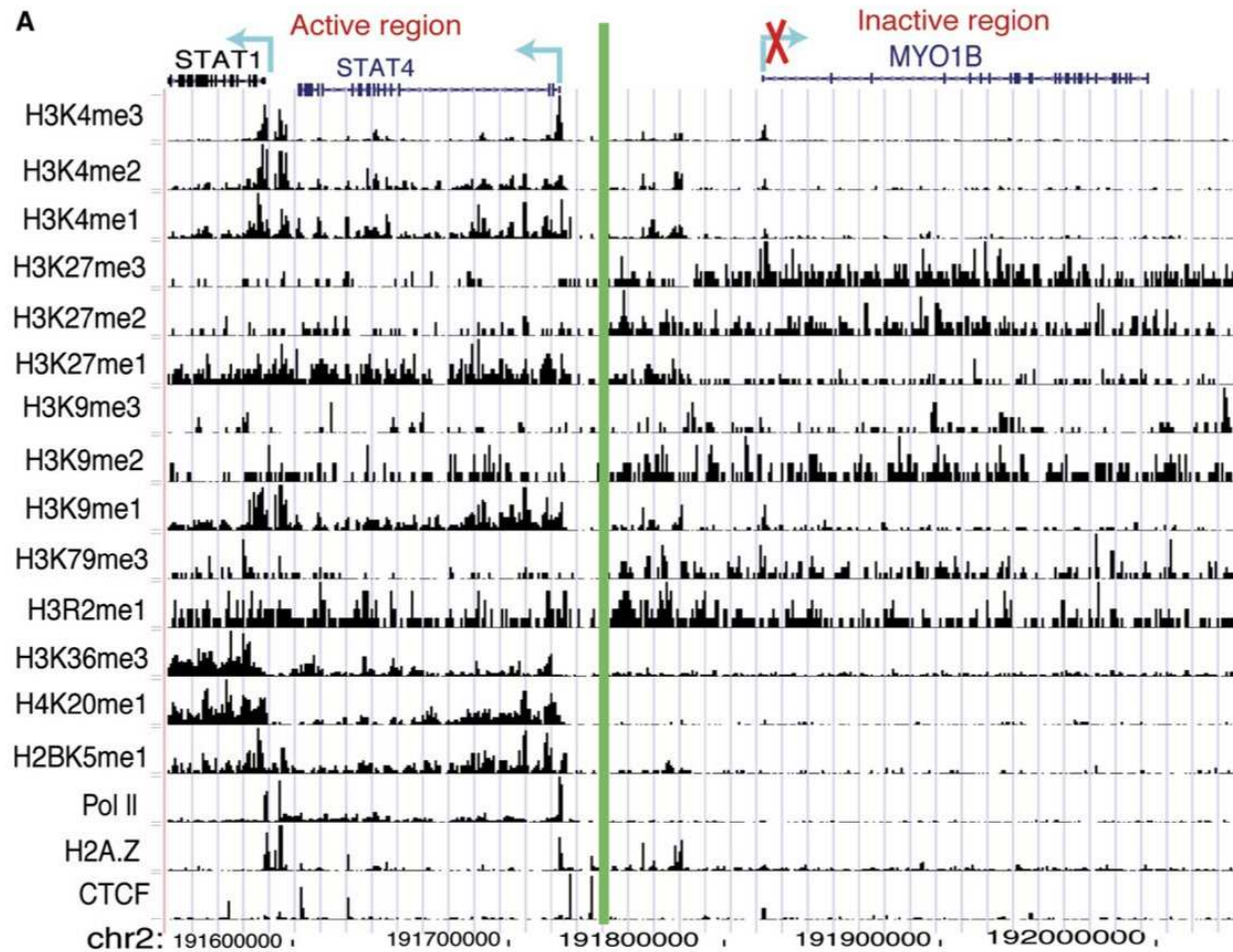
- Posttranslačné modifikácie, napr. metylácia
- Označenie napr. H3K4me1 je (mono-)metylácia štvrtej amino kyseliny (lyzínu) v proteíne H3

Zisťovanie v genóme

- Enzýmom nasekáme DNA medzi nukleozómami
- Nukleozómy s danou modifikáciou extrahujeme pomocou protilátky (chromatin immunoprecipitation, ChIP)
- Extrahovanú DNA identifikujeme pomocou microarray alebo sekvenovaním a mapovaním na genóm (ChIP-chip alebo ChIP-seq)



Priemerné profily okolo začiatku transkripcie, Barski et al 2007



Konkrétne gény, Barski et al, The Cell, 2007