

## Чем определяется связывание NF-κB с ДНК?

Николай Панюшев - ranyushev@nextmail.ru

Институт Цитологии РАН, Санкт-Петербургский Государственный Университет

Семейство транскрипционных факторов NF-κB играет ключевую роль в контроле процессов воспаления, пролиферации и дифференцировки. Димеры NF-κB распознают и связывают 9-11 нуклеотидные последовательности ДНК – κB сайты. В геноме человека около 13600 генов, промоторы которых содержат κB – сайты, однако транскрипция лишь немногих из них изменяется в ответ на активацию пути NF-κB. Профиль связывания NF-κB зависит от типа клеток, и поиск регионов, связывание с которыми происходит вне зависимости от клеточного типа, позволит выснить закономерности, лежащие в основе регуляции пути NF-κB.

С помощью анализа данных 14 экспериментов ChIP-seq (8 - из проекта ENCODE и 6 из GEO) мы выявили сайты связывания субъединицы NF-κB RelA. После пик-коллинга пики были пересечены и таким образом было выявлено 85 регионов, которые связывают RelA в ответ на стимуляцию TNF вне зависимости от типа клеток.

Найденные регионы расположены в непосредственной близости от старта транскрипции, содержат последовательность κB-сайта, и их медианная длина составляет 200 нуклеотидов. Поиск кофакторов сайтов связывания кофакторов с помощью MEME не дал результатов. Найденные регионы не обнаруживают гомологии последовательностей между собой.

Однако, поиск общих вторичных структур РНК показал, что для них могут существовать общие вторичные структуры, что указывает на возможное вовлечение РНК-зависимых механизмов в регуляцию связывания NF-κB.

Участникам предлагается проанализировать структуры РНК (ДНК), чтобы разобраться с механизмом их работы. Также возможно проанализировать транскриптомы с целью поиска данных участков в составе длинных некодирующих РНК.

Результаты проекта будут использованы для последующего дизайна эксперимента.

Исходный код проекта можно посмотреть на [GitHub](#)

Пример полученной структуры РНК:

