

# **Интегративное моделирование укладки хроматина на супрануклеосомном уровне**

**ВКР на степень бакалавра  
студента 4 курса  
Тимохина Григория**

**Научный руководитель:  
А.К. Шайтан**

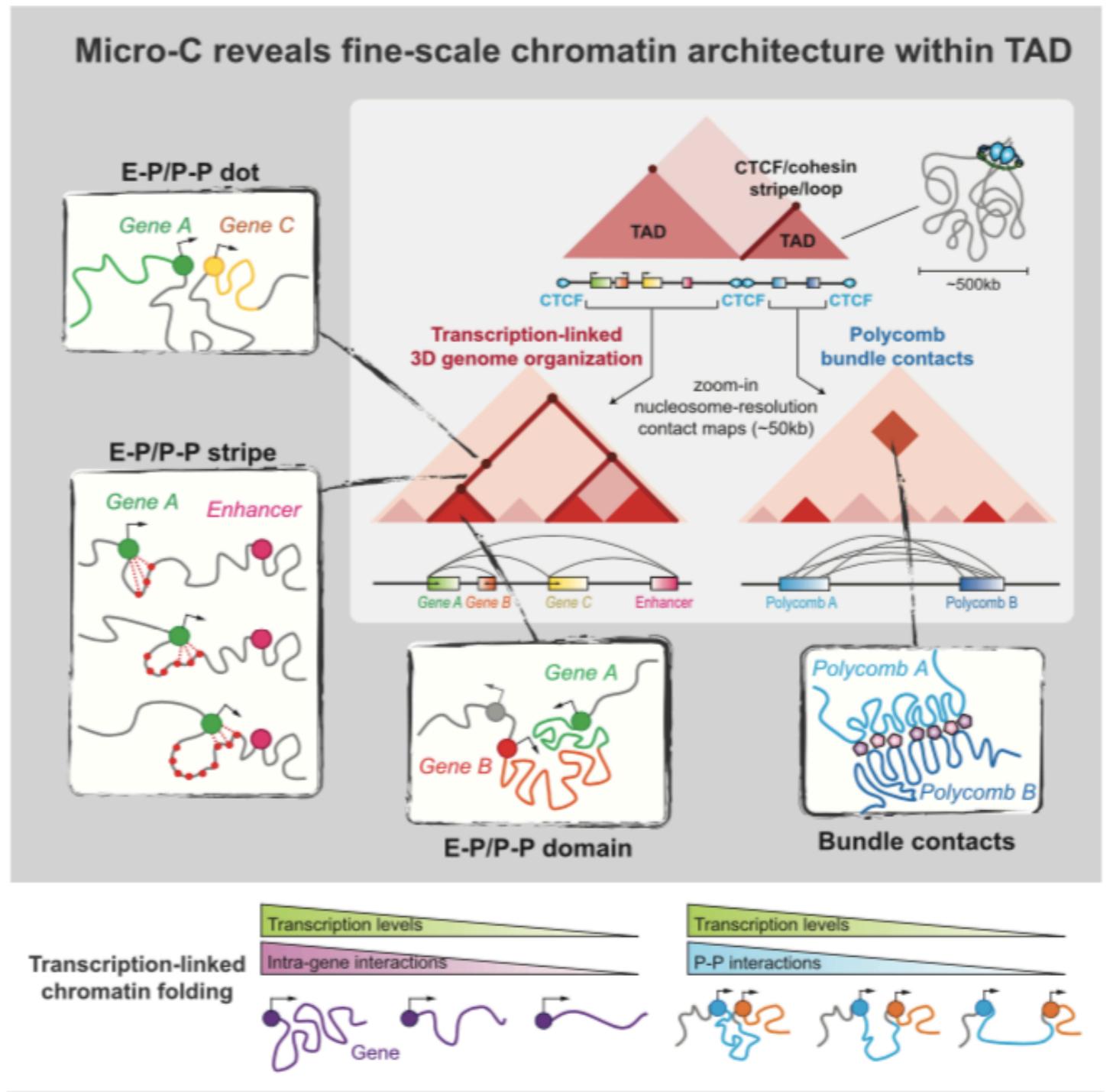
**Status review**

### Чего мы хотим?

Получить модель укладки хроматина на супрануклеосомном уровне (СХ)  
Изучить разницу в организации СХ между клетками разных линий

### Зачем?

Это до сих пор малоизученный уровень организации хроматина и при этом он участвует в регуляции транскрипции, поэтому по структуре СХ:  
“Здоровые” клетки отличаются от “больных”,  
клетки одних тканей отличаются от других,  
клетки одной ткани отличаются в разные фазы клеточного цикла



### Что нам нужно?

Карта дистанций между локусами с околонуклеосомным разрешением  
Позиции нуклеосом

