



ZDNA НЗК9МЕ3

АЮПОВ ШАМИЛЬ (HUMAN, HCT116)

ГРИГОРЬЕВ ПЁТР (HUMAN, SJSA1)

ДУДКОВСКАЯ АНАСТАСИЯ (HUMAN, SK-N-SH)

КАРТАШЕВ НИКОЛАЙ (HUMAN, H9)

КРУГЛОВ ПАВЕЛ (HUMAN, MCF-7)

МИРОНОВ АЛЕКСЕЙ (MOUSE, MEL)

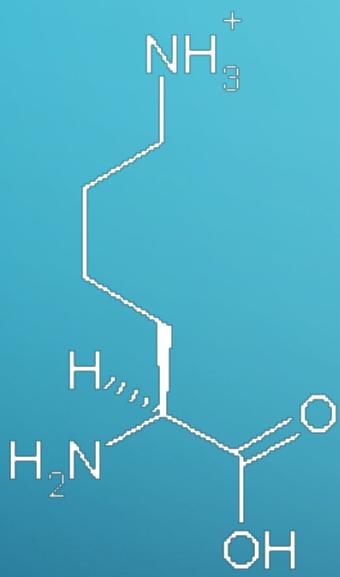
МЯЧИН ДАНИЛ (HUMAN, K562)

САФОНОВ ИВАН (HUMAN, A549)

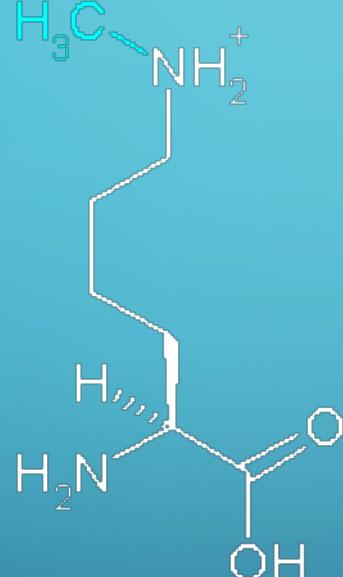
СОКОЛОВСКИЙ АЛЕКСЕЙ (HUMAN, A549)

СТРЕЛЬЦОВ АРТЁМ (HUMAN, H1)

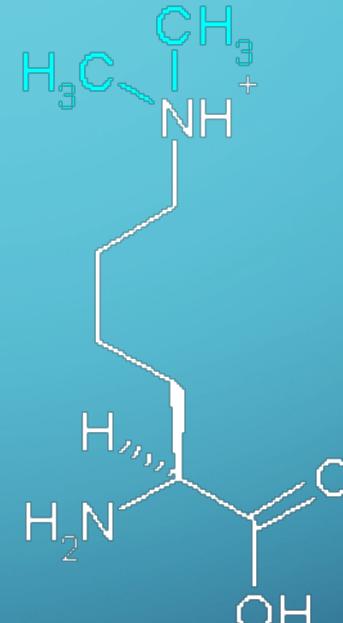
H3K9ME3



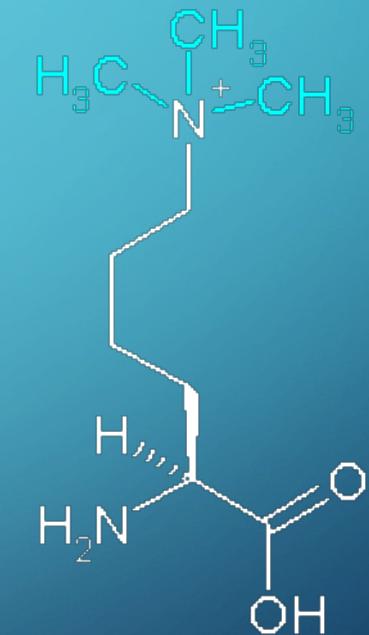
Lysine



Mono-methyl
lysine



Dimethyl lysine



Trimethyl lysine

ГЕТЕРОХРОМАТИН

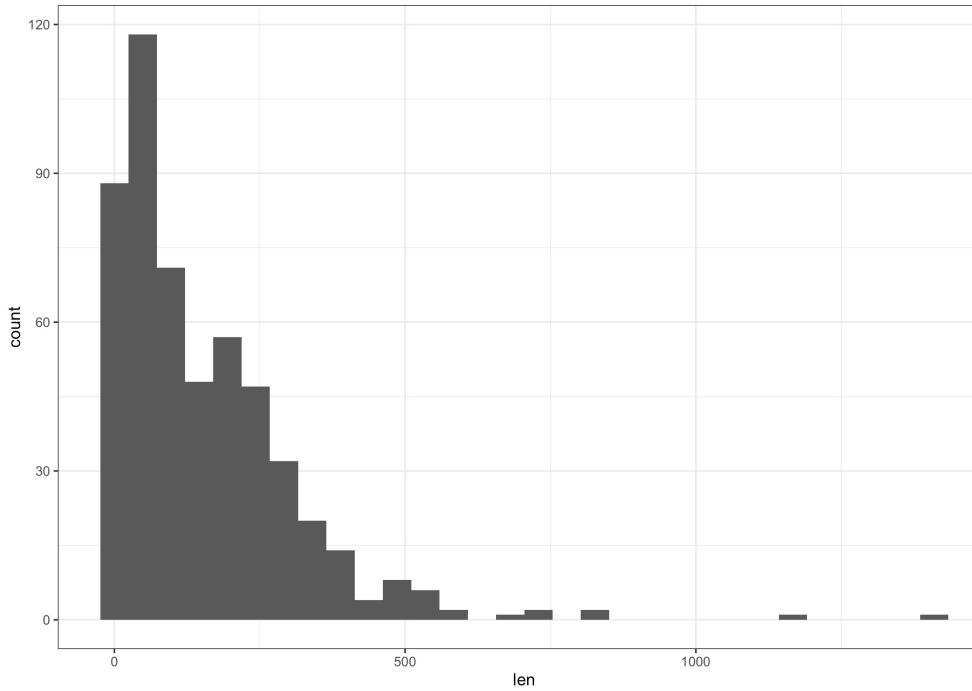
- Гетерохроматин — участки хроматина, находящиеся в течение клеточного цикла в конденсированном (компактном) состоянии. Особенностью гетерохроматиновой ДНК является крайне низкая транскрибируемость.

