

Поиск ортологов хроматин-ассоциированных РНК.

Научный руководитель – Миронов Андрей Александрович

Гаркуль Лидия Дмитриевна

Студент (специалист)

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

E-mail: lida.inbox@gmail.com

Известно, что многие некодирующие РНК вовлечены в регуляцию различных процессов внутри клеточного ядра. До недавнего времени изучение новых хроматин-ассоциированных РНК без предварительного знания их последовательности или белковых партнеров, опосредующих взаимодействие с хроматином, было невозможно. Новые методы, позволяющие получить полный РНК-хроматиновый интерактом, смогли решить эту проблему. Однако данные таких экспериментов достаточно сложны в обработке так как содержат много “шума” - сигналов об РНК-ДНК взаимодействиях, обусловленных случайным близким расположением биомолекул, а не функциональной важностью данного контакта. В своей предыдущей работе, А. Сигорских предложил унифицированный протокол обработки таких полногеномных экспериментов и разработал алгоритм поиска кандидатов на роль ранее неизвестных хроматин-ассоциированных РНК (далее - X-РНК). Из всех открытых данных экспериментов Red-C, iMARGI и GRID на различных клетках человека с помощью данного подхода было получено 155 тысяч кандидатов на роль X-РНК.

Целью настоящей работы является дальнейшее исследование и подтверждение функциональной значимости ранее отобранных координат потенциальных X-РНК путем поиска ортологов в различных организмах, основанного на предположении о синтении. На данный момент поиск ортологов был произведен на шести млекопитающих. Полученные после нескольких этапов фильтрации результаты представлены на рисунке 1. Было найдено, что у нескольких координат ортологи аннотированы как tРНК, у других ортологи аннотированы как предсказанные длинные некодирующие РНК. В каждом случае планируется провести дополнительный анализ для окончательных выводов - например, анализ множественного выравнивания ортологов. Помимо этого, планируется расширение числа исследуемых видов, а также создание базы данных для поиска ортологов для интересующих РНК.

Иллюстрации

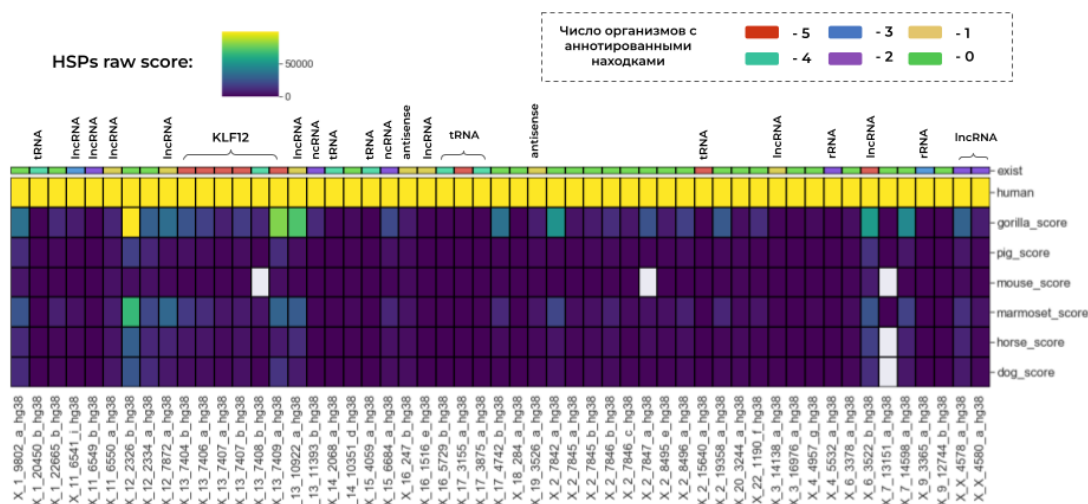


Рис. Отобранные после фильтрации кандидаты на роль Х-РНК.