Suboptimální struktury hledají optimální RNA

J. Pánek, M. Schwarz, J. Vohradský

Nekódující RNA jsou regulační molekuly s geny v intergenových nebo intragenových oblastech genomů. V prokaryotech, bioinformatická identifikace nových homologů známých RNA v dalších druzích často selhává kvůli slabě evolučně konzervovaným sekvencím, strukturám, syntenii a genomické pozici, s výjimkou evolučně úzce příbuzných druhů. Kvůli eliminaci důsledků slabé evoluční konzervovanosti, zde jsme se zaměřili na využití struktury RNA, která je nejkonzervovanější vlastnost RNA. Analýza struktury jedné z dobře popsaných bakteriálních RNA, 6S RNA, ukázala, že na rozdíl od optimálních a konsensuálních struktur, suboptimální struktury jsou schopné zachytit homologii RNA i v divergentních druzích. Byla vytvořena výpočetní metoda pro identifikaci homologních RNA založená na suboptimálních strukturách. Metoda byla použita na silně divergentní druhy a byla schopná identifikovat v nich nové homologní RNA.