

Инструменты сравнительного анализа РНК-хроматинового интерактома клеток

Научный руководитель – Миронов Андрей Александрович

Рябых Григорий Кириллович

Аспирант

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

E-mail: ryabykhgrigory@gmail.com

Некодирующие РНК участвуют во многих процессах жизнедеятельности клетки, например, в регуляции экспрессии генов на разных уровнях, включая привлечение аппарата транскрипции, посттранскрипционные модификации и эпигенетику. На сегодняшний день существуют разные экспериментальные методологии, которые позволяют определить полногеномную локализацию на хроматине как одной конкретной РНК (ChIRP [1], CHART [2], RAP-DNA [3]), так и всех РНК потенциально экспрессирующихся в клетке (MARGI [4], GRID [5], RED-C [6], RADICL [7] и другие).

Нами была разработана и заполнена одинаковым образом препроцессированными и нормированными данными база данных, а также веб-интерфейс (<http://rnachrom.bioinf.fbb.msu.ru>), с помощью которого пользователь может:

- построить различные полногеномные графики контактов различных РНК с хроматином, позволяющие произвести сравнительную оценку контактируемости РНК или групп РНК между собой
- отправить и визуализировать профиль контактируемости РНК в “USCS Genome Browser”, чтобы сравнить, например, с треками гистоновых модификаций
- получить список РНК (по которому можно осуществлять поиск и применять различные фильтры) с метаинформацией и исходными/нормированными суммарными значениями их контактируемости в выбранных экспериментах
- получить метаинформацию по выбранным экспериментам, их препроцессингу, количеству и долю разных типов РНК, по сравнению с специально собранной аннотацией РНК
- скачать исходные/нормированные данные, чтобы произвести собственную нормировку, фильтрацию или любой другой анализ

ФИНАНСИРОВАНИЕ: работа поддержана грантом РФФИ № 20-04-00459 А

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) Simon, M.D. et al. The genomic binding sites of a noncoding RNA. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 108, 20497–20502 (2011).

- 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) 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.
- 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) Yan Z., Huang N., Wu W., Chen W., Jiang Y., Chen J., Huang X., Wen X., Xu J., Jin Q. et al. .. Genome-wide colocalization of RNA-DNA interactions and fusion RNA pairs. *Proc. Natl Acad. Sci. U.S.A.* 2019; 116:3328–3337
- 7) Bonetti A., Agostini F., Suzuki A.M., Hashimoto K., Pascarella G., Gimenez J., Roos L., Nash A.J., Ghilotti M., Cameron C.J.F. et al. .. RADICL-seq identifies general and cell type-specific principles of genome-wide RNA-chromatin interactions. *Nat. Commun.* 2020; 11:1018.