### Что мы будем делать?

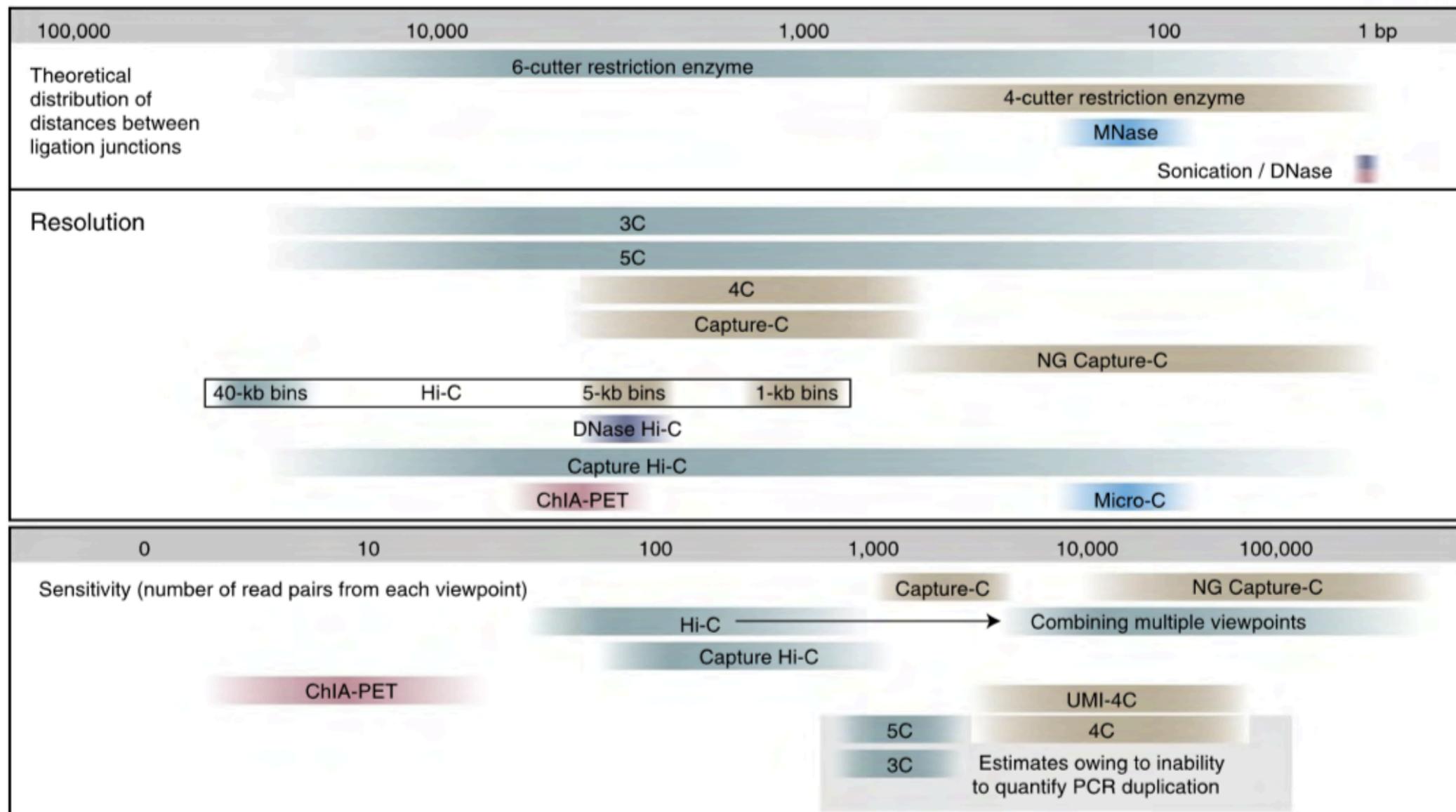
Получим карту контактов, трансформируем ее в карту дистанций  
Получим позиции нуклеосом  
Совместим информацию с позициями нуклеосом и карту дистанций  
Проведем грубозернистое молекулярное моделирование динамики нуклеосомной фибриллы в виде бусин на нити  
Изучим статистическую разницу в организации хроматина на супрануклеосомном уровне между клетками разных линий



## Какие данные будем использовать?

Для получения карты контактов: Micro-C (а можем еще: NG Capture-C, Capture Hi-C, ChIA-PET)

Для получения позиций нуклеосом: MNase-seq, Micro-C (а можем еще: ATAC-seq (transposase), CHIP-seq (H3 histone), NOME-seq, MRE-seq)



