

Transkriptomanalyse av *Porphyromonas gingivalis* ved bruk av mikromatriser og RNA-sekvensering

Et genom er en organismes komplette sett av arvestoff (DNA). Det siste tiåret har genomanalyse av bakterier gitt verdifull informasjon for forståelsen av bakteriers evne til å utløse sykdom. Syntese av RNA med DNA som templat kalles transkripsjon og er nødvendig for produksjon av proteiner. Transkriptomet representerer genom-ekspresjonen i en organisme og inkluderer både proteinkodende mRNA samt ikke-kodende RNA (eks. rRNA, tRNA, sRNA). Transkriptomanalyse innebærer katalogisering av RNA, kartlegging av funksjonelle genstrukturer og kvantifisering av transkripsjonsnivå.

I dette prosjektet har vi brukt mikromatriser og RNA-sekvensering (high-throughput sequencing) for å kartlegge transkriptomet til den orale bakterien *Porphyromonas gingivalis*. Denne anaerobe bakterien kan være en viktig årsak til periodontitt.

På bakgrunn av transkriptomprofiler generert fra *P. gingivalis* dyrket i tre



FOTO: PRIVAT.

Personalia

Hedda Høvik disputerte 1. desember 2011 ved Det odontologiske fakultet, Universitetet i Oslo, med avhandlingen «Strand-specific transcriptome profiles of *Porphyromonas gingivalis* detected by genomic tiling microarray and RNA sequencing». Prosjektet er utført ved The Forsyth Institute, Boston og Institutt for oral biologi, Universitetet i Oslo, under veiledning av Tsute Chen og professor Ingar Olsen.

forskjellige medier har vi identifisert ulike transkripsjonsmønstre, og flere nye transkript er oppdaget. Vi har også studert kvantitative forskjeller i genuttrykk. På basis av funnene som er gjort, og informasjonen som er tilgjengelig i transkriptomprofilene, kan ny forskning initieres for å bedre forståelsen av sykdomsfremkallende mekanismer

i *P. gingivalis*. Arbeidet har også involvert bruk og utvikling av bioinformatiske teknikker for mikromatrisedesign samt for normalisering, analyse og visualisering av data og resultater.