

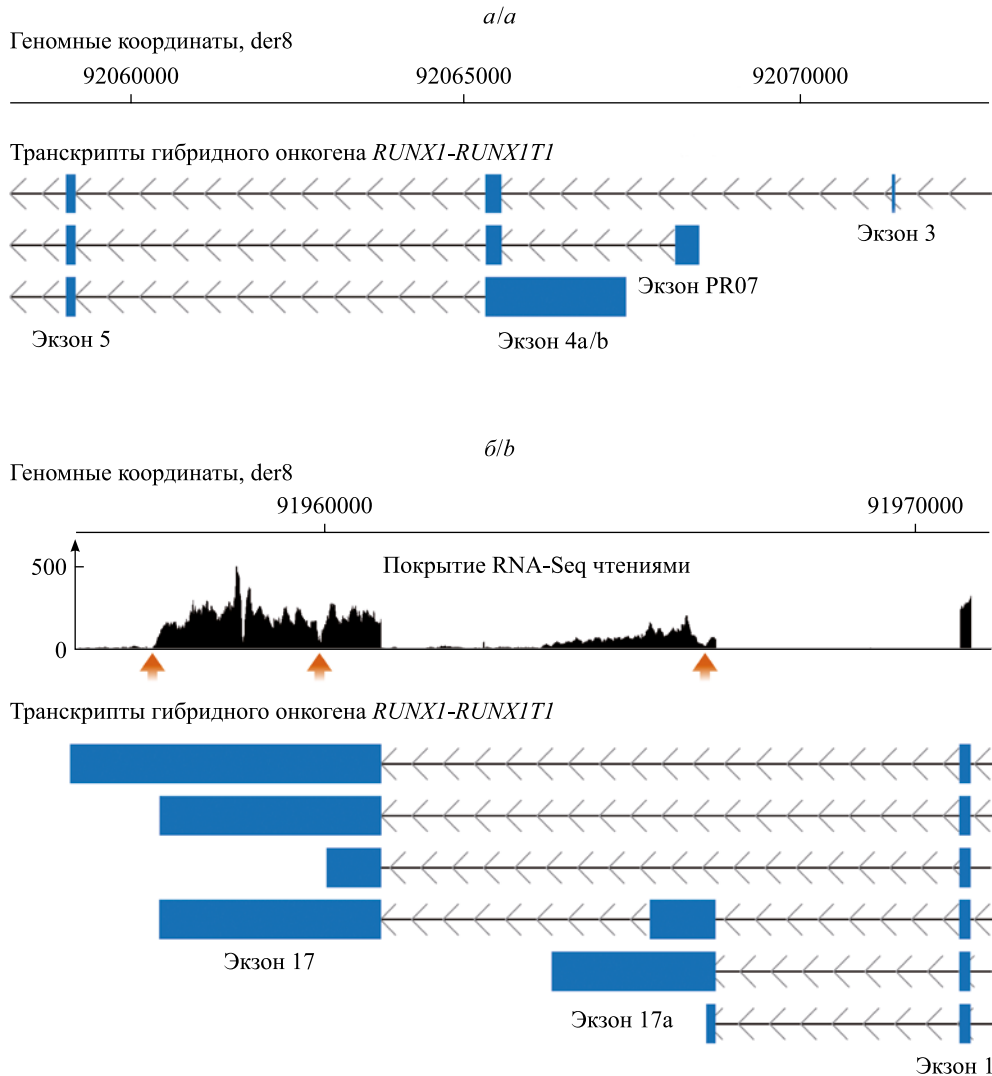


Рис. 8. Вклад альтернативных промоторных областей *RUNX1*-локуса и сайтов альтернативного полиаденилирования в разнообразие мРНК гибридного онкогена *RUNX1-RUNX1T1*:
a – вклад внешнего, внутреннего промоторов и промотора *RUNX1/PR07* в формирование 5'-конца мРНК гибридного онкогена *RUNX1-RUNX1T1*;
b – вклад точек альтернативного полиаденилирования в формирование 3'-конца мРНК гибридного онкогена *RUNX1-RUNX1T1*.

Локализация идентифицированных с применением алгоритма *KLEAT-2.0* и анализа покрытия сайтов полиаденилирования показана с помощью вертикальных стрелок. Экзоны обозначены прямоугольниками, интроны – горизонтальными линиями, направление транскрипции – стрелками в «теле» транскриптов

Fig. 8. The contribution of alternative promoter regions of the *RUNX1* locus and alternative polyadenylation sites to the mRNA diversity of the fusion oncogene *RUNX1-RUNX1T1*:

a – the contribution of the external, internal promoters and the *RUNX1/PR07* promoter to the formation of the 5'-end of the fusion oncogene *RUNX1-RUNX1T1* mRNA;
b – the contribution of alternative polyadenylation sites to the formation of the 3'-terminus of fusion oncogene *RUNX1-RUNX1T1* mRNA. Localization of the polyadenylation sites identified by the algorithm *KLEAT-2.0* and analyzing the coverage is shown using the vertical arrows.

The exons are indicated by rectangles, the introns are indicated by horizontal lines, the direction of transcription is indicated by arrows in the «body» of the transcripts