ТИПЫ КЛЕТОК

- SJSA-1 клеточная линия человеческой остеосаркомы
- HCT116 клеточная линия колоректальной (толстая кишка и червеобразный отросток) злокачественной опухоли
- K562 клеточная линия лейкимии
- MEL клеточная линия миелоидного лейкоза
- MCF-7 клеточная линия adenокарциномы протоков молочной железы человека
- H9 линия клеток лимфомы Т клеток
- SK-N-SH клеточная линия нейробластомы
- A549 клеточная линия adenокарциномы альвеол (в легких)
- НАР1 клеточная линия хронического миелоидного лейкоза

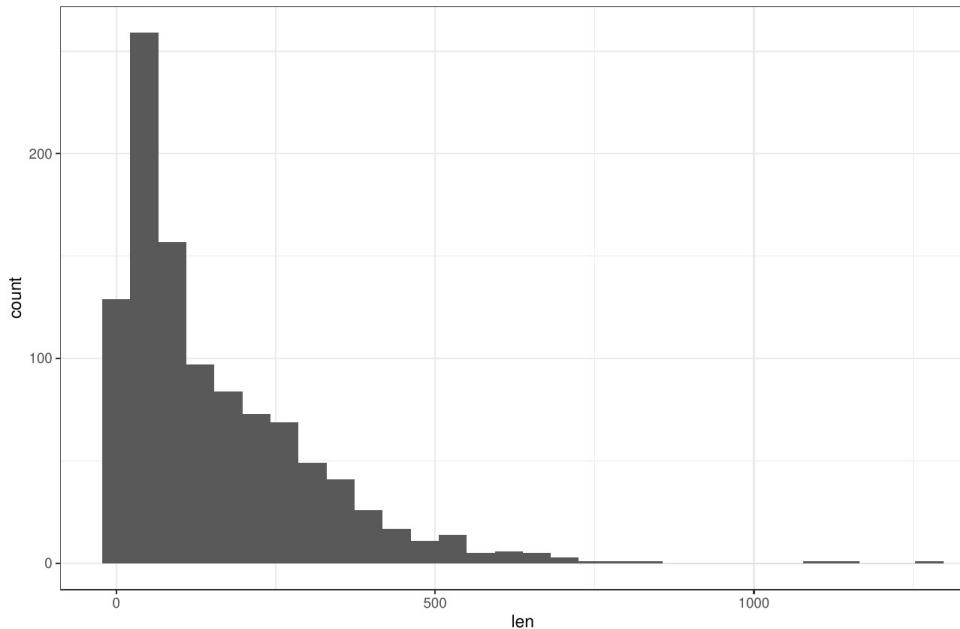
H3K9me3_A549.intersect_with_DeepZ

Number of peaks = 522



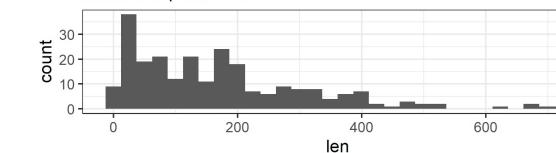
H3K9me3_H1.intersect_with_DeepZ

Number of peaks = 1051



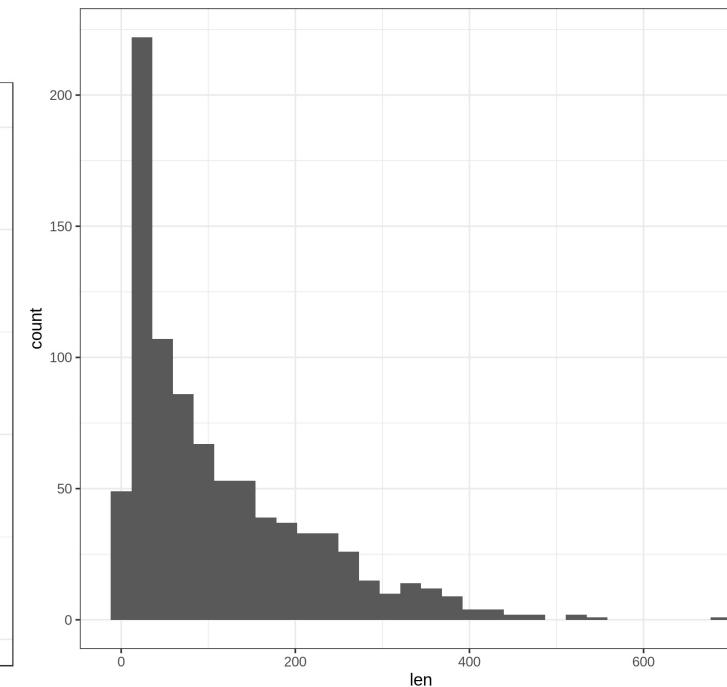
H3K9me3_SK-N-SH_intersect_DeepZ

Number of peaks = 243

