



Закономерности в структуре хроматина: МЕЖВИДОВОЙ ПОДХОД

Multi-species approach to chromatin structure analysis

Евгения Антошкина, Александра Галицына

Abstract

ДНК ядра эукариот упакована в $10^4 - 10^5$ раз благодаря многоуровневой пространственной организации хроматина (включаящей, в частности, топологически-ассоциированные домены, ТАДы, и компартменты). Сравнительный анализ структуры хроматина по унифицированному протоколу для организмов из разных групп ранее не проводился, и кажется интересным сравнить стандартным образом свойства хроматина для *Dictyostelium discoideum*, *Drosophila melanogaster* и *Homo sapiens*.

Eukaryotic DNA is folded $10^4 - 10^5$ times due to complicated multilevel organisation (in particular, topologically-associating domains, or TADs, and compartments). Comparative analysis of chromatin structure with unified protocol has not yet been performed for organisms from different groups. It might be instructive to implement a standard protocol and to compare chromatin properties for *Dictyostelium discoideum*, *Drosophila melanogaster* and *Homo sapiens*.

Methods

1. Итеративное корректирование
2. Вычисление показателя инсуляции
3. Поиск ТАДов с помощью Armatus
4. Анализ главных компонент (PCA)
5. Вычисление меры плотности хроматина (гамма переходная)

1. Iterative correction
2. Calculation of the insulation score
3. TADs calling with Armatus
4. PCA (principal component analysis)
5. Calculation of a chromatin density measure (gamma transitional)

Conclusions

1. Компартменты хроматина найдены только у человека. Равномерное изменение главной компоненты обнаружено у амёбы. (рис. 1)
2. Показатель инсуляции отрицательно коррелирует с плотностью генов только для человека и дрозофилы. (рис. 1, 2)
3. ТАДы имеют разный характерный размер у разных организмов. (рис. 2)
4. Коэффициент шкалирования не коррелирует с другими характеристиками хроматина организмов и качеством экспериментов. (табл. 1)
5. Chromatin compartments were found in *Homo*. Uniform increase of the first principal component towards chromosome end was found in *Dictyostelium*. (fig. 1)
6. Insulation score negative correlates with gene density for *Homo* and *Drosophila*. (fig. 1, 2)
7. TADs have different characteristic size in different organisms. (fig. 2)
8. The scaling coefficient is not correlated with other genomic features or experiment quality. (table 1)

Таблица 1. Различные свойства для организмов. Table 1. Different features for organisms.

Организм	Удельный объем ядра (мкм ³ на 100 Kb)	Коэффициент шкалирования	Размер генома (нт)	Диаметр ядра (мкм)	Объем ядра (мкм ³)	Среднее покрытие на 100 Kb
Organism	Relative nucleus volume	Scaling coefficient	Genome size	Diameter	Nucleus volume (μm^3)	Mean coverage
<i>Homo sapiens</i>	0.022	-1.23	$\sim 3.1 \cdot 10^9$	8.84	690	15500
<i>Drosophila melanogaster</i>	0.065	-1.07	$\sim 1.2 \cdot 10^8$	4.27	78	19675
<i>Dictyostelium discoideum</i>	0.090	-1.28	$\sim 3.4 \cdot 10^7$	3.13	30.5	~ 100000

Рис. 1. Сравнение геномных разметок для трёх организмов. Можно наблюдать компартменты у человека, иерархическую структуру ТАДов у всех трёх организмов, равномерное увеличение значений первой компоненты к одному концу хромосомы у амёбы.

Figure 1. Comparison of genomic features for three organisms. The following features can be observed: chromatin compartments in *Homo*, a hierarchical structure of TADs, a uniform increase of the first principal component in *Dictyostelium*.

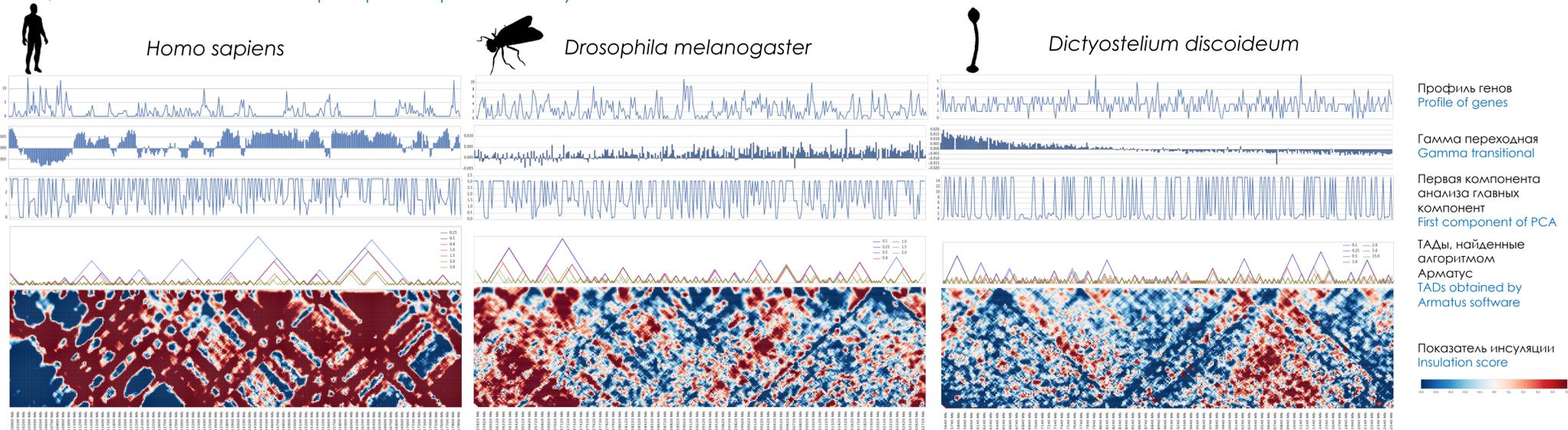


Рис. 2. Распределение количества взаимодействий на разных геномных расстояниях для трёх организмов. Стрелками выделены оптимальные расстояния, на которых достигается максимальная корреляция показателя инсуляции с гаммой переходной и минимальной корреляции показателя инсуляции с количеством генов.

Figure 2. Distribution of the number of interactions for varying genomic distances. Arrows denote the optimal distance maximizing correlation of the insulation score with gamma transitional and minimizing correlation of the insulation score with the number of genes.

