

RESULTATS

RESULTATS

Els resultats han estat obtinguts, esglaonadament, en tres nivells:

1. Patró de bandes resultant de la RAP-PCR
2. Seqüències resultants de la clonació de bandes retallades d'1.
3. Hibridació "in situ" sobre fetus de rata sencers tallats en el pla sagital, amb *sondes fredes*, procedents de la clonació de bandes, prèviament seqüenciades

1. Patró de bandes resultant de l'amplificació RAP-PCR

Amb l'electroforesi dels cDNA resultants de la RAP-PCR s'obtingué un patró de bandes, reproducible, compostat per 128 bandes.

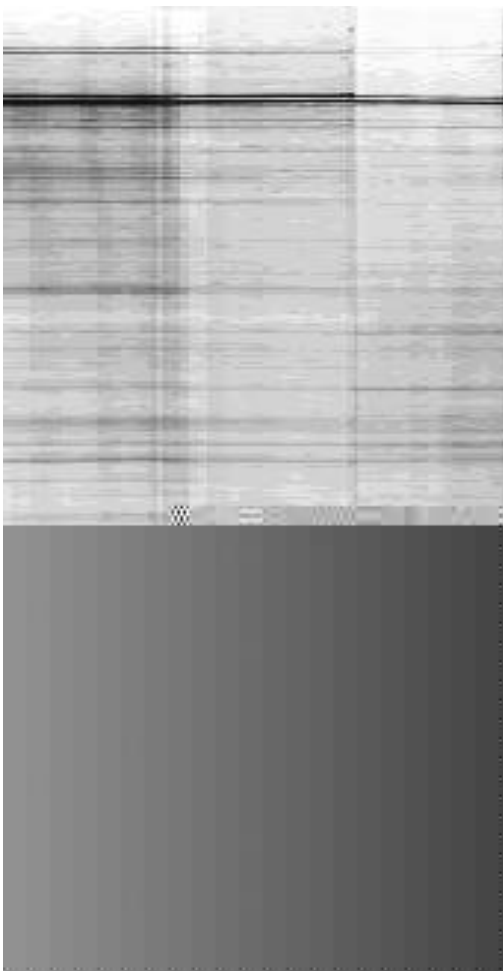


Figura 21. Fragment d'un gel desnaturalitzant d'acrilamida en què s'observa el **patró de bandes** generat amb el primer *D4S2912-GT* en mostres de tub digestiu de fetus de rata.

El gel d'acrilamida va ésser dividit en **territoris** separats per bandes constants i intenses. D'aquesta manera es va dividir el **patró** en 19 territoris que varen ser identificats mitjançant lletres (de la A a la T), per ordre alfabètic, començant per la part superior del gel, així les bandes del **territori A** eren les que tenien un major nombre de nucleòtids en la seva seqüència i les del T, les més petites. Les **bandes** de cada **territori** es varen numerar, començant pel número 0.

Totes les bandes identificades van ser retallades.

2. Seqüències resultants de la clonació de bandes retallades

No totes les bandes retallades dels gels de acrilamida s'han clonat en un vector, prioritzant-se les que donaven un patró **més interessant** en els gels. Les bandes inicialment clonades i seqüenciades han estat les següents:

E3, F8, G0, G1, H3, J2, M2, N0, N1, i O1

Els resultats de l'estudi de seqüenciació de cada banda s'exposaran en ordre alfabètic, que en aquest cas coincideix amb l'ordre decreixent de la grandària de les bandes.

Seqüència E3

579 pb

```
GTGAAATTAT GTATATGTGA ATGTCAATCT AATTTGAGGA GGGTGACGGG CGNGNGTGC
GTACTTCNGN GCTCTATTCA ATTAAGCTCT CTATTCTTAA TTTACTACTA AATCCTCCTT
TGTCCTTTAG TTTCATAAAG GGTTTCGTAA TGTTCTCTGG GAAAAGAAAA TGTAGCCCAT
TTCTTTCCGC TTCATTGGCT ACACCTTGAC CTAACGTTTT TATGTTTGTT CTTGTGCTTA
CTTTAGTGCC TTTTATAGGT TTGCTGAGGA TGGCGGTATA TAGGCTGAAT TAGCGAGAAG
GGGTAAGGTA GAACGGGGTT TATCGATTAT AGAGCAGGCT CCTCTAGATG GATATAAAGT
ACCGCCAAGT CCTTTGAGTT TTAAGCTGTA GCTAGTAGTT CTCTGGCAAA TAATTTTGTA
GGTTTAATTA TTAAGGTTTA GGGCTAAGCA TAGTGGGGTA TCTAATCCCA GTTTGGGTCT
TAGCTATCGT GCATTATATA AATGATTAGA ATTACTTTCG TTATTGGGCT TAGGTCCTAA
CAATGAATTT TCACATATAA GTTGGATTTT AATTCTATT
```

Patró d'expressió en la RAP-PCR

La banda E3 s'expressa en totes les localitzacions amb un discret augment de l'expressió a Da i Cp.

BLAST

Homologies:

1. Homologia del 98% (571/579) amb **Rattus norvegicus 12S ribosomal RNA gene, partial sequence; and tRNA-Val gene, complete sequence; mitochondrial genes for mitochondrial products** [gi|12700622|gb|AY012115.1|](#)
2. Homologia del 98% (571/579) **Rattus norvegicus mitochondrial genome** [gi|5835177|ref|NC_001665.1|](#)
3. Homologia del 98% (566/574) **3 beta-hydroxysteroid dehydrogenase isomerase type II.2 [rats, liver, mRNA** [gi|238335|gb|S63167.1|S63167](#)

Seqüència F8

493 pb

```
CAAATACTCA GTTTGGTCTT CTTTTAGGTG CAAGATAACC TTTGTTCCAC GACCCATTGG
TTCACCTGTG TCTGTCTCA CAGTGAAGGA TCCTCCAGCT GAGGACTCCC AGGCGTACTG
CTCGTCATCA TTATGCTTGG TGATGACAGT CACTTTCTCA GCAACCAAAT ACGCAGAGTA
AAAACCAACA CCAAAGTGGC CAATCATAGA GATATCTGCA CCAGCCTGCA AAGCCTCCAT
GAAGGCTTTG GTGCCTGACT TGGCAATAGT GCCAAGGTTA TTGATCAAGT CAGCCTTGGT
CATTCCAATG CCAGTATCCA CAATAGTGAG GGTTCGGTCT TGCTTGTTGG GAATGAGATT
AATGTGCAGC TCCTTCCCCG AGTCCAGTTT ACTAGGGTCG GTCAAGCTCT CGTATCTGAT
CTTATCCAGA GCGTCTGAGG AGTTGGAAAT GAGCTCCCTC AGAAAGATCT CTTTGTTCTGA
GTAGAAAGTG TTG
```

Patró d'expressió a la RAP-PCR

La banda F8 és poc intensa i és present a les mostres corresponents a les parts més distals del tub digestiu. Bpp, Bpd, Cm i Cp.