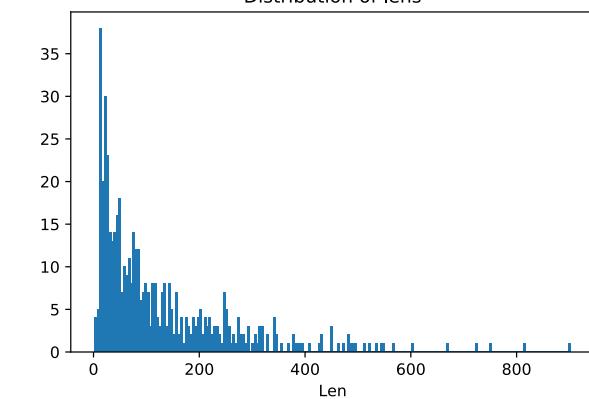


H3K9me9_SJSA1.intersect_with_DeepZ

Number of peaks = 881

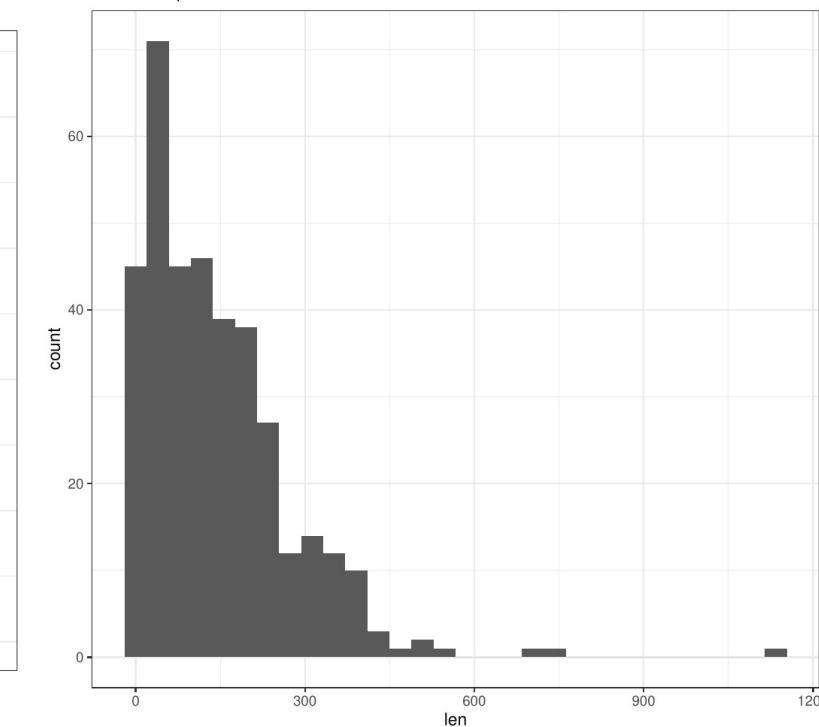


Distribution of lens



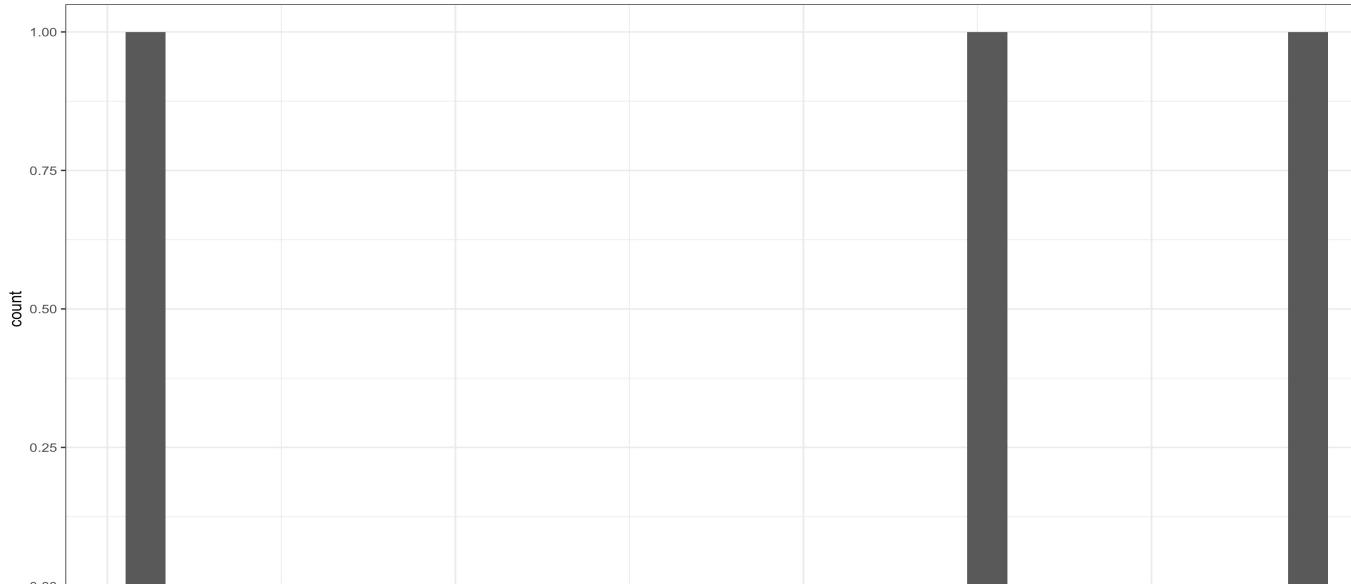
H3K9me3_K562.intersect_with_DeepZ

Number of peaks = 369



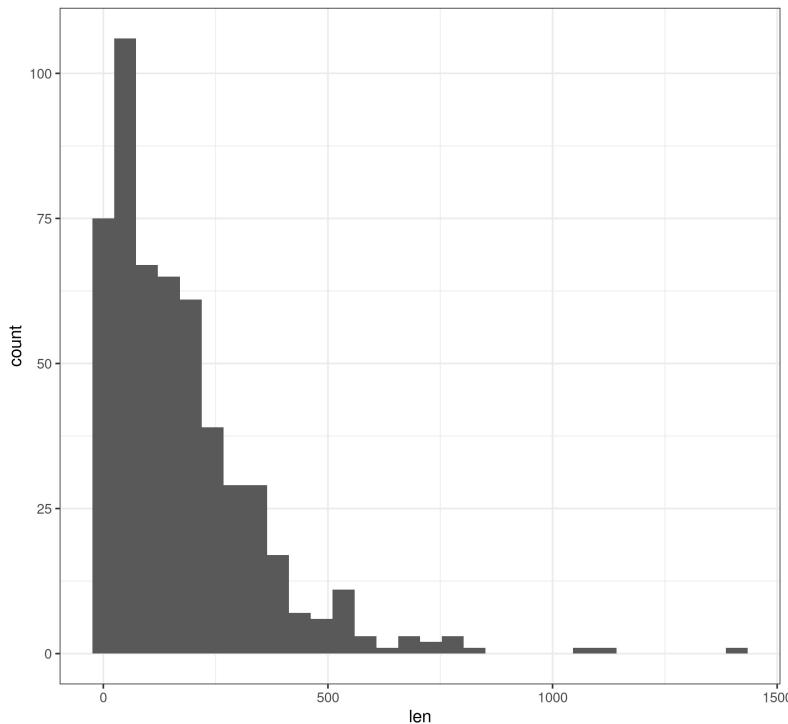
H3K9me3_MEL.intersect_with_mouseZ-DNA1

Number of peaks = 3



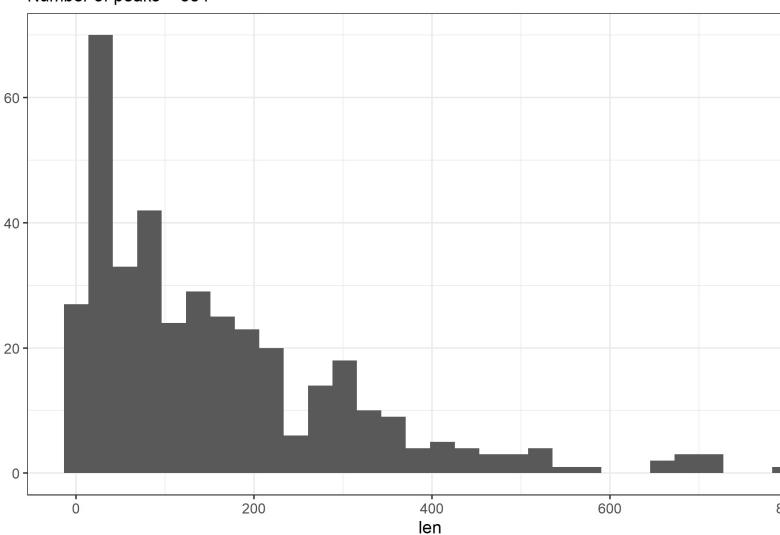
