

## **ОПРЕДЕЛЕНИЕ РАСПРЕДЕЛЕНИЯ ПОЗИЦИЙ САЙТОВ СВЯЗЫВАНИЯ ПИОНЕРНЫХ ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ ОТНОСИТЕЛЬНО ПОЛОЖЕНИЙ НУКЛЕОСОМ ПО ДАННЫМ MNASE-SEQ**

**Рябов Д.М., Армеев Г.А.**

Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, 119234, Москва  
Ленинские горы, 1, с.12. d.ryabov@intbio.org armeev@intbio.org

Нуклеосома является основным структурным и функциональным элементом хроматина. Она играет важную роль в организации и упаковке генома в ядре клетки, определяя доступность генетической информации. Строение нуклеосомы составляет объект глубокого изучения биологов. Структура этого комплекса включает в себя восемь белков четырех типов - гистонов H2A, H2B, H3 и H4, присутствующих в нуклеосоме в виде двух копий каждый. Образовав димеры, эти белки формируют ядро нуклеосомы, вокруг которого обвивается ДНК длиной 146-147 п.н, совершая, по разным данным, 1,65-1,75 оборота вокруг гистонового ядра. Следует отметить, что в структуре нуклеосомы существует ось симметрии второго порядка (диадная ось), причем пара нуклеотидов, через которую она проходит, называется диадной.

Понимание расположения нуклеосом в геноме является важным аспектом изучения структуры генов и их регуляции экспрессии, что позволяет установить, как геном организован в пространстве и какие участки ДНК доступны для транскрипции. Исследование расположения нуклеосом позволяет выявить места изменений в хроматиновой структуре, связанные с эпигенетическими регуляторными механизмами, такими как метилирование ДНК или модификации гистонов. Более того, понимание расположения нуклеосом в геноме может помочь в изучении эволюции генома и определении консервативных и изменчивых участков ДНК. Это может быть полезным для анализа структуры хромосом и идентификации генетических вариаций, связанных с различными заболеваниями.

Пионерные транскрипционные факторы (ПТФ) являются белками, способными связываться с нуклеосомной ДНК зачастую привлекая другие белки, вызывающие изменение активности генов. Хотя нуклеотидная последовательность сайтов связывания многих пионерных факторов известна, остается неясным, где внутри нуклеосом расположены эти сайты. Таким образом, определение распределения сайтов связывания ПТФ относительно диад нуклеосом является основной целью настоящей работы.

Для определения позиций диад в геноме применяется метод MNase-Seq, однако на сегодняшний день не существует стандартного протокола обработки его результатов, поэтому настоящая работа является актуальной. В результате сравнения разных подходов к анализу данных MNase-Seq, были подобраны оптимальные параметры для фильтров, что позволило автоматизировать процесс обработки данных секвенирования, построения профилей заселенности хромосом определенными позициями диад и диаграммы распределения сайтов связывания ПТФ относительно выявленных позиций.