

ПРИЛОЖЕНИЕ

к статье «Отбор и анализ DNase I-гиперчувствительных сайтов для пренатального определения трисомии 21 у плода»

А.М. Мазур, А.С. Старшин, Н.В. Богуш, Е.Б. Прохорчук

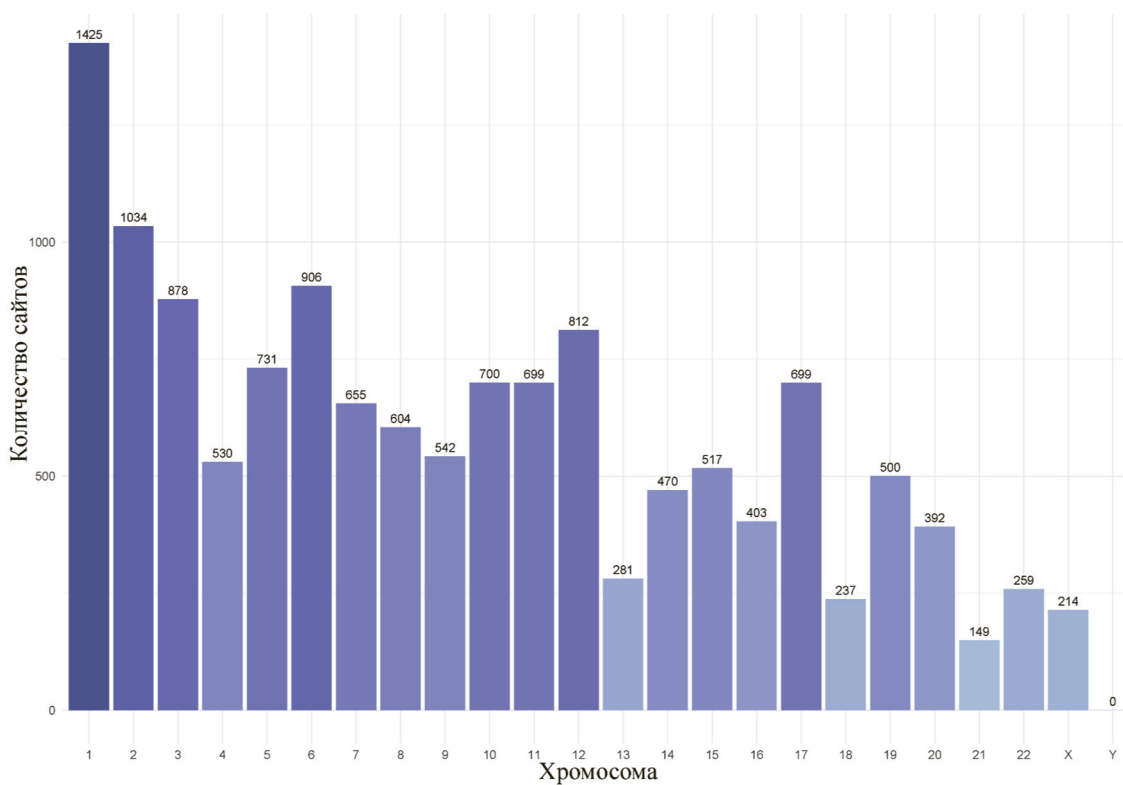


Рис. S1. Распределение DHS по хромосомам.

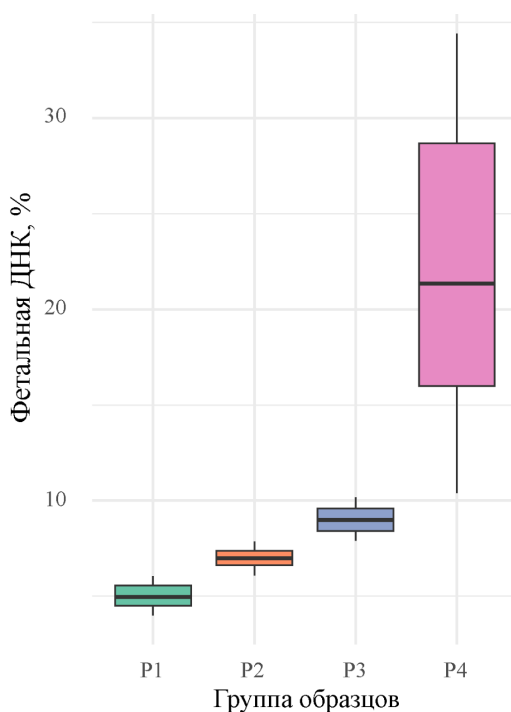


Рис. S2. Образцы беременных с нормальным кариотипом плода, сгруппированные по % фетальной ДНК.