H3K9me3_MCF7.intersect_with_DeepZ

Number of peaks = 528



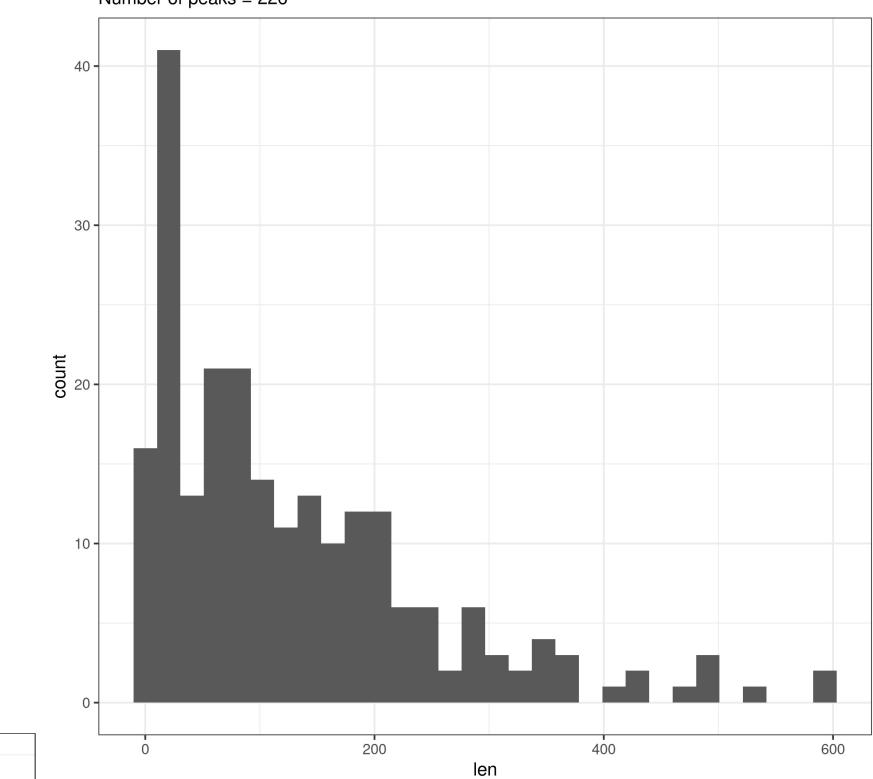
H3K9me3_HCT116.intersect_with_DeepZ

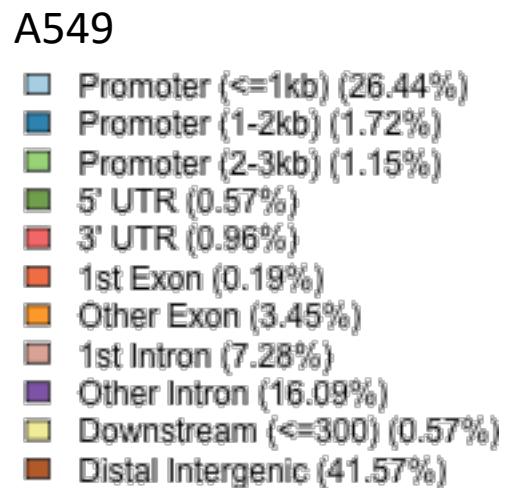
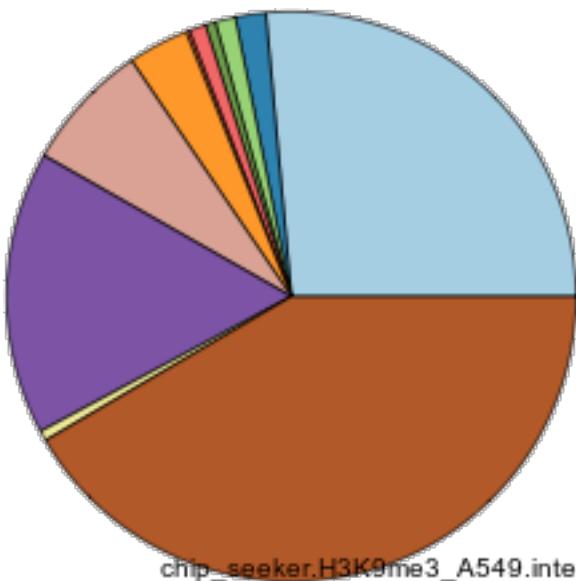
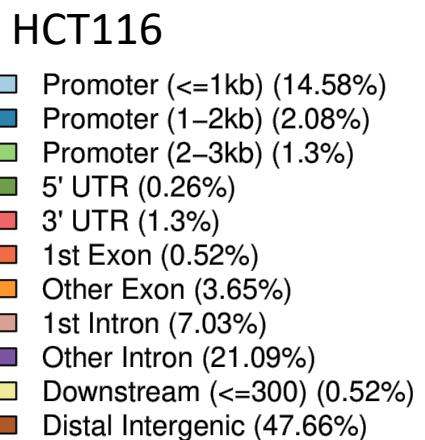
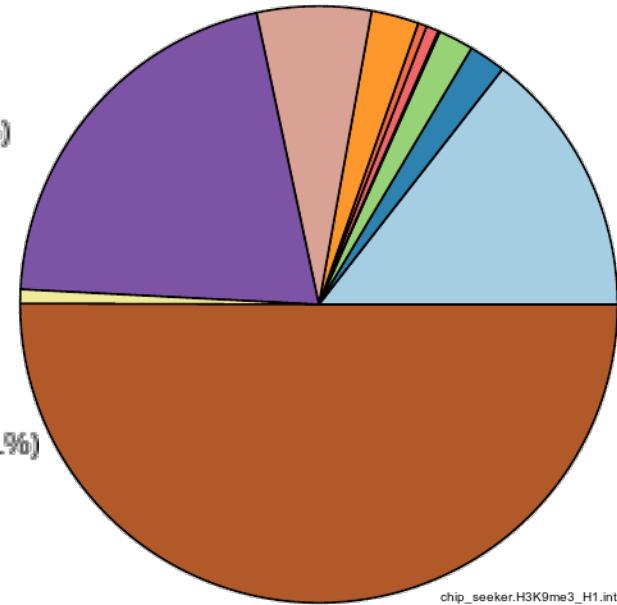
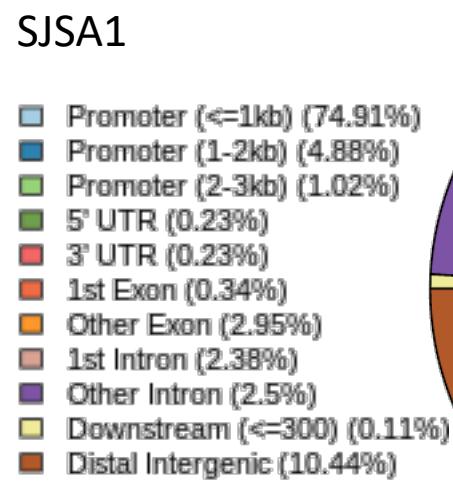
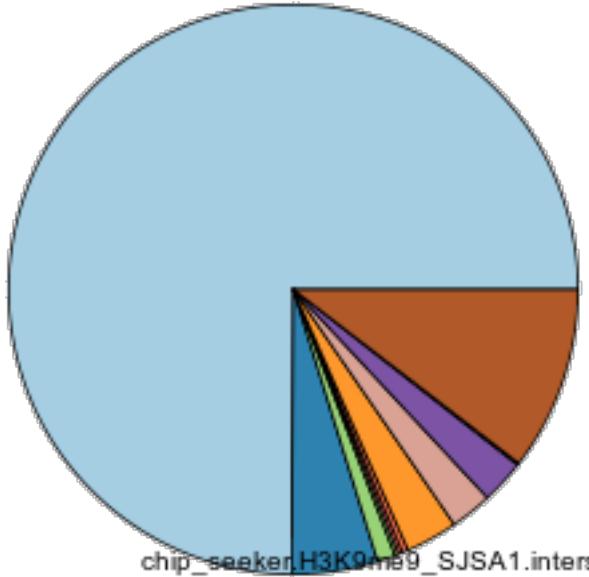
Number of peaks = 384

