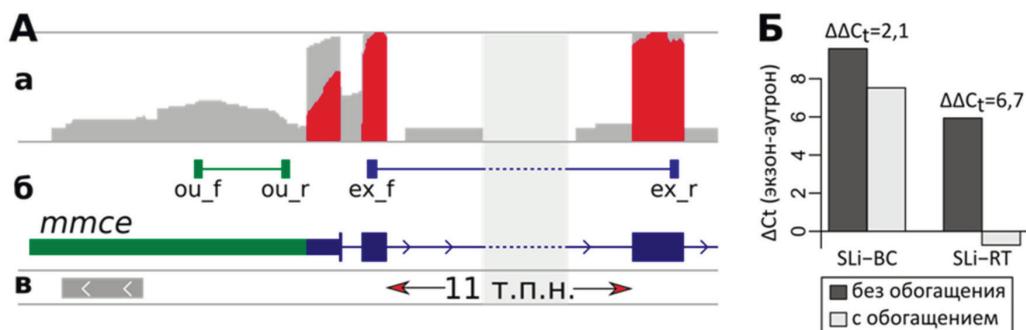


ПРИЛОЖЕНИЯ

к статье Н.И. Ершова, Д.Е. Маслова, Н.П. Бондарь
«Апробация различных вариантов RNA-seq для идентификации аутронов генов
у плоского червя *Opisthorchis felineus*»

Приложение 1

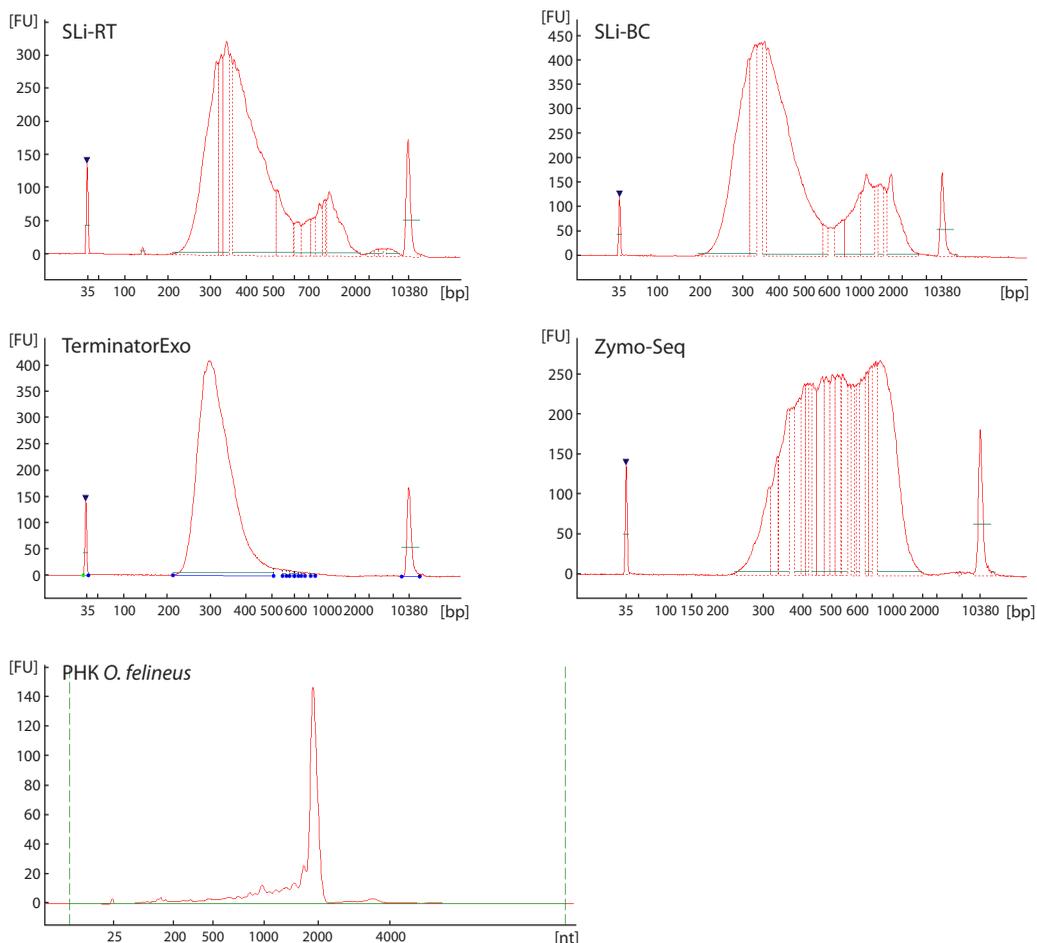


Оценка обогащения по Y-ауτροнам препаратов кДНК SLi-RT и SLi-BC методом ПЦР-РВ.

А – позиции праймеров, использованных для амплификации участков ауτροна (зеленый) и экзона (синий) гена *mmse*. В верхнем ряду (**а**) приведена гистограмма покрытия прочтениями библиотеки mRNA-seq в стандартной (красный) и логарифмической (серый) шкале. В нижнем ряду (**в**) приведен трек геномных повторов.

Б – результаты ПЦР-РВ по оценке обогащения препаратов РНК методами SLi-RT и SLi-BC, использованных для приготовления библиотек RNA-seq.

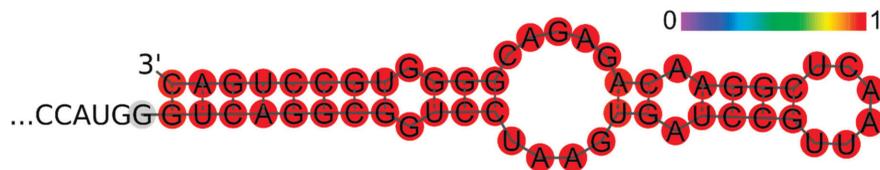
Приложение 2



Распределение длин фрагментов в библиотеках RNA-seq и препарате тотальной РНК, полученное с помощью Agilent 2100 Bioanalyzer.

По оси X представлена длина фрагментов (число нуклеотидов), по оси Y – уровень флюоресценции.

Приложение 3



Предсказанная вторичная структура 3'-участка 28S α рРНК *O. felineus*.

Для предсказания структуры был использован веб-сервис RNAfold (<http://rna.tbi.univie.ac.at/cgi-bin/RNAWebSuite/RNAfold.cgi>). Цветовая шкала оснований соответствует вероятности образования соответствующих пар оснований.