

Сравнительный анализ экспериментов Hi-C и Red-C

Научный руководитель – Миронов Андрей Александрович

Звездин Дмитрий Сергеевич

Студент (специалист)

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

E-mail: dima.zvezdin1@gmail.com

Некодирующие РНК, присутствующие в ядре клетки, выполняют много различных функций, в частности, среди них есть те, которые участвуют в регуляции процессов, происходящих в хроматине, и в организации его структур. В данной работе проводится поиск таких РНК путем сравнения данных экспериментов Red-C и Hi-C. Метод Red-C [1] позволяет фиксировать взаимодействия РНК с ДНК. Метод Hi-C [2] позволяет определить число контактов между различными участками хромосом, по которому можно судить об их пространственной близости. Наличие большого количества контактов между участками ДНК, говорит о том, что они могут образовывать структуры хроматина. Если РНК имеет много контактов с такими локусами ДНК, то она, вероятно, может участвовать в организации этих структур. Таким образом, анализируя РНК на наличие большого количества сближенных в пространстве контактов можно делать вывод об их ассоциированности со структурными элементами хроматина.

Анализ проводится следующим образом: для контактов каждой РНК с каждой хромосомой производится подсчет числа пар контактов, произошедших со сближенными и с отдаленными в пространстве локусами хромосом. Вывод о пространственной близости делается на основании Hi-C карты данной хромосомы. Полученное распределение сравнивается с фоновой моделью, в роли которой выступает случайная Hi-C карта, с использованием точного теста Фишера.

На данный момент таким образом были проанализированы 1062 РНК, склонные контактировать с хроматином, для 395 из них были получены статистически значимые результаты для контактов хотя бы с одной из хромосом. Среди результатов теста Фишера с наименьшим *p-value* преобладают некодирующие РНК, функции которых могут быть связаны с организацией процессов в хроматине, белок-кодирующих РНК оказалось меньшинство. Среди некодирующих РНК, показывающих наиболее значимые результаты с несколькими хромосомами присутствуют малые ядерные РНК, участвующие в сплайсинге, малые ядрышковые РНК, обеспечивающие процессинг рибосомальных РНК и длинные некодирующие РНК, которые могут иметь разнообразные функции в регуляции хроматина.

Источники и литература

- 1) Alexey A Gavrilov, Anastasiya A Zharikova, Aleksandra A Galitsyna, Artem V Luzhin, Natalia M Rubanova, Arkadiy K Golov, Nadezhda V Petrova, Maria D Logacheva, Omar L Kantidze, Sergey V Ulianov, Mikhail D Magnitov, Andrey A Mironov, Sergey V Razin. Studying RNA–DNA interactome by Red-C identifies noncoding RNAs associated with various chromatin types and reveals transcription dynamics. // *Nucleic acids research* vol. 48,12 (2020): 6699-6714
- 2) Erez Lieberman-Aiden 1, Nynke L van Berkum, Louise Williams, Maxim Imakaev, Tobias Ragoczy, Agnes Telling, Ido Amit, Bryan R Lajoie, Peter J Sabo, Michael O Dorschner,

Richard Sandstrom, Bradley Bernstein, M A Bender, Mark Groudine, Andreas Gnirke, John Stamatoyannopoulos, Leonid A Mirny, Eric S Lander, Job Dekker. Comprehensive mapping of long-range interactions reveals folding principles of the human genome. // Science (New York, N.Y.), 326(5950), 289–293.

Иллюстрации

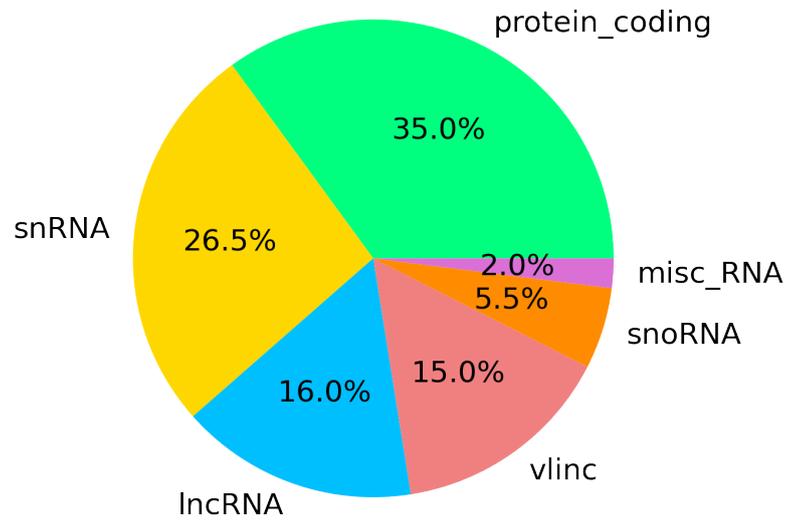


Рис. 1. Распределение наиболее значимых результатов теста Фишера по типам РНК