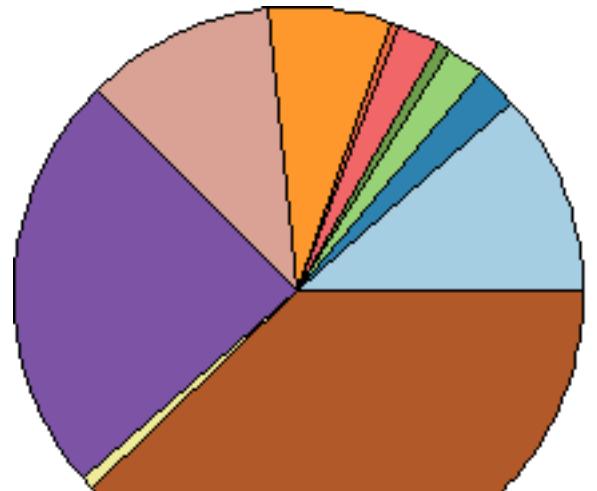


H3K9me9.intersect_with_DeepZ

Number of peaks = 226



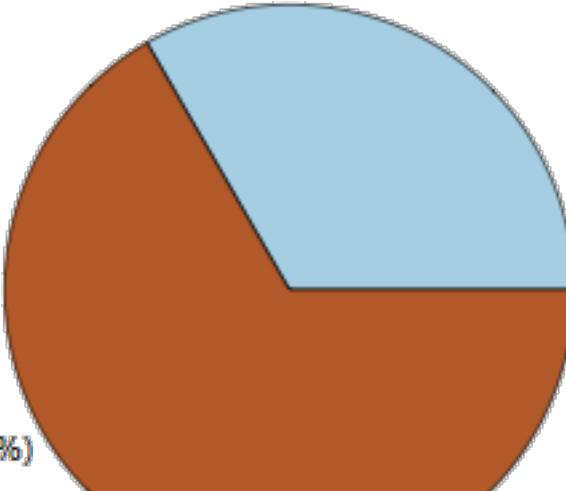




chip_seeker.H3K9me3_SK-N-SH_intersect_DeepZ.plotAnnoPie.png

SK-N-SH

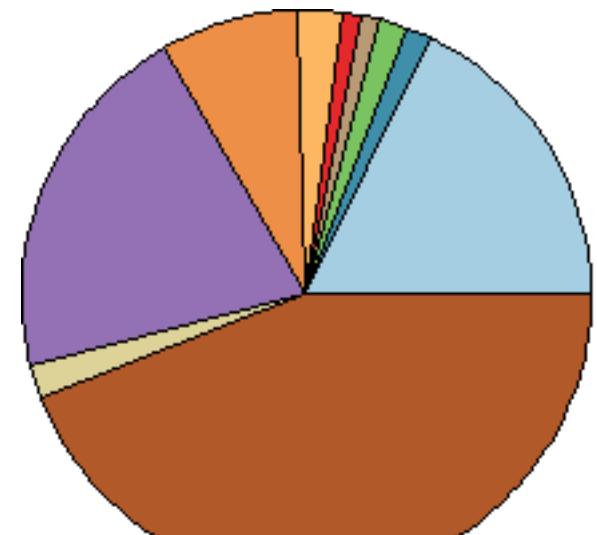
- Promoter (<=1kb) (11.52%)
- Promoter (1-2kb) (2.47%)
- Promoter (2-3kb) (2.06%)
- 5' UTR (0.82%)
- 3' UTR (2.47%)
- 1st Exon (0.41%)
- Other Exon (7%)
- 1st Intron (10.7%)
- Other Intron (23.87%)
- Downstream (<=300) (0.82%)
- Distal Intergenic (37.86%)



chip_seeker.H3K9me3_MEL.intersect_with_mouseZ-DNA1.plotAnnoPie.png

MEL (mouse)

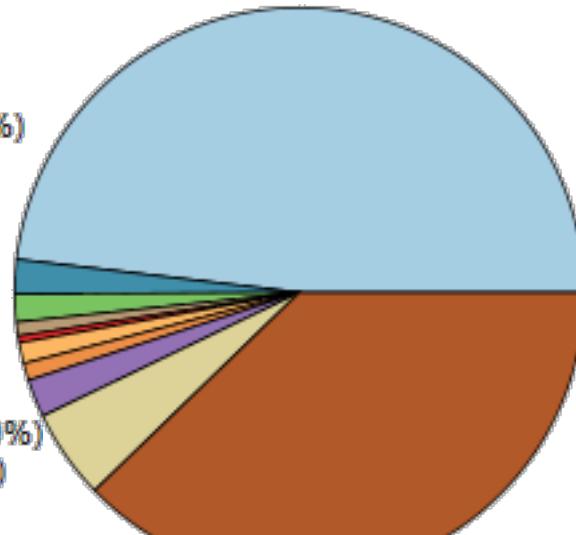
- 1st Intron (33.33%)
- Distal Intergenic (66.67%)



