

## Суперкомпьютерный анализ геномных и транскриптомных данных, полученных с помощью технологий высокопроизводительного секвенирования ДНК

*Орлов Ю.Л.<sup>1,2</sup>, Кулакова Е.В.<sup>1,2</sup>, Спицина А.М.<sup>1,2</sup>, Дергилев А.И.<sup>1,2</sup>, Свичкарев А.В.<sup>1,2</sup>, Чен М.<sup>3</sup>, Ли Г.<sup>4</sup>, Кучин Н.В.<sup>5</sup>, Подколотный Н.Л.<sup>1</sup>, Черных И.Г.<sup>5</sup>, Глинский Б.М.<sup>5</sup>*

<sup>1</sup> Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

<sup>2</sup> Новосибирский госуниверситет, Новосибирск, Россия

<sup>3</sup> Университет Чжецзянь, Ханчжоу, Китай

<sup>4</sup> Аграрный Университет Хуачжонг, Ухань, Китай

<sup>5</sup> Сибирский Суперкомпьютерный Центр (ССКЦ) СО РАН, Новосибирск, Россия

Развитие геномных и молекулярно-биологических технологий, бурный рост объемов данных высокопроизводительного секвенирования ДНК требует развития современных адекватных компьютерных методов анализа таких данных, опирающихся на суперкомпьютерные технологии. Особое место среди методов, основанных на иммунопреципитации хроматина (ChIP) и последующем секвенировании, занимает метод ChIA-PET (Chromatin Interaction Analysis by Paired-End-Tag sequencing), который позволяет исследовать не только отдельные сайты связывания, но пары таких сайтов на районах хромосом, контактирующих в трехмерном пространстве ядра клетки. В последние годы с использованием методов Hi-C, ChIA-PET и ТСС получены новые знания об особенностях трехмерной архитектуры (укладки) генома человека в интерфазном ядре (Sanyal et al., 2011). С помощью собственных компьютерных программ была проанализирована информация о хромосомных контактах, опосредованных транскрипционным фактором - рецептором эстрогена ER, полученных с помощью метода ChIA-PET, для клеточных линий человека (Fullwood et al., 2009). Рассмотрены хромосомные контакты между регуляторными (промоторными) районами генов, образуемые комплексом РНК-полимеразы II, и представлена их иерархическая классификация. Показано, что геномные области хромосомных контактов, опосредованных комплексом РНК-полимеразы II, обогащены сайтами связывания транскрипционных факторов, полученных по данным проекта ENCODE, и участками модификаций гистонов, связанными с активацией экспрессии генов. Анализ проводился на вычислительных ресурсах Сибирского Суперкомпьютерного Центра СО РАН.

Информация об авторах: Орлов Юрий Львович, Кулакова Екатерина Викторовна, Спицина Анастасия Михайловна, Дергилев Артур Игоревич, Свичкарев Анатолий Владленович, Чен Минг, Ли Гуолян, Кучин Николай Борисович, Подколотный Николай Леонтьевич, Черных Игорь Геннадьевич, Глинский Борис Михайлович

Контакт: Орлов Юрий Львович; 630090 Новосибирск, пр.-т ак. Лаврентьева, 10, Институт цитологии и генетики СО РАН, orlov@bionet.nsc.ru, Тел.:+7 (383) 363-49-69\*1129, факс: +7(383) 333-12-78.

Форма участия в конференции - постерный доклад

Научная тематика – Прикладное программное обеспечение