Homologies:

BLAST

1. Homologia del 98-100% (492/493) amb **Rattus norvegicus hsp86 gene for heat shock protein 86, exons 1-11 and promoter region** [gi|14270365|emb|AJ297736.1|RNO297736](#)
2. Homologia del 93% (453/486) amb **Mus musculus Similar to heat shock protein, 86 kDa 1, clone IMAGE:3500495, mRNA** [gi|14714215|gb|BC009003.1|BC009003](#)
3. Homologia del 93% (453/486) **Mus musculus heat shock protein, 86 kDa 1 (Hsp86-1), mRNA**
[gi|6754253|ref|NM_010480.1|](#)
4. Homologia del 92% (454/490) **Cricetulus griseus (clone 33A) heat shock protein 90A (HSP90) mRNA, complete cds** [gi|495758|gb|L33676.1|CRUHSP90A](#)
5. Homologia del 89%(432/485) **Homo sapiens, similar to heat shock protein, 86 kDa 1, clone IMAGE:3050343, mRNA** [gi|13937601|gb|BC001695.1|BC001695](#)

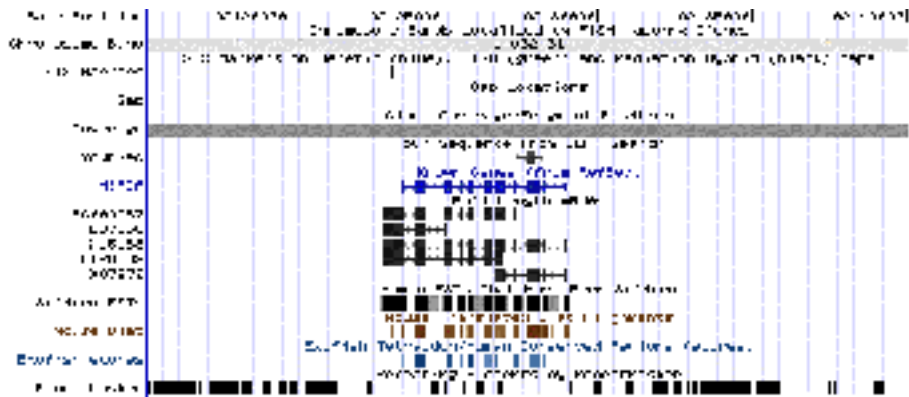


Figura 22. Homologies de la banda F8 a 14q32.31

S'observen el conjunt d'exons del gen HSP 90 (*HSPCA*, en la figura) i la homologia del fragment F8 (*your seq*), amb els exons 1, 2 i 3

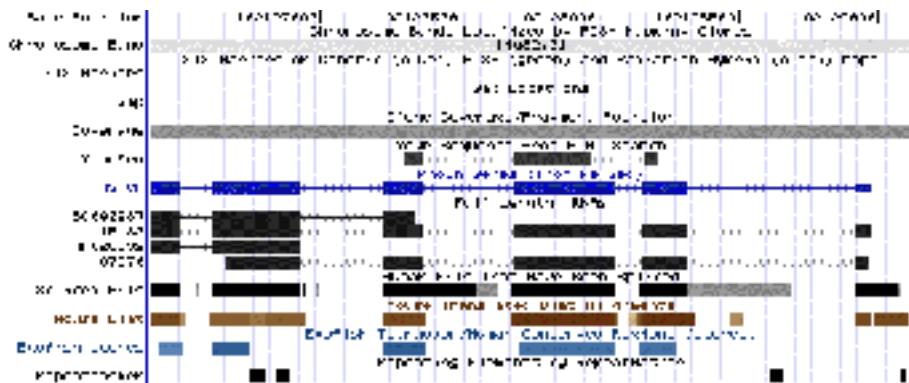


Figura 23. Fragment de 14q32.31

1. HSPCA : Homo sapiens heat shock 90kD protein 1, alpha [NM_005348](#)
2. Human mRNA for heat shock protein hsp86 [X07270](#)
3. Homo sapiens Hsp89-alpha-delta-N mRNA, complete cds [AF028832](#)
4. Human mRNA for 90-kDa heat-shock protein [X15183](#)

HOMOLOGIES DE LA TRADUCCIÓ A PROTEÏNA (Translating BLAST)

translating **BLAST**

1. Homologia del 100% (161/161) [gi|184419|gb|AAA36023.1](#) (M30626) heat shock protein 86 [Homo sapiens]
2. Homologia del 100% (161/161) [gi|14270366|emb|CAC39453.1](#) (AJ297736) heat shock protein 86 [Rattus norvegicus]
3. Homologia del 100% (161/161) : [gi|6016267|sp|O02705|HS9A_PIG](#) HEAT SHOCK PROTEIN HSP 90-ALPHA (HSP 86) (PIG)
4. Homologia del 100% (161/161) [gi|12082136|dbj|BAB20777.1](#) (AB043677) heat shock protein 90 alpha [Equus caballus]
5. Homologia del 100% (161/161) [gi|13129150|ref|NP_005339.1](#) heat shock 90kD protein 1, alpha [Homo sapiens]
6. Homologia del 99% (160/161) [gi|3114264|pdb|1YES](#) Human Hsp90 Geldanamycin-Binding Domain, "open" Conformation
7. Homologia del 99% (160/161) [gi|3114263|pdb|1YER](#) Human Hsp90 Geldanamycin-Binding Domain, "closed" Conformation
8. Homologia del 99% (160/161) [gi|194033|gb|AAA37868.1](#) (M36830) heat-shock protein hsp86 [Mus musculus]
16. Homologia del 93% (153/164) [gi|12082134|dbj|BAB20776.1](#) (AB043676) heat shock protein 90 beta [Equus caballus]

Seqüència GO

478 pb

```
GGCTGCCAAA GCTGTAGCAA ACACAATGCG GACGTCCTG GGACCAAACG GGCTGGATAA
GATGATGGTT GATAAGGNTG GTGATGTGAC TGTGACCAAC GATGGTGCCA CCATTCTAAG
CATGATGGAT GTTGATCATC AGATTGCCAA GCTGATGGTT GAACTGTCCA AATCCCAGGA
TGATGAAATT GGAGATGGGA CCACAGGAGT GGTTGTCTTG GCTGGTGCCC TGTGGAAGA
AGCTGAGCAG CTGCTGGACC GAGGCATCCA TCCTATCAGA ATTGCTGGTG GCTACGAACA
GGCCGCCCGA ATTGCTATTC AGCACCTGGA CAAAATCAGC GACAATGTGC TTGTTGACAT
AAACAACCCC GAACCTCTGA TTCAGACTGC AAAAAACCACA CTGGGCTCCA AAGTGGTTAA
CAGCTGTCAC CGACAAATGG CTGAGATTGC CGTCAATGCT GTCCTCACAG TGGCTGAT
```

Patró d'expressió a la RAP-PCR

La localització on la banda GO s'expressa més intensament és Da, a les diferents edats.