chip_seeker.H3K9me3_K562.intersect_with_DeepZ.plotAnnoPie.png

K562

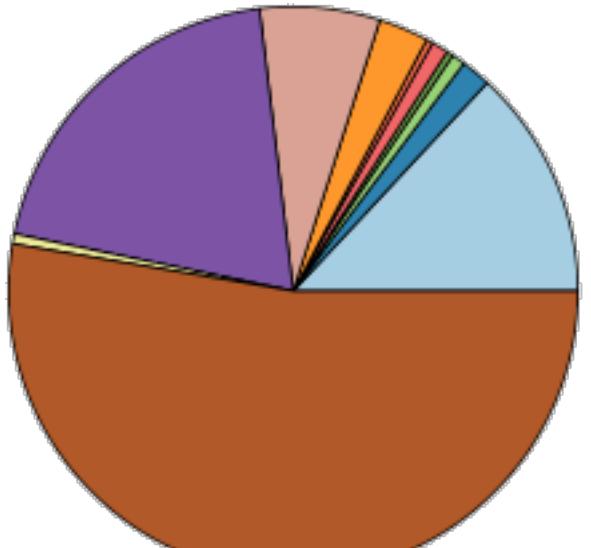
- Promoter (<=1kb) (17.89%)
- Promoter (1-2kb) (1.36%)
- Promoter (2-3kb) (1.63%)
- 3' UTR (1.08%)
- 1st Exon (1.08%)
- Other Exon (2.44%)
- 1st Intron (7.86%)
- Other Intron (20.6%)
- Downstream (<=300) (1.9%)
- Distal Intergenic (44.17%)



chip_seeker.H3K9me3_H9.intersect_with_DeepZ.plotAnnoPie.png

H9

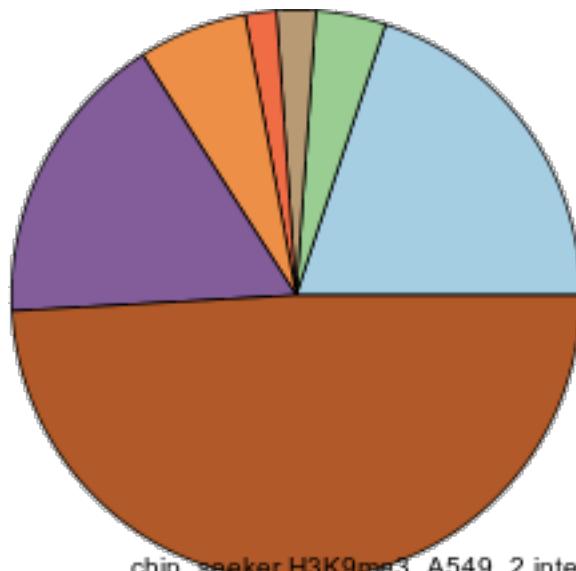
- Promoter (<=1kb) (48.14%)
- Promoter (1-2kb) (1.96%)
- Promoter (2-3kb) (1.57%)
- 5' UTR (0.78%)
- 3' UTR (0.39%)
- 1st Exon (1.17%)
- Other Exon (0.98%)
- 1st Intron (2.15%)
- Other Intron (5.09%)
- Distal Intergenic (37.77%)



MCF7

- Promoter (<=1kb) (13.07%)
- Promoter (1-2kb) (1.7%)
- Promoter (2-3kb) (0.76%)
- 5' UTR (0.38%)
- 3' UTR (0.95%)
- 1st Exon (0.38%)
- Other Exon (2.84%)
- 1st Intron (6.82%)
- Other Intron (19.89%)
- Downstream (<=300) (0.57%)
- Distal Intergenic (52.65%)

chip_seeker.H3K9me3_MCF7.intersect_with_DeepZ.plotAnnoPie.png

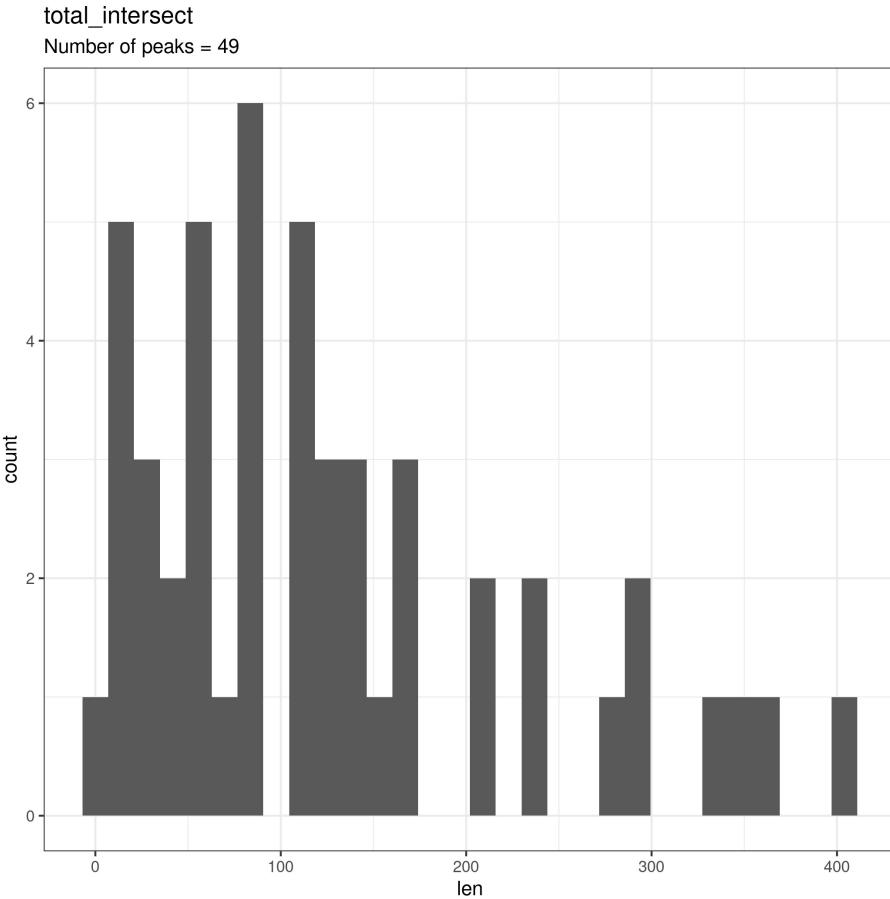


A549

- Promoter (<=1kb) (19.91%)
- Promoter (1-2kb) (3.98%)
- Promoter (2-3kb) (2.21%)
- Other Exon (1.77%)
- 1st Intron (6.19%)
- Other Intron (16.81%)
- Distal Intergenic (49.12%)