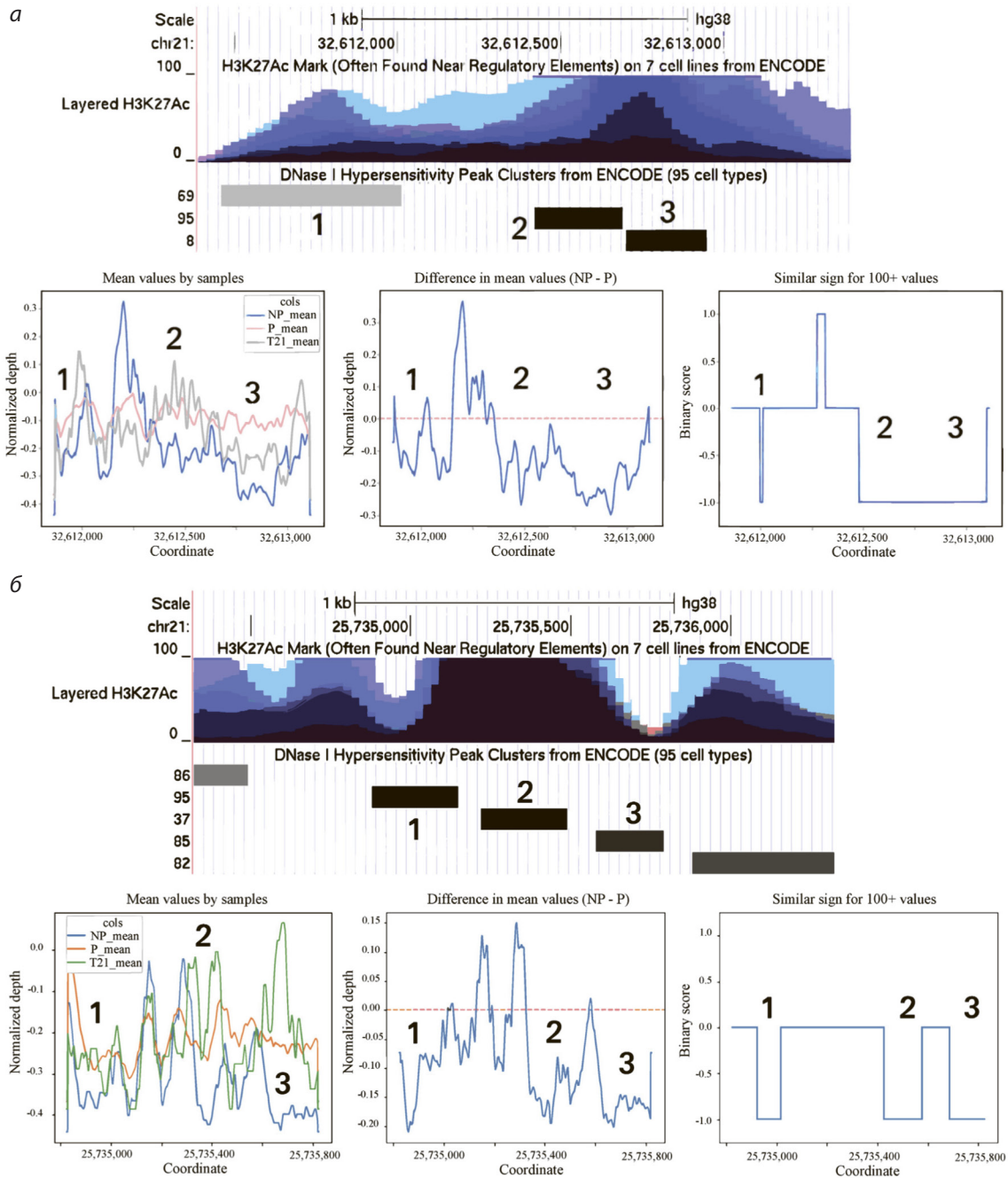


Рис. S3. Результаты анализа двух типичных геномных локусов (а, б), каждый из которых содержит три DHS.

В верхней части фрагментов а и б показано расположение этих регионов в геномном браузере с указанием масштаба (1 т.п.н.). Центральная позиция каждого региона соответствует DHS, вокруг которого был построен анализируемый участок. Дополнительные DHS отображены в виде горизонтальных линий, где насыщенность серого цвета отражает интенсивность сигнала DNase-seq. Рядом с каждым сайтом указано количество клеточных линий, в которых он был обнаружен. Для подтверждения регуляторного статуса этих участков приведены данные ChIP-seq по гистоновой модификации H3K27Ac, показанные фиолетовыми пиками. Нижние части рисунка демонстрируют результаты количественного анализа. Покрытие было нормализовано с помощью Z-score преобразования, где значения представляют отклонение от среднего покрытия в единицах стандартного отклонения. Положительные значения указывают на покрытие выше среднего по образцу, отрицательные – ниже среднего. Слева направо представлены: средние профили покрытия для трех групп образцов (небеременные женщины – NP_mean, беременные с нормальным кариотипом плода – P_mean, беременные с трисомией 21 у плода – T21_mean); разница в покрытии между группами беременных и небеременных ($\Delta P-NP$); бинарное отображение участков, удовлетворяющих критерию: регионы длиной >100 п.н., где разница покрытия сохраняет одинаковый знак. Положительные изменения кодируются как «1», отрицательные – как «-1».