

Сравнительный анализ особенностей организации нуклеотидных последовательностей mRNA и длинных некодирующих lncRNA

ВОЛКОВА ОКСАНА АНАТОЛЬЕВНА

Институт цитологии и генетики СО РАН (Новосибирск), Россия

e-mail: ov@bionet.nsc.ru

КОНДРАХИН ЮРИЙ

Institute of Computational Technologies SB RAS (Новосибирск), Россия

ШАРИПОВ РУСЛАН НИЛЬЕВИЧ

ООО "БИОСОФТ.РУ"(Новосибирск), Россия

В настоящее время много внимания уделяется длинным некодирующим РНК (лнкРНК). Хотя лнкРНК были изначально классифицированы как некодирующие, применение технологии профилирования рибосом (Ribo-seq) позволило обнаружить транслируемые с некоторых из них функциональные пептиды. Технология Ribo-seq является мощным инструментом для экспериментального определения эффективности стадий инициации и элонгации трансляции РНК в клетке (с помощью харрингтонина, лактимидомицина и циклогексимида, соответственно). Мы разработали новую модель позиционной весовой матрицы для предсказания старта на основе данных Ribo-seq. Эта модель позволяет различать мРНК и лнкРНК человека с точностью 96%.

С помощью использования данной модели для предсказания открытых рамок считывания (ОРС) в РНК, было обнаружено, что почти все лнкРНК содержат только короткие ОРС (≤ 300 nt), чего не было обнаружено для мРНК.