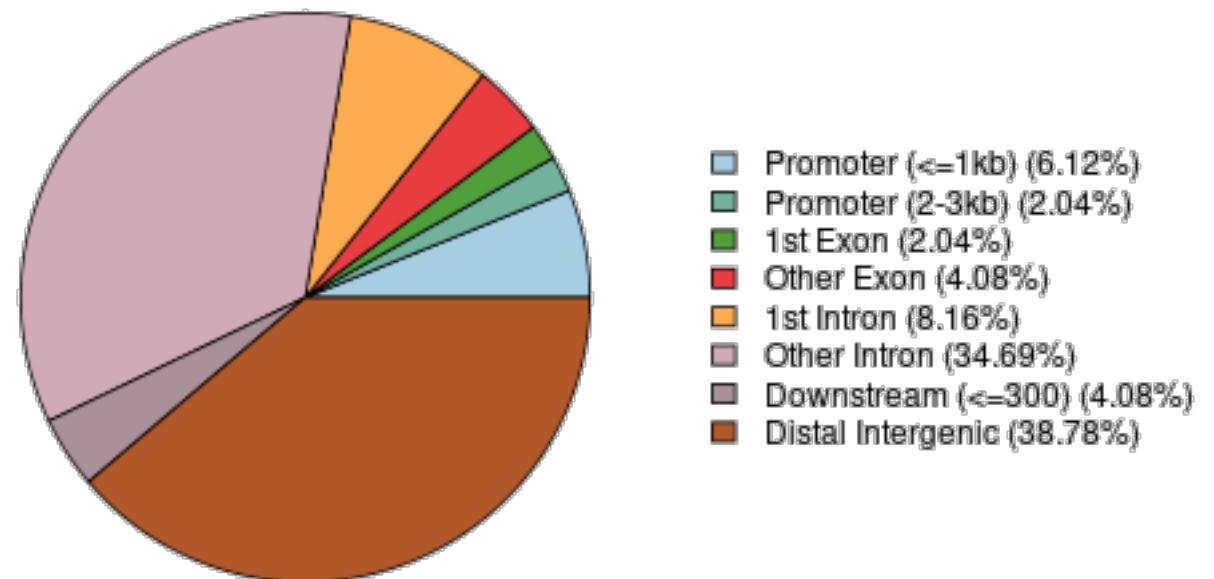
chip_seeker.H3K9me3_A549_2.intersect_with_DeepZ.plotAnnoPie.png

Тотальное пересечение

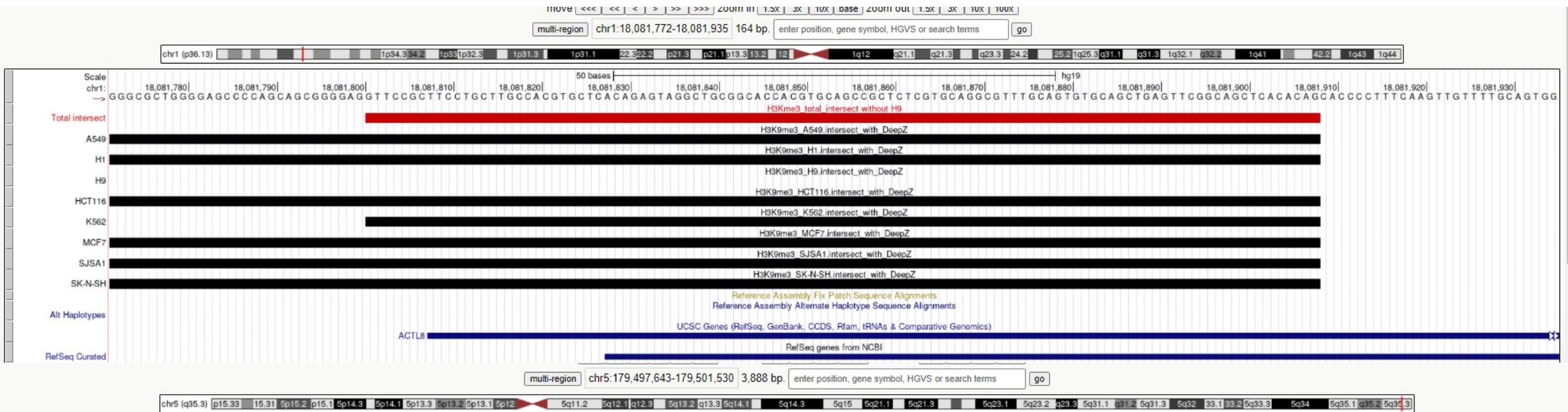


Выкинули

- MEL
- H9
- Один из A549



Тотальное пересечение



ГЕНЫ

- Нашли 3 уникальных гена на тотальном пересечении
- При go-анализе нет статистически значимых данных ни при анализе тотального пересечения, ни при анализе индивидуального
- ACTL8 — ассоциируется с раком кожи
- RNF130 — может играть роль в запрограммированной смерти гемоцитобластов
- KCNJ15 — кодирует белок, который относится к ионным каналам (отвечает за транспорт)

ВЫВОДЫ

- Пики гистонной метки в большинстве случаев попадают в межгенное пространство, что соответствует описанию метки
- Сравнить организмы не получилось, для мыши для данной гистонной метки есть только один тип клеток, в котором два эксперимента. При этом пересечение там равно трём, что не достаточно для статистически значимых выводов
- Результаты для разных типов клеток похожи, но есть исключения