Homologies

BLAST

1. Homologia 93% (444/474) amb Mus Musculus Chaperonin subunit 5 (epsilon) (Cct5), mRNA [gi|6671701|ref|NM_007637.1|](#)
2. Homologia 93% (444/474) Mus musculus (129/Sv) Ccte mRNA for CCT (chaperonin containing TCP-1) epsilon subunit [gi|468549|emb|Z31555.1|MMCCTEP](#)
3. Homologia 87% (400/458) Homo sapiens clone IMAGE:3543711, mRNA, partial cds [gi|12804224|gb|BC002971.1|BC002971](#)
3. Homologia 87% (400/458) Homo Sapiens mRNA for KIAA0098 protein [gi|603954|dbj|D43950.1|HUMKG1DD](#)

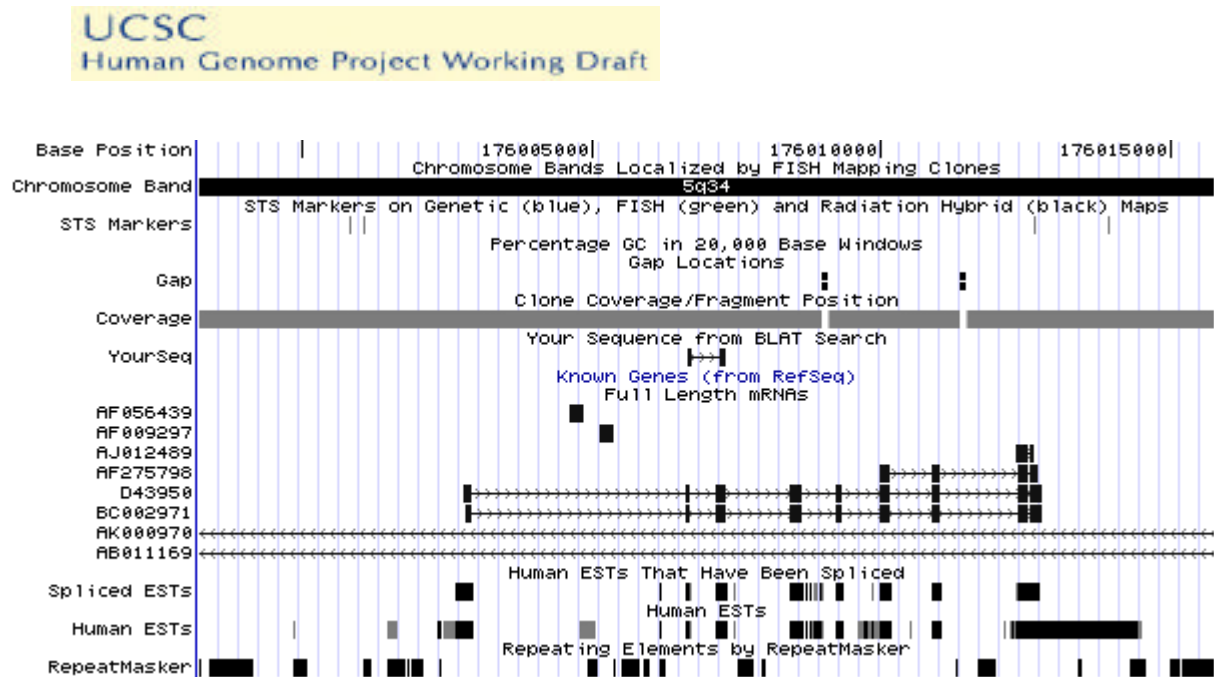


Figura 24. Homologia de G0 (*Your seq*) a 5q34 (UCSC)

La seqüència GO té la mateixa disposició que dos exons de:

1. Homo sapiens KIAA0098 protein [gi|603955|dbj|BAA07894.1](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/gi|603955|dbj|BAA07894.1) (D43950) (cromosoma 5 i 13)
2. Homo sapiens, clone IMAGE:3543711, mRNA, partial cds [BC002971](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/BC002971)

Seqüència G1

475 pb

```
TAGATACCCC ACTATGCTTA GCCCTAAACC TTAATAATTA AACCTACAAA ATTGTTTGCC
AGAGAACTAC TAGCTACAGC GTTAAAACCTC AAAGGACTTG GCGGTACTTT ATATCCATCT
ANAGGAGCCT GTTCTATAAT CGATAAACCC CGTTCTACCT TACCCCTTCT CGCTAATTCA
GCCTATATAC CGCCATCTTC AGCAAACCCT AAAAAGGCAC TAAAGTAAGC ACAAGAACAA
ACATAAAAAC GTTAGGTCAA GGTGTAGCCA ATGAAGCGGA AAGAAATGGG CTACATTTTC
TTTTCCCAGA GAACATTACG AAACCCTTTA TGAAACTAAA GGACAAAGGA GGATTTAGTA
GTAAATTAAG AATAGAGAGC CTAATTGAAT AGAGCAATGA AGTACGCACA CACCGCCCGT
CACCCCTCCTC AAATTAGGTT GACATTCACA TATACATAAT TTCACTAACA AATTT
```

Patró d'expressió a la RAP-PCR

S'expressa més intensament a Cp a la part final de la gestació: E20.

Homologies:

BLAST

1. Homologia d'un 98% (469/475) amb *Rattus norvegicus* 12S ribosomal RNA gene, partial sequence; and tRNA-Val gene, complete sequence; mitochondrial genes for mitochondrial products. [gi|12700622|gb|AY012115.1](#)
2. Homologia del 98% (469/475) amb *Rattus norvegicus* mitochondrial genome [gi|5835177|ref|NC_001665.1](#)
3. Homologia del 98% (469/475) amb *Rattus norvegicus* mitochondrial genome [gi|854269|emb|X14848.1|MIRNXX](#)
4. Homologia del 98 % (454/460) amb 3 beta-hidroxysteroid deshidrogenase isomerase type II (rats, liver mRNA) [gi|238335|gb|S63167.1|S63167](#)



Analizant la seqüència en la base de dades Ensembl trobem que hi ha una alta homologia amb diferents seqüències en diferents cromosomes (1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 13, 14, 16, 19, 22, x, y)

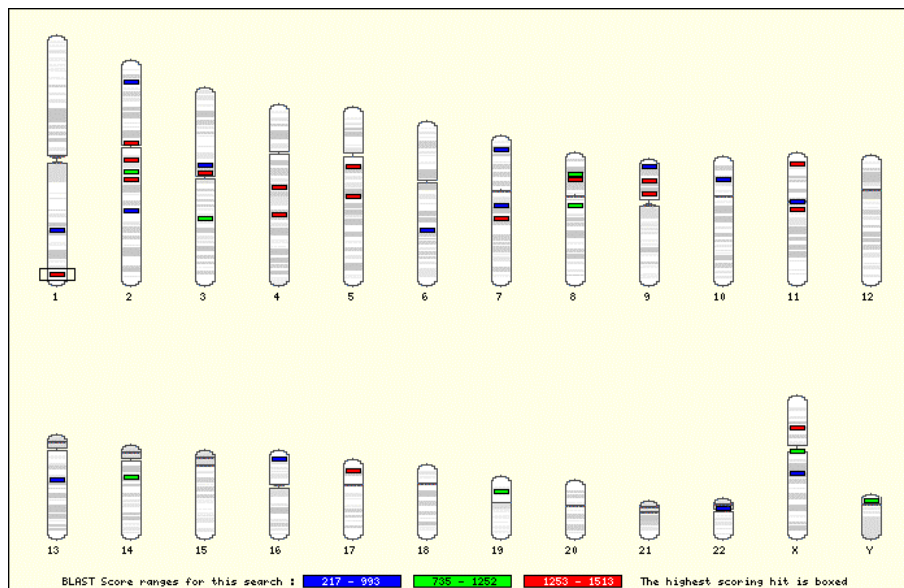


Figura 25. Localitzacions on hi ha homologia de la seqüència G1 en un idiograma humà (Ensembl)

De les localitzacions on hi ha homologia, segons veiem en l'idiograma de la figura XX, només trobem els següents gens coneguts:

cr 11 (89.3%)(11q 22.3): gen FLJ11756

cr 11 (86,2%) (11p15.3) gen LYVE-1

cr 20 (87,1%) (20q13.2) RAE1

cr5 (88.5%) (5q14.1) DHFR

Seqüència H3

444pb

```
ACTATGCCTG GGCAGGGCGA AGCCAGAGGA AACTCTGGTG GAGGTCCGTA GCGGTCCTGA
CGTGCAAATC GGTCGTCCGA CCTGGGTATA GGGGCGAAAG ACTAATCGAA CCATCTAGTA
GCTGGTTCCC TCCGAAGTTT CCCTCAGGAT AGCTGGCGCT CTCGCAACGC GGTGCTCGA
CAACCCGCAG TTTTATCCGG TAAAGCGAAT GATTAGAGGT CTTGGGGCCG AAACGATCTC
AACCTATTCT AAAACTTTAA ATGGGTAAGA AGCCCGGCTC GCTGGCGTGG AGCCGGGCGT
GGAATGCGAG TGCCTAGTGG GCCACTTTTG GTAAGCAGAA CTGGCGCTGC GGGATGAACC
GAACGCCGGG TTAAGGCGCC CGATGCCGAC GCTCATCAGA CCCC GGAAAA GGTGTTGGTT
GATATAGACA GCAGGACGGT GGCC
```

Patró d'expressió a la RAP-PCR

Aquesta banda s'expressa amb un patró heterogeni en els diferents animals, edats i localitzacions.

Homologies

BLAST

1. Homologia del 98% (437/444) amb *Rattus norvegicus* genes for 18S, 5.8S, and 28S ribosomal RNAs [gi|2624399|emb|V01270.1|RNRRNA](#)
2. Homologia del 97% (433/445) amb Orangutan 28S ribosomal RNA gene fragment [gi|342874|gb|M30952.1|ORARGITX](#)
3. Homologia del 99% (257/259) i del 99% (164/165) amb Mouse 28S ribosomal RNA [gi|53988|emb|X00525.1|MMRNA02](#)

Seqüència J2

352 pb

```
ATATCATAAG GAAAAATAAA ATAGGTAGAT TTAGTACTAA GACACAACCA TTTGTCACTA
GAAGAGTGCC CACAATTCTA TACTTGCTGG TATAAAGACA CACACAAGAG CGGGGGACAC
AGTTTAGTGG TAGTGTATGT ACATTGTAAA CGTAAAGCCC AAGTTAAATC ACCATCGCCA
AGCTAATGGA CAAAACAAAT TCACTTGGCT CGTTTTTAGA TGTGCATACA AGAATCATGG
TACAGTTAGC ATTTTGGTAG ATCTATATGA ACCCATCAGT AAAAAAATAA AAGCATCAAA
GTGATATGGA AGAATTTTAT CATACTTTCA TCAGAAAAGC TGTCAAGCAA TG
```

Patró d'expressió a la RAP-PCR

S'expressa amb una marcada preferència el dia E20 a Cp.

Homologies

La cerca en el BLAST dona homologia amb fragments molt curts, per la qual cosa la considerem un seqüència desconeguda.

Seqüència M2

311 pb

```
GACAGGACCC AAAGGAAAGG GACACGATGA CATATTTGAC AACTTAAAGG AGGCTGTGAA
GGAGGAGAGT ATCNAGCGGT NCAATGGAA CGACTTCGCA GAAGACAGCT TGAGGGTCAT
CCAGCACAAC GCTCCGGAGG ACCGGTCCAT ATCAGATAAG CAACAGTGGG ACGCAGCCAT
CTACTTCATG GAAGAGGCAC TTCAAGGTCG TCTCAAGGAT ACTGAAAATG CTATTGAAAA
CATGATCGGG CCAGACTGGA AAAAGAGGTG GATATACTGG AAGAATCGGA CCCAAGAGCA
GTGTGTTTAC A
```

Patró d'expressió a la RAP-PCR

Existeixen poques diferències entre les diferents edats i localitzacions.

Homologies

BLAST

1. Homologia 98% (305/311) amb *Rattus norvegicus* RN protein mRNA, complete cds RNA gi|1934602|gb|U93197.1|RNU93197
2. Homologia d'un 289/311 (92%) amb *Mus musculus* adult male lung cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:1200011N24, full insert sequence gi|12836093|dbj|AK004715.1|AK004715
3. Homologia d'un 92% (289/311) *Mus musculus* largeG mRNA for large GTP binding protein, complete cds gi|14278915|dbj|AB044138.1|AB044138
4. Homologia 84% amb *Homo Sapiens* mRNA for KIAA0567 protein, partial cds gi|1934602|gb|U93197.1|RNU93197
5. Homologia 84% (243/286) *Homo sapiens* optic atrophy 1 (autosomal dominant) (OPA1), mRNA gi|14728735|ref|XM_039926.1

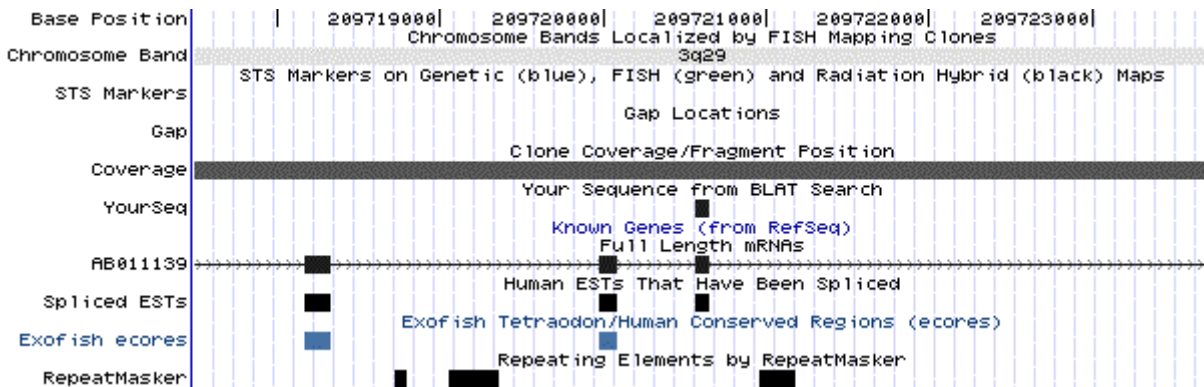


Figura 26. Homologia de M2 (*Your seq*) a 3q29 (UCSC)

AB 011139: Homo sapiens mRNA for KIAA0567 protein, partial cds
gi|1934602|gb|U93197.1|RNU93197

Seqüència N0

300pb

```
ACAGTGCCAG GTGGGGAGTT TGA CTGGGGC GGTACACCTG TCAAACGGTA ACGCAGGTGT
CCTAAGGCCA GCTCAGGGAG GACAGAAACC TCCCGTGGAG CAGAAGGGCA AAAGCTCGCT
TGATCTTGAT TTTCAGTACG AATACAGACC GTGAAAGCAG GGCCTCACGA TCCTTCTGAC
CTTTTGGGTT TTAAGCAGGA GGTGTCAGAA AAGTTACCAC AGGGATAACT GGCTTGTGGC
GGCCAAGCGT TCATAGCGAC GTCGCTTTTT GATCCTTCGA TGTCGGCTCT TCCTATCATT
```

Patró d'expressió a la RAP-PCR

S'expressa més intensament a la part més distal del tub digestiu: Cp, Cm i Bpd

Homologies:

BLAST

1. Rattus norvegicus genes for 18S, 5.8S, and 28S ribosomal RNAs
[gi|2624399|emb|V01270.1|RNRRNA](#)
2. Homologia del 99% (299/300) amb Human ribosomal DNA complete repeating unit
[gi|555853|gb|U13369.1|HSU13369](#)
3. Homologia del 99% (299/300) Mouse 28S ribosomal RNA
[gi|53988|emb|X00525.1|MMRNA02](#)

Seqüència N1

Patró d'expressió a la RAP-PCR

S'expressa més intensament a la part més distal del tub digestiu: Cp, Cm i Bpd

Al clonar N1 hem amplificat dos clons diferents.

N1.1 (PJ3)

Clon N1(3)

299pb

```
ANAGTGAAGC CAGTCAGTGC ACAGGGTAGT GGGGTAAGCC CTGTGTGGTT CTCCAGTGCA
AACAGAGTCA GCTAGGAGTT CGTAGCGTGT TCTCCTGAGC AGGGCCAGAG CCTTCGGTGC
AGCAGATGAG AACATCTGGA AGATACAGGT GAGCCTCACA GCTGGATCCA CCCCTGGAGG
TGGGCAGAAC TGATCTGCAT TAATCAGGGA GCCCAAATG CTGTCTCCAG AGTAAGCAAG
CTGTGAGTGG CCCCAGCAGC TTTTCAGATAC TGTTCTAGTC TGGTGACATC TGACCTGGG
```

Aquesta seqüència mostra homologia amb alguns fragments molt curts. Per aquests motiu la considerem una seqüència **desconeguda**

N1.2 (PJ4)

Clon N1(7), N1(5)

300 pb

```
ACAGTGCCAG GTGGGGAGTT TGA CTGGGGC GGTACACCTG TCAAACGGTA ACGCAGGTGT
CCTAAGGCGA GCTCAGGGAG GACAGAAACC TCCCGTGGAG CAGAAGGGCA AAAGCTCGCT
TGATCTTGAT TTTCTGTACG AATACAGACC GTGAAAGCGG GGCCTCACGA TCCTTCTGAC
CTTTTGGGTT TTAAGCAGGA GGTGTCAGAA AAGTTACCAC AGGGATAACT GGCTTGTGGC
GGCCAAGCGT TCATAGCGAC GTCGCTTTTT GATCCTTCGA TGTCGGCTCT TCCTATCATT
```

Homologies:

BLAST

1. Homologia del 99% (299/300) amb *Rattus norvegicus* genes for 18S, 5.8S, and 28S ribosomal RNAs [gi|2624399|emb|V01270.1|RNRRNA](#)
2. Homologia del 99% (299/300) amb Human ribosomal DNA complete repeating unit [gi|555853|gb|U13369.1|HSU13369](#)
3. Homologia del 99% (299/300) amb Mouse 28S ribosomal RNA [gi|53988|emb|X00525.1|MMRNA02](#)

Seqüència O1

286 pb

```
ACTTGGTGGN GCGATTTGTC TGGTTAATTC CGATAACGAA CGAGACTCTG GCATGCTAAC
TAGTTACGCG ACCCCCGAGC GGTCGGCGTC CCCCAACTCC TTAGAGGGAC AAGTGGCGTT
CAGCCACCCG AGATTGAGCA ATAACAGGTC TGTGATGCCC TTAGATGTCC GGGGCTGCAC
GCGCGCTACA CTGACTGGCT CAGCGTGTGC CTACCCTACG CCGGCAGGCG CGGGTAACCC
GTTGAACCCC ATTCGTGATG GGGATCGGGG ATTGCAATTA TTCCCC
```

Patró d'expressió a la RAP-PCR

S'expressa a totes les localitzacions però més intensament a E20 a Cp.

Homologies:

BLAST

1. Homologia del 99% (282/284) Mus musculus ETS-related transcription factor ERF (Erf1) mRNA, complete cds gi|14669160|gb|AY036118.1
2. Homologia d'un 99% (282/284) Homo sapiens tensin mRNA, complete cds gi|11275668|gb|AF225896.1|AF225896
3. Homologia d'un 99% (282/284) Homo sapiens serine/threonine protein kinase Kp78 splice variant CTAK75a mRNA, complete cds gi|5714635|gb|AF159295.1|AF159295
4. Homologia del 99% (282/284) amb Human ribosomal DNA complete repeating unit gi|555853|gb|U13369.1|HSU13369
5. Homologia d'un 99% (282/284) Rat 18S rRNA gene, complete gi|36162|emb|X03205.1|HSRRN18S

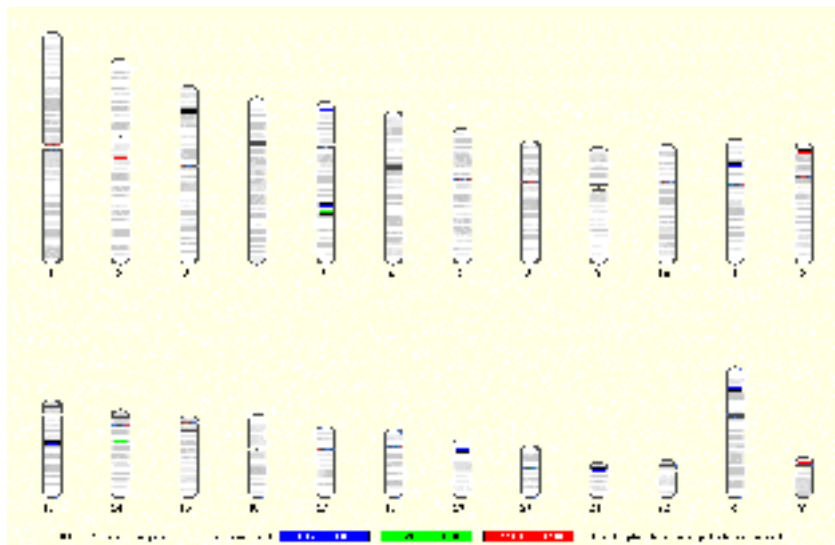


Figura 27. Localitzacions on hi ha homologia de la seqüència O1 en un idiograma humà (Ensembl)

La recerca amb *Ensembl* dona homologia en els cromosomes 2, 3, 5, 11, 13, 14, 15, 19, 21, X, Y

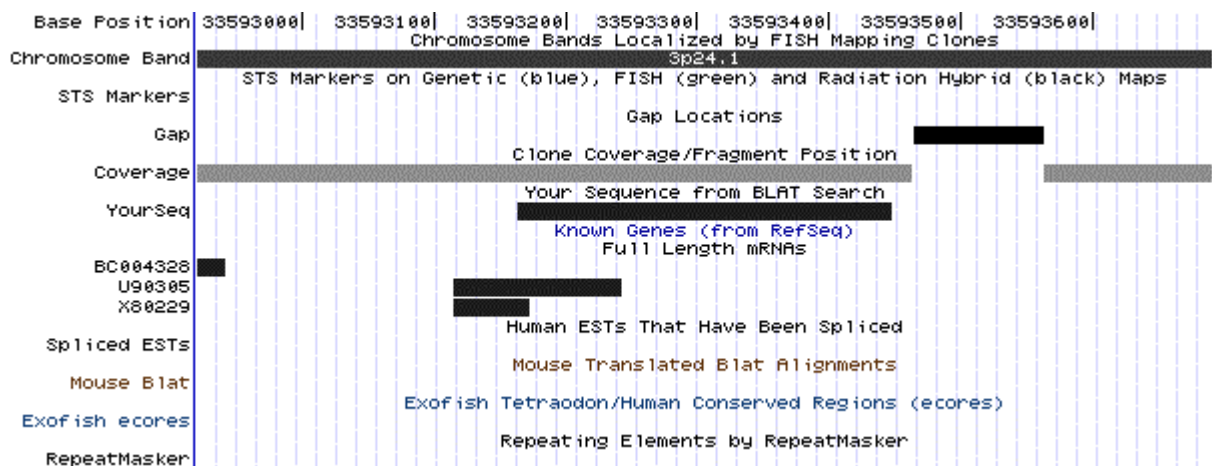


Figura 28. Homologia d'O1 (*Your seq*) a 3p24.1 (UCSC)

1. Human iroquois-class homeodomain protein IRX-3 mRNA, partial cds [U90305](#)
2. H.sapiens mRNA for serine/threonine protein kinase [X80229](#)

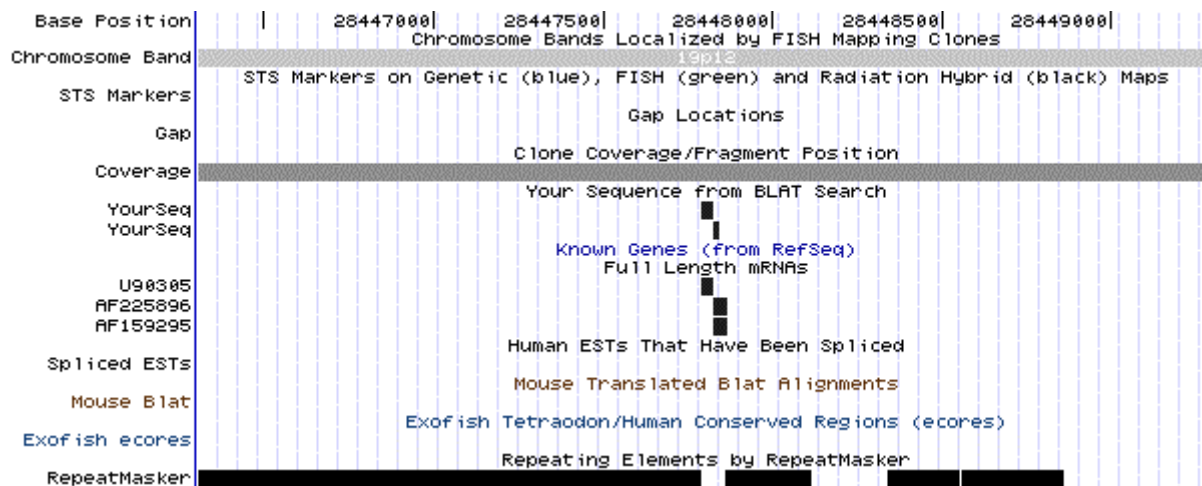


Figura 29. Homologia d'O1 (*Your seq*) a 19p12 (UCSC)

[U90305](#) Human iroquois-class homeodomain protein IRX-3 mRNA, partial cds

[AF225896](#) Homo sapiens tensin mRNA, complete cds

[AF159295](#) Homo sapiens serine/threonine protein kinase Kp78 splice variant CTAK75a mRNA, complete cds

Identificació	Mida	Homologia més probable	Espècie
E3	579	Mitochondrial genome	<i>Rattus norvegicus</i>
F8	493	hsp86	<i>Rattus norvegicus</i>
G0	478	Chaperonin subunit 5 (epsilon) (Cct5)	<i>Mus Musculus</i>
G1	475	Mitochondrial genome	<i>Rattus norvergicus</i>
H3	444	Genes 18S, 5.8S, and 28S ribosomal RNA	<i>Rattus norvegicus</i>
J2	352	Desconeguda	
M2	311	LargeG mRNA for large GTP binding protein	<i>Mus musculus</i>
N0	300	Genes 18S, 5.8S, and 28S ribosoma	<i>Rattus norvegicus</i>
N1.1	299	Desconeguda	
N1.2	300	Genes 18S, 5.8S, and 28S ribosoma	<i>Rattus norvergicus</i>
O1	286	?	

Taula 1. Resum dels resultats de la seqüenciació

3. Hibridació in situ. Patrons d'expressió

F8

Amb la sonda realitzada a partir de la banda *clonada* F8, anti-*sense* (F8Xbal) i *sense* (F8HindIII), que presenta una homologia del 98-100% amb el cDNA del gen de la HSP 86 (90-) de *Ratus Norvegicus*, es va realitzar la tècnica de la Hibridació "in situ" amb Digoxigenina, en les edats de E17-E20 i es va obtenir un patró, sense diferències significatives entre les diferents edats, mostrant-se expressió del gen de la HSP 86 en les següents localitzacions amb la sonda anti-*sense* (F8Xbal):

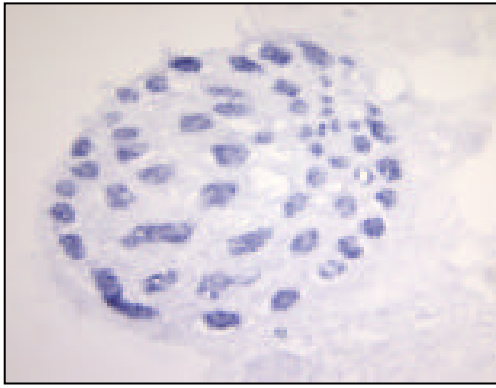
Capa endimèria dels plexes coroidals +++ (Làmina 1 D)
SNC (Cervell, cerebel i Medul·la espinal) ++ (Làmina 3 D)
Epiteli de les fosses nasals +++ (Làmina 2C i 2D) i Epiteli de la Nasofaringe +++
Revestiment epitelial de Glàndules salivals + (Làmina 1 E)
Glàndules de l'arrel de la llengua i glàndules glossopalatines + (Làmina 3E)
Timus +++(Làmina 1 F)
Epiteli dels bronquis de major grandària +++ (Làmina 2A i 2B)
Greix bru +++ (Làmina 1 C)
Fetge (hepatòcits o cèl·lules hematopoètiques) +++ (Làmina 2E i 2F)
Escorça Renal ++ (Làmina 3A i 3B)
Escorça suprarenal ++ (Làmina 3B)
Ganglis raquidians +++ (Làmina 3C)
Budell prim i gros (marca dèbil a l'epiteli i la serosa) + (Làmina 3A)
Testicle (cèl·lules germinals) +++ (Làmina 1A i 1B)

Taula 2. Patró d'expressió de F8 (Hibridació "in situ")

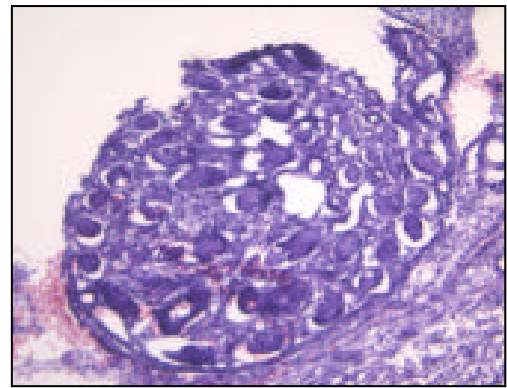
NOTA: La intensitat del senyal de digoxigenina s'ha classificat en tres graus (+++, ++, +)
 +++ com la intensitat més forta,
 + la intensitat més fluixa, però superior a la de la sonda *sense*
 ++ com la intensitat intermitja, entre + i +++

Comentari als resultats de l'HIS

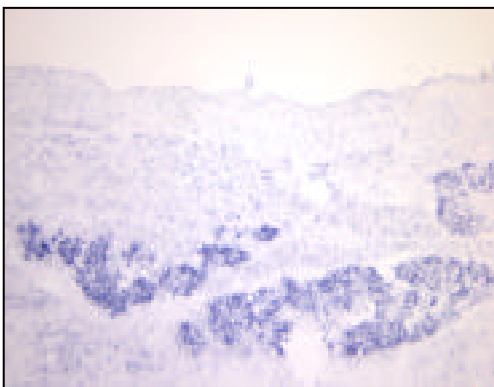
Les poblacions cel·lulars marcades en el fetge, per la seva heterogeneïtat, pel que fa a la distribució, hem considerat que són precursors de cèl·lules hematopoètiques, molt abundants en el fetge durant les fases finals del desenvolupament prenatal i començament del postnatal. Considerem, però, que són necessaris estudis de doble marcatge amb immunohistoquímica per verificar la identitat de les cèl·lules marcades al fetge per la sonda



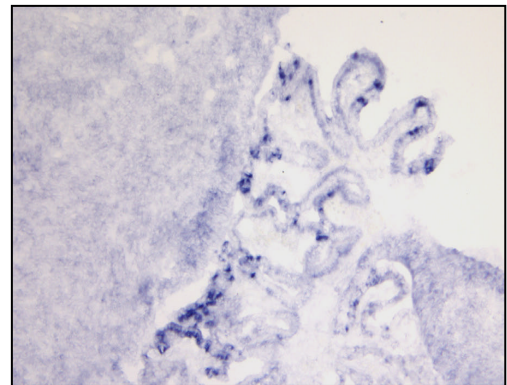
A



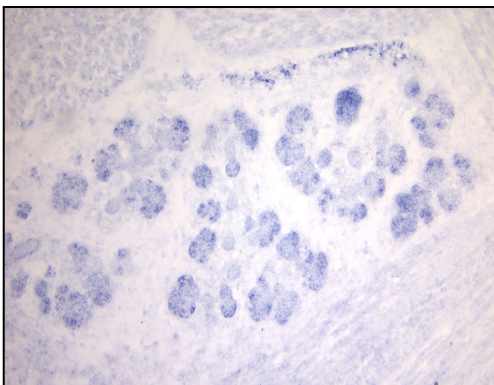
B



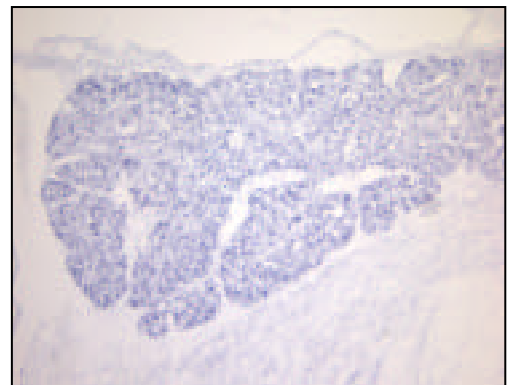
C



D



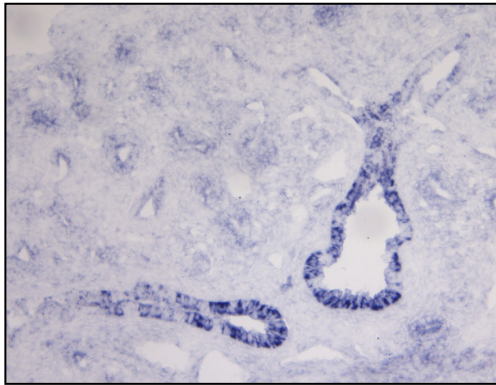
E



F

Lamina 1:

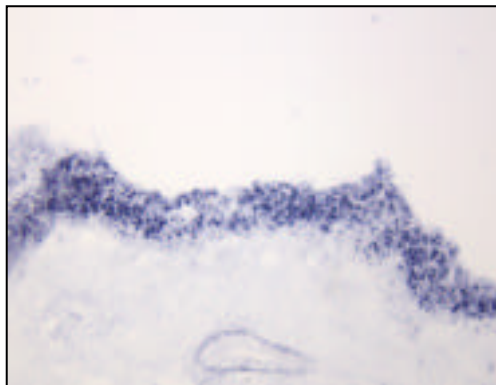
A. Testicle fetus de rata 19 d. (x100) HIS **B. Testicle** fetus de rata 19 d. (x100) HE **C. Greix brú** fetus de rata 19 d. (x100) HIS **D. Plexes coroidals** fetus de rata 19 d. (x100) HIS **E. Glàndules salivals** fetus de rata 19 d. (x100) HIS **F. Timus** fetus de rata 19 d. (x100) HIS



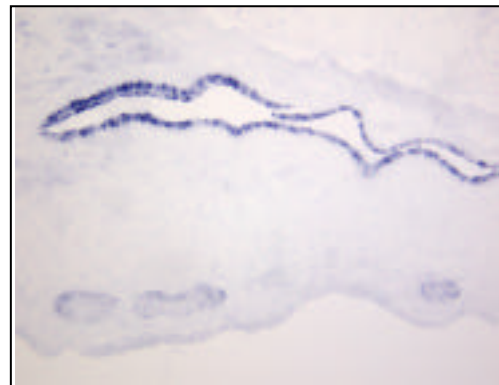
A



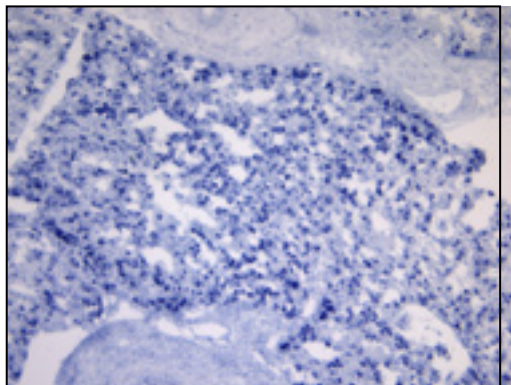
B



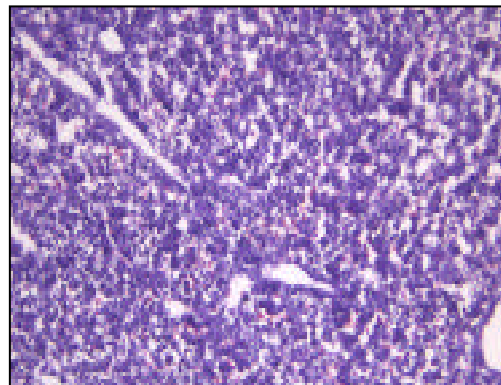
C



D



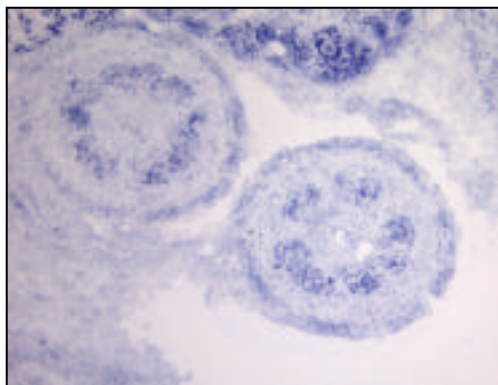
E



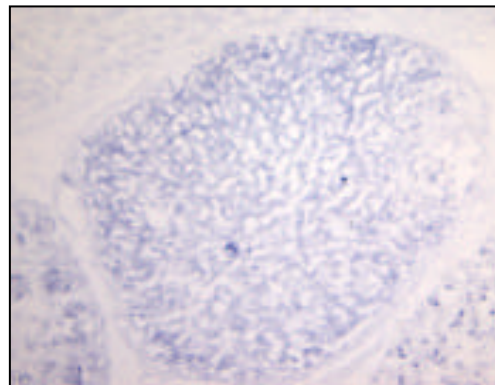
F

Làmina 2:

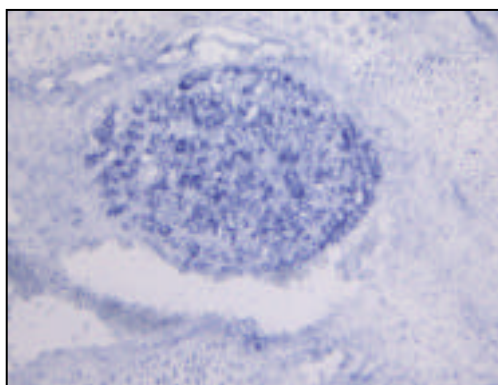
A. Epiteli bronquial fetus de rata 19 d. (x100) HIS **B. Epiteli bronquial** fetus de rata 19 d. (x100) HIS
C. Epiteli de les fosses nassals fetus de rata 19 d. (x100) HIS **D. Epiteli de les fosses nassals** fetus de rata 19 d. (x100) HIS **E. Fetge** fetus de rata 18 d. (x100) HIS **F. Fetge** fetus de rata 18 d. (x100) HE



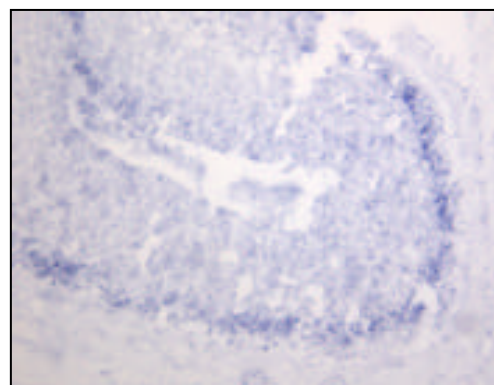
A



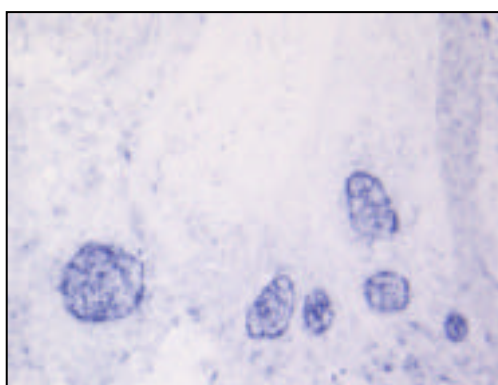
B



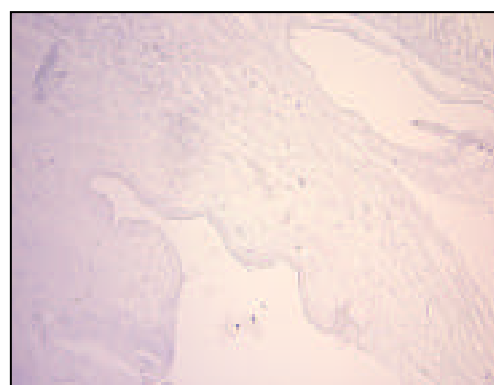
C



D



E



F

Làmina 3:

A. Intestí i escorça renal (marge superior) fetus de rata 19 d. (x100) HIS **B. Escorça suprarrenal i escorça renal** (marge esquerra) fetus de rata 19 d. (x100) HIS. **C. Gangli raquidià** fetus de rata 18 d. (x100) HIS **D. Escorça Cerebral** fetus de rata 19 d. (x100) HIS **E. Glàndules glossopalatines** fetus de rata 19 d. (x100) HIS **F.** fetus de rata 19 d. (x100) HIS *Control negatiu* amb sonda F8 Hind III