

## Анализ РНК-РНК интерактома на основе данных RIC-seq

Научный руководитель – Жарикова Анастасия Александровна

*Мальшев Андрей Дмитриевич*

*Студент (специалист)*

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Москва, Россия

*E-mail: malyshew.a.d@yandex.ru*

Метод RIC-seq (RNA in situ conformation sequencing) [1] является одним из самых современных подходов к выявлению опосредованных белками РНК-РНК взаимодействий на уровне всего транскриптома. В его основе лежит фиксация клеток формальдегидом, лигирование сближенных молекул РНК и последующее глубокое секвенирование гибридов. Анализ полученных с помощью данного метода данных может пролить свет на особенности взаимодействий некодирующих РНК с другими молекулами РНК и дополнить информацию о РНК-хроматиновых контактах.

В данной работе пересматривается программный конвейер обработки данных RIC-seq с учётом таких особенностей метода, как необходимость фильтрации результатов сплайсинга и высокая доля чтений, приходящихся на интронные области генов. Основанный на Snakemake и Python программный конвейер позволяет быстро и воспроизводимо получать данные о значимых контактах, избегая тяжеловесной симуляции, которая предложена авторами оригинальной работы [2]. Более 60% выявляемых межмолекулярных взаимодействий совпадает с оригинальным результатами, а получаемые значения P-value согласуются с имеющимися представлениями о взаимодействиях различных биотипов РНК, например, с более случайной природой контактов мРНК. Со значимым коэффициентом корреляции воспроизводятся и наблюдаемые частоты взаимодействий.

Также одним из ключевых направлений работы становится сопоставление РНК-РНК контактов с РНК-хроматиновыми взаимодействиями, для которых в лаборатории накоплен большой объём данных. В частности, это относится к линии клеток K562, а наличие отлаженного программного конвейера позволит быстро производить сопоставление и с другими аналогичными экспериментами.

### Источники и литература

- 1) Cai, Z. et al. RIC-seq for global in situ profiling of RNA–RNA spatial interactions. *Nature*, 582, 432–437 (2020).
- 2) Cao, C. et al. Global in situ profiling of RNA-RNA spatial interactions with RIC-seq. *Nature Protocols*, 16, 2916–2946 (2021).