

ERINIJA PRANCKEVIČIENĖ

Tyrimų sritis: Skaičiuojamieji algoritmai tirti DNR sekų supakavimą ir chromatiną dinamiką.

Pagrindiniai paveldimos informacijos nešėjai DNR molekulės sąveikoje su baltymais histonais sudaro nukleosomas. Susiorganizavę nukleosomos sudaro 30 nanometrų skersmens pluoštą kuris susipakuoja į labai kompaktišką erdvinę struktūrą vadinamą chromatinu, kuris organizmų ląstelių branduoliuose sudaro chromosomas. Chromatino kompaktizaciją labai įtakoja DNR nukleotidų sekos raštai (angl. „patterns“). Mūsų tyrimų kryptis yra kūrimas ir taikymas skaičiuojamųjų algoritmų kurie skirti aptikti nukleotidų išsidėstymo dėsninumus DNR sekose, kurie įgalina chromatiną susiorganizavimą į labai kompaktiškas struktūras.

Pagrindinės publikacijos

Pranckevičienė, E., Hosid, S., Liang, N., & Ioshikhes, I. (2020). Nucleosome positioning sequence patterns as packing or regulatory. *PLoS Computational Biology*, 16(1), e1007365.

Pranckevičienė, E., Hosid, S., Maziukas, I., & Ioshikhes, I. (2022). Galaxy Dnpatterntools for Computational Analysis of Nucleosome Positioning Sequence Patterns. *International journal of molecular sciences*, 23(9), 4869.