## Откуда будем брать данные?

Micro-C, Hi-C: 4DNucleome, GEO

Datasets

MNase-seq: GEO Datasets

## Данные по каким клеточным линиям мы используем?

Human: H1-hESC, HFFc6, HFF-hTERT,

HeLa-S3

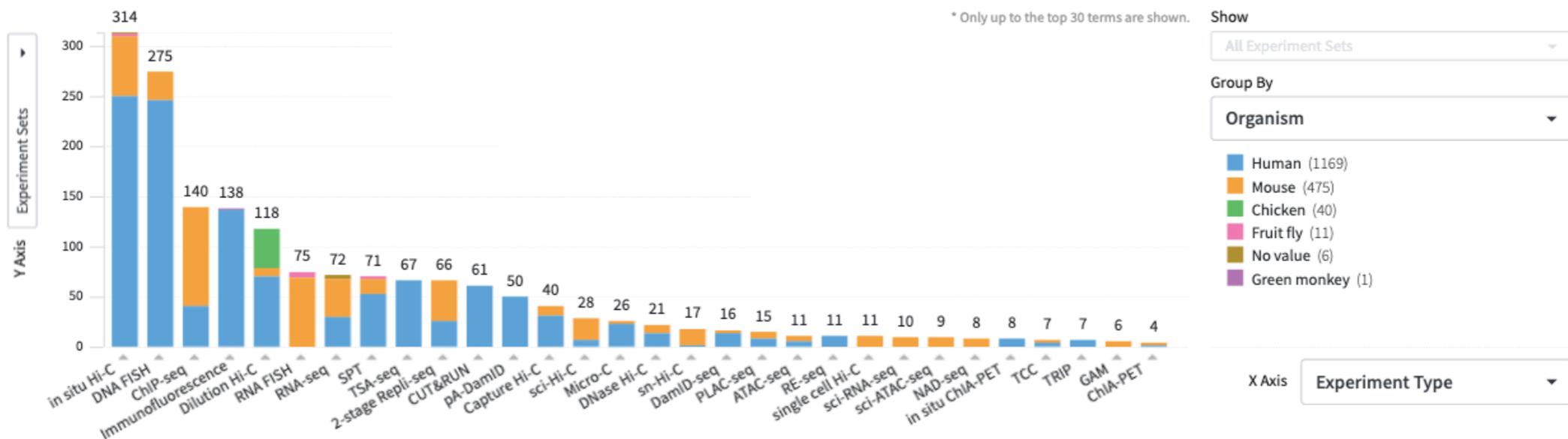
Mouse: JM8.N4, mESC

**4DN** Data Portal Data Tools Resources Help Log In / Register

1716 Experiment Sets 4205 Experiments 31470 Files Include External Data

## Data Browser

Filter & browse experiments



359 fewer sets in 4DN-only Data.

Select All

Download 0 Selected Files

All File Types

Full Screen

Properties	Title	Experiment Ty...	Biosample	Dataset	Condition
+ Project	4DNESNWTJGIN	CUT&Tag	HFFc6 (Tier 1)	CUT&Tag on HFFc6 cells	SMC1

