

# Metody bioinformatyczne badania ekspresji, funkcji i regulacji transkrypcji wielu genów – zastosowanie w neurobiologii

Michał Dąbrowski

Pracownia Regulacji Transkrypcji, Zakład Biologii Komórki, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, ul. Pasteura 3, 02-093 Warszawa

---

## Streszczenie

Równoczesny pomiar ekspresji tysięcy genów na poziomie mRNA (profilowanie ekspresji), oraz poznanie sekwencji kilku genomów, otwierają możliwość badania rozwoju i funkcjonowania ośrodkowego układu nerwowego na poziomie zespołów genów, o wspólnej funkcji i/lub regulacji transkrypcji. Praktyczne wykorzystanie tej możliwości wymaga podejścia określonego jako biologia obliczeniowa / bioinformatyka / metody *in silico*. W referacie przedstawię metody analizy wyników profilowania ekspresji: sposoby reprezentacji i wizualizacji wzorów ekspresji, wybrane metody analizy skupień. Następnie zilustruję wykorzystanie anotacji funkcjonalnej genów, w tym automatycznej w oparciu o Ontologię Genów. Następnie omówię niektóre metody analizy *in silico* sekwencji cis-regulatorowych: sposoby ich identyfikacji w genomie, a w ich obrębie – motywów wiążących czynniki transkrypcyjne. Przedstawię stan badań nad cechami sekwencji cis-regulatorowych złożonymi z kilku motywów, oraz perspektywy przewidywania ekspresji genów na podstawie porównania ich sekwencji genomowej z sekwencją genów o znanej ekspresji. Omówię krótko programy: MeV (analiza skupień), GO4G (anotacja funkcjonalna), Toucan (pobieranie i analiza sekwencji cis-regulatorowych). Wykład zilustruję m. in. wynikami badań nad regulacją ekspresji genów w trakcie rozwoju hipokampa i różnicowania neuronów.

---