

## ПРИЛОЖЕНИЕ.

**Таблица П1.** Данные АТА. ActD – обработка актиномицином D; NPM – обработка протеиназой K; 1% FA – обработка сшивающим агентом формальдегидом в концентрации 1%; 2% FA – обработка сшивающим агентом формальдегидом в концентрации 2%

<b>Данные АТА (экспериментальный метод, клеточная линия, организм)</b>	<b>Номера реплик</b>	<b>Количество контактов</b>
GRID, MM.1S, <i>Homo sapiens</i>	GSM2188868, GSM2188869	37 817 797
Red-C, K562, <i>H. sapiens</i>	GSM4041591, GSM4041595	41 777 653
RADICL, OPC, <i>Mus musculus</i>	GSM3852782-GSM3852783, GSM3852784-GSM3852785	27 898 478
RADICL, ES (ActD), <i>M. musculus</i>	GSM3852772-GSM3852773, GSM3852774-GSM3852775	13 586 144
RADICL, OPC (NPM), <i>M. musculus</i>	GSM3852788-GSM3852789, GSM3852790-GSM3852791	42 648 037
RADICL, ES (1% FA), <i>M. musculus</i>	GSM3852760-GSM3852761, GSM3852762-GSM3852763	28 609 319
RADICL, ES (2% FA), <i>M. musculus</i>	GSM3852766-GSM3852767, GSM3852768-GSM3852769	28 849 211
RADICL, ES (NPM), <i>M. musculus</i>	GSM3852776-GSM3852777, GSM3852778-GSM3852779	10 444 053
GRID, ES, <i>M. musculus</i>	GSM2396700, GSM2396701	59 958 702
GRID, MDA_MB_231, <i>H. sapiens</i>	GSM2188866, GSM2188867	63 227 196

**Таблица П2.** Данные RNA-seq с деплецией рибосомальной РНК

<b>Клеточная линия, организм</b>	<b>Номера реплик</b>
MDA-MB-231, <i>H. sapiens</i>	GSM7143069-GSM7143071
MM.1S, <i>H. sapiens</i>	GSM5788444 (SRR17510863, SRR17510864), GSM5788446 (SRR17510859, SRR17510860)
H1 ES, <i>H. sapiens</i>	GSM3630264, GSM3630265
K562, <i>H. sapiens</i>	GSM4744788, GSM4744789, GSM4744790
OPC, <i>M. musculus</i>	GSM3034716, GSM3034717, GSM3034718
ES, <i>M. musculus</i>	GSM4775002, GSM4775004

**Таблица ПЗ.** Число РНК, оставшихся при применении фильтра на хроматиновый потенциал (chP)

Эксперимент	chP > 0		chP > 20		chP > 50	
	мРНК	нкРНК	