## Что уже есть?

Можем получать контактные карты из сырых Hi-C/Micro-C данных

Можем получать карты дистанций из контактных карт

Можем интегрировать данные с позициями нуклеосом с картами дистанций

Можем моделировать динамику хроматиновой фибриллы на основании этих данных

Все это сделано для локуса Igf2-H19 клеточной линии mESC

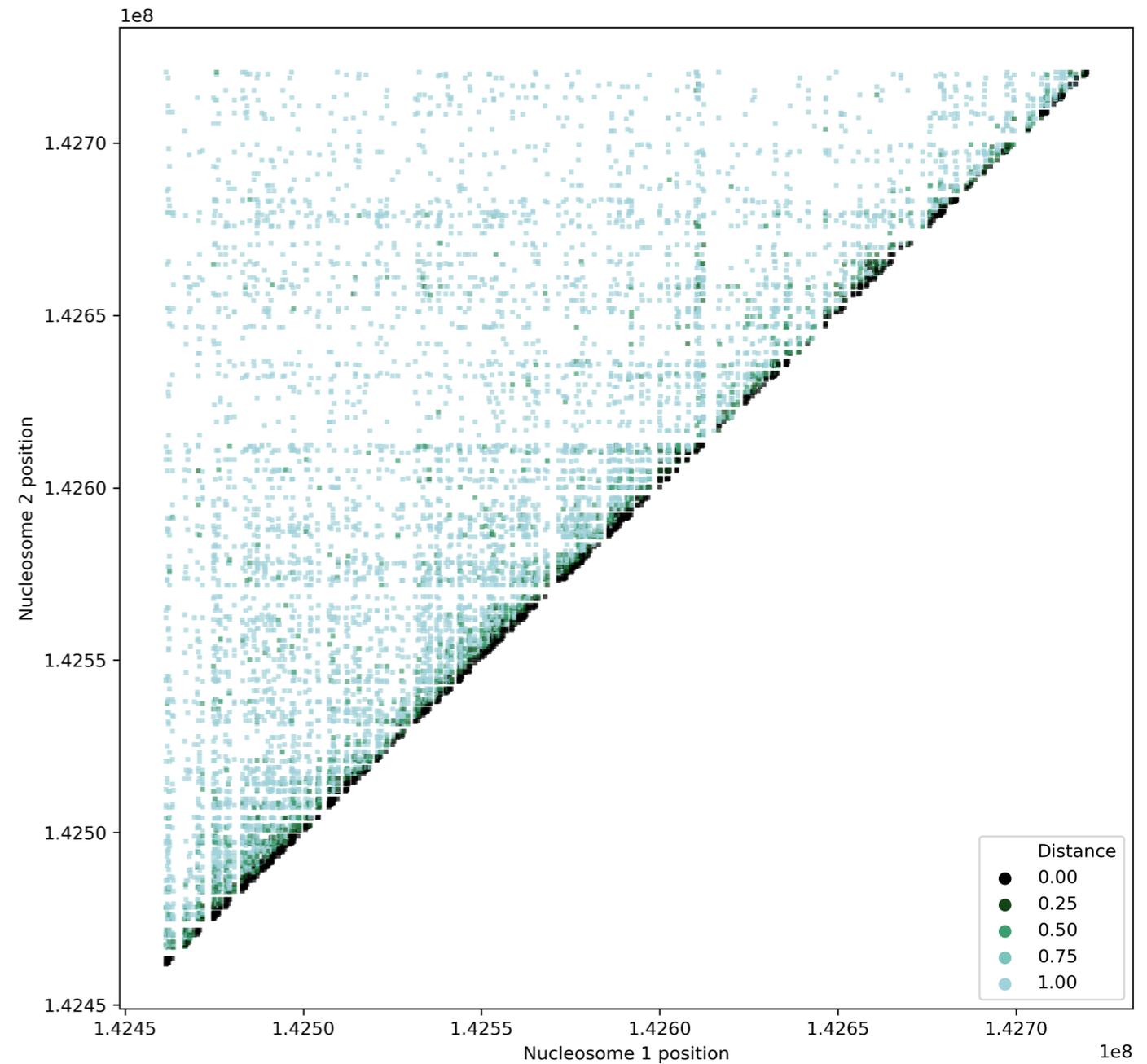
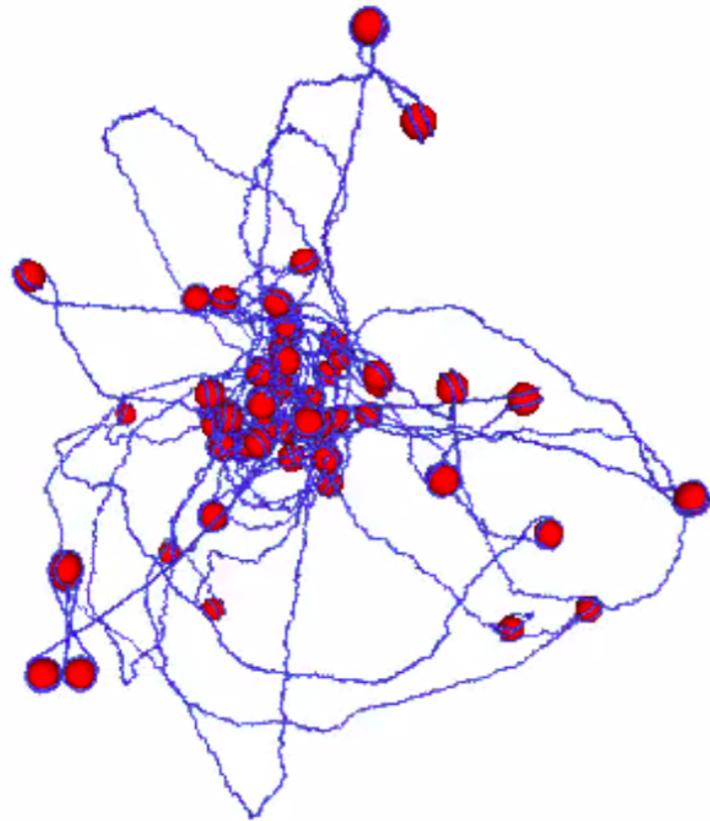


Диаграмма рассеяния частот взаимодействия нуклеосом в локусе Igf2-H19 клеток линии mESC

Модель укладки хроматина на супрануклеосомном уровне в локусе Igf2-H19 клеток линии mESC, созданная на основе интегрированных данных

## Что планируется сделать?

Настроить систему для получения данных позиционирования нуклеосом из MNase-seq, Micro-C данных

Сравнить укладку CX в A/B компартментах одной клеточной линии, сравнить укладку CX в одном локусе в разных клеточных линиях человека и мыши, между человеком и мышью

