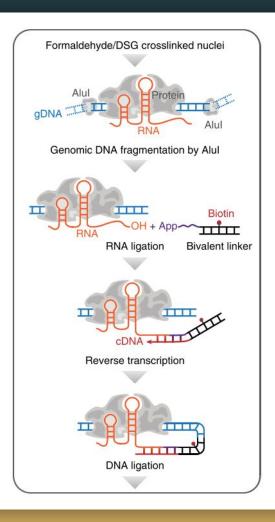
GriD-seq reveals the global RNA-chromatin interactome

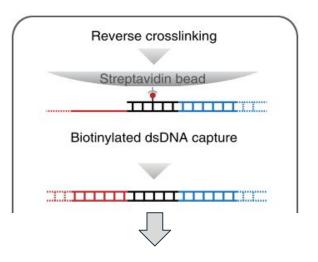
Xiao Li, Bing Zhou, Liang Chen, Lan-Tao Gou, Hairi Li & Xiang-Dong Fu



Азбукина Надежда Гурылева Мария Елизарова Евгения Селифанова Мария



Взаимодействие РНК с хроматином: методика



Секвенирование и аннотация ридов

Как выглядят данные

Координаты РНК-части контакта			Координаты ДНК-части контакта		
chr19 46356481	46356505	+	chr19 46326714	46326737	1
chr19 48884848	48884872	+	chr19 48887206	48887229	1
chr18 63883014	63883037	+	chr19 30326681	30326704	1
chr18 20953850	20953874	+	chr18 20967829	20967851	1
chr19 36719490	36719513	_	chr19 36881355	36881379	1

Используемые пакеты и модули

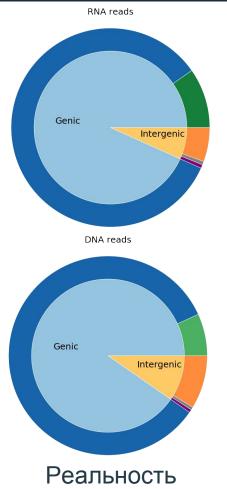
numpy matplotlib

ternary pandas

collections bedtools

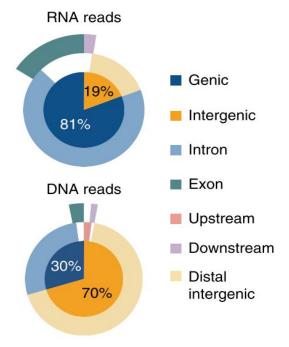
seaborn deeptools

altair

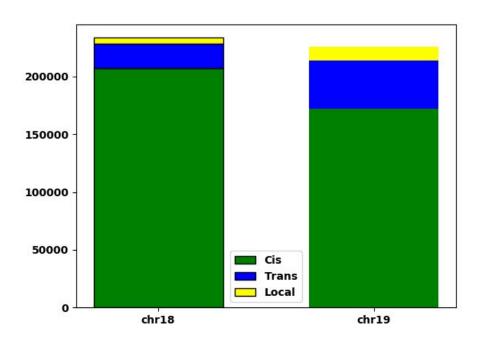


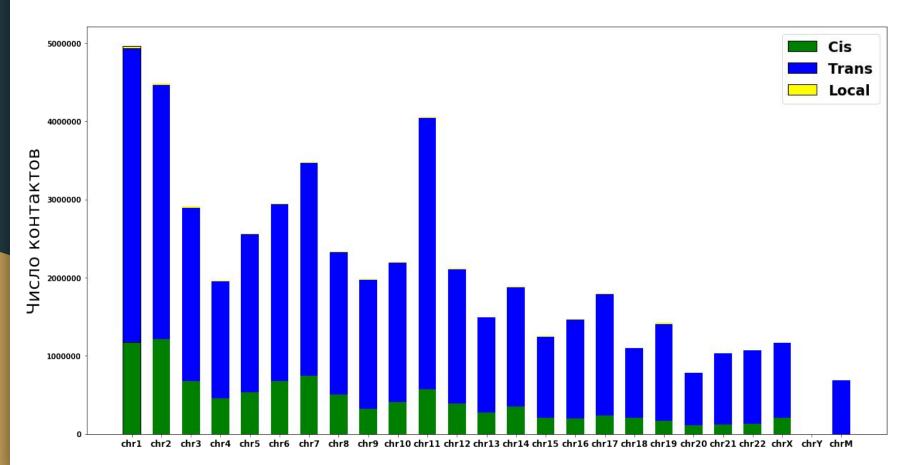
Распределение ридов по частям генов





Распределение по типу контактов





ДНК-РНК контакты

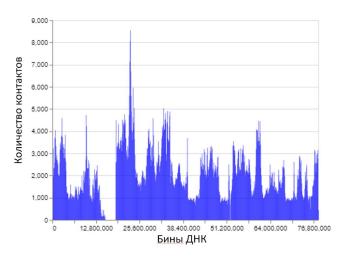


Рис.1 ДНК-РНК контакты на 18 хромосоме

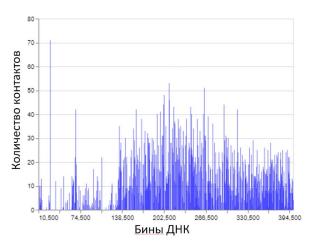
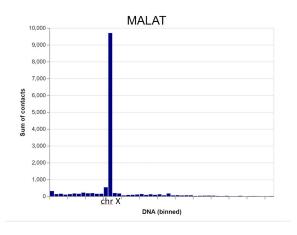
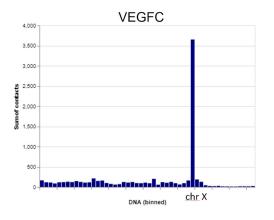
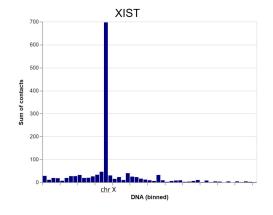


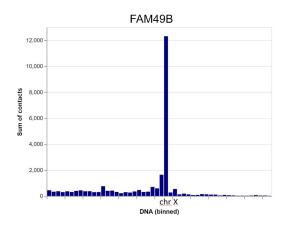
Рис.2 ДНК-РНК контакты на 18 хромосоме (участок)

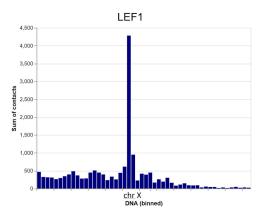
Взаимодействия регуляторных РНК с хроматином



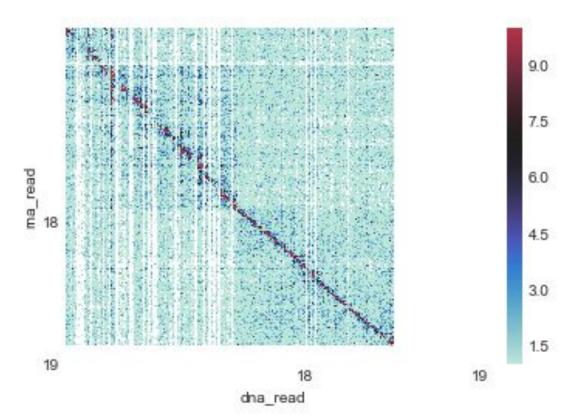




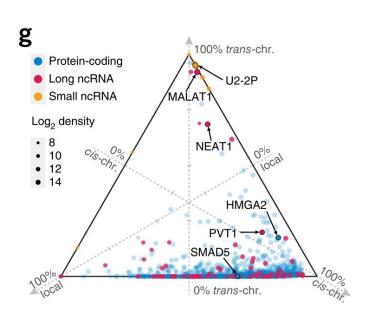


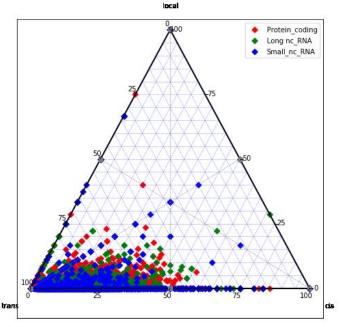


Визуализирую щее РНК-ДНК контактов для 18 - 19 хромосом



Распределение цис- транс- и локальных контактов для различных типов РНК

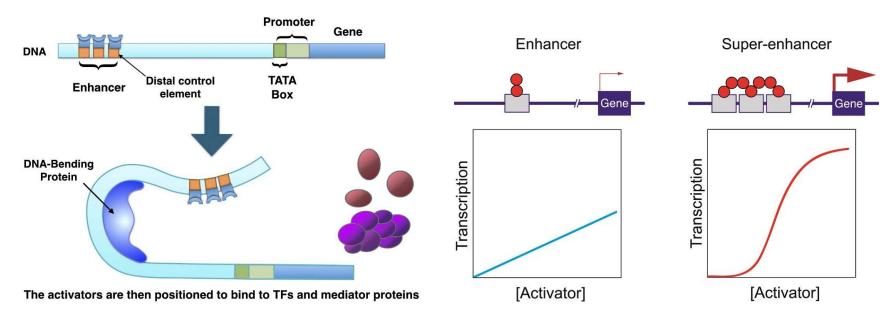




Ожидание

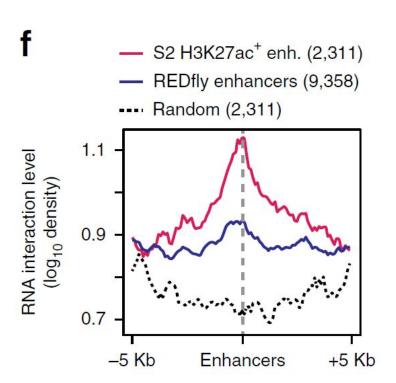
Реальность

Наложение контактов на аннотированные энхансеры. Энхансеры и суперэнхансеры

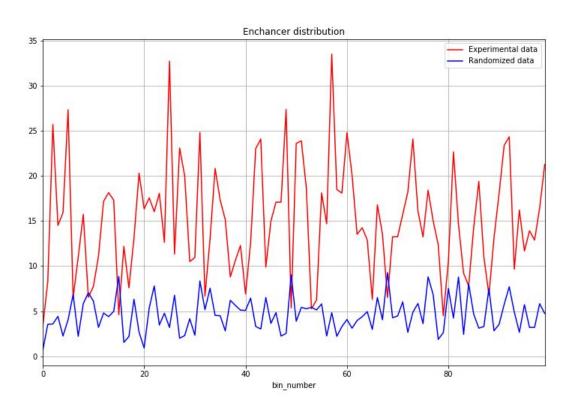


В статье:

Контакты имеют "бОльшее сродство" к энхансерным областям у дрозофил



Контакты 18-19 для хромосомы 18 vs рандомизация (hg19)



Параметры и файлы

- 1. Файл с экспериментальными данными ДНК-РНК контактов
- 2. Любая аннотированная база данных энхансеров
- 3. Параметр: размер бина
- 4. Параметр: размер окна "вокруг" энхансера
- 5. Параметр: вес контактов

Взаимодействие РНК с генами



Установить deeptools на windows



Установить deeptools и bedtools на linux



Написание скрипта в linux (CLI)



Преобразование в скрипт на python с помощью модуля subprocess

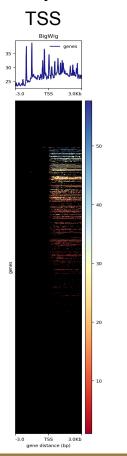


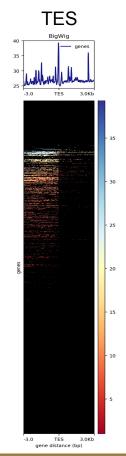
Запуск скрипта на python на linux

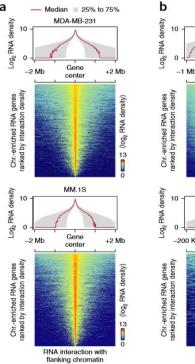
Примечание: для работы в linux была установлена программа Ubuntu, туда также была установлена anaconda с модулями bedtools и deeptools

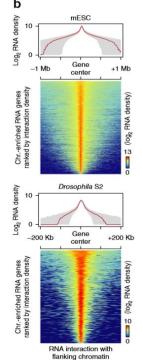
Рисунки, полученные с помощью нашего скрипта:

Рисунки из статьи:





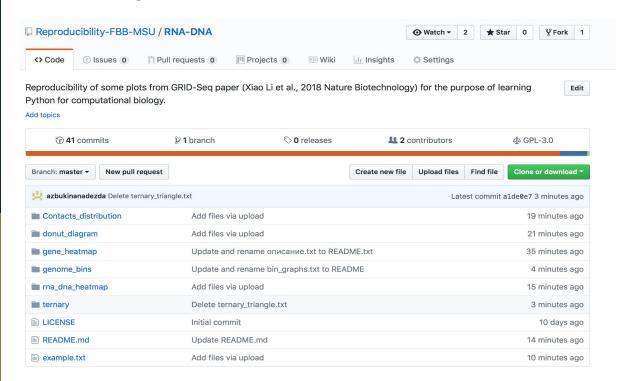




Выводы

- 1. Посчитана базовая статистика ДНК-РНК контактов
- 2. Распределение РНК-контактов по геному
- 3. Взаимодействие конкретной РНК с хроматином
- 4. Распределение цис-, транс- и локальных взаимодействий для различных функциональных групп РНК
- 5. Тепловая карта РНК-ДНК взаимодействий
- 6. Распределение РНК контактов относительно энхансеров
- 7. Распределение РНК контактов относительно генов

Наш проект на Git-hub



Спасибо за внимание!