

## Анализ данных РНК-ДНК взаимодействий

Научный руководитель – Миронов Андрей Александрович

*Рябых Григорий Кириллович*

*Студент (специалист)*

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет  
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

*E-mail: ryabykhgrigory@gmail.com*

Известно большое количество некодирующих РНК. Некоторые из них действуют как функциональные молекулы (например, инактивация X хромосомы с помощью длинной некодирующей РНК XIST), другие кажутся нефункциональными побочными продуктами основных *cis*-регуляторных элементов, таких как энхансеры. Многие некодирующие РНК взаимодействуют непосредственно с хроматином, о чем свидетельствуют различные данные о длинных некодирующих РНК [2,4].

На сегодняшний день существует несколько методов для того, чтобы локализовать на хроматине одну определенную РНК: ChIRP [1], CHART [6], RAP-DNA [3]. Они все основаны на использовании комплементарных последовательностей, необходимых для захвата конкретной РНК, с последующим определением сайтов связывания с хроматином с помощью глубокого секвенирования. Однако, используя эти методы, можно анализировать только одну известную РНК за один эксперимент, и, следовательно, они не позволяют глобально посмотреть на все потенциальные РНК-ДНК взаимодействия, что необходимо для решения широкого спектра функциональных вопросов в геномике.

Однако в 2017 году появились первые работы, которые предлагают методы, позволяющие получить данные обо всех потенциальных РНК-ДНК контактах в клетке: MARGI [7] и GRID-seq [5].

Мы создали базу данных, которая предназначена для накопления данных РНК-ДНК контактов и их быстрого и удобного анализа. С ее помощью можно: считать сводную статистику по конкретным РНК или группам РНК (например, количество и локализация контактов по хромосомам, их распределение по цветам хроматина), сравнивать и объединять эксперименты ChIRP, CHART, RAP-DNA с MARGI и GRID-seq, возможен поиск корреляций с другими данными взаимодействий макромолекул: белок-ДНК и белок-РНК.

## Источники и литература

- 1) Chu, C., Qu, K., Zhong, F.L., Artandi, S.E. & Chang, H.Y. Genomic maps of long noncoding RNA occupancy reveal principles of RNA-chromatin interactions. *Mol. Cell* 44, 667–678 (2011).
- 2) Djebali, S. et al. Landscape of transcription in human cells. *Nature* 489, 101–108 (2012).
- 3) Engreitz, J.M. et al. The Xist lncRNA exploits three-dimensional genome architecture to spread across the X chromosome. *Science* 341, 1237973 (2013).
- 4) Fu, X.D. Non-coding RNA: a new frontier in regulatory biology. *Natl. Sci. Rev.* 1, 190–204 (2014).
- 5) Li, X., Zhou, B., Chen, L., Gou, L.-T., Li, H., and Fu, X.-D. (2017). GRID-seq reveals the global RNA-chromatin interactome. *Nat Biotechnol.*
- 6) Simon, M.D. et al. The genomic binding sites of a noncoding RNA. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 108, 20497–20502 (2011).

- 7) Sridhar B, Rivas-Astroza M, Nguyen TC, Chen W, Yan Z, Cao X, Hebert L, Zhong S. Systematic mapping of RNA-chromatin interactions in vivo. Curr Biol. 2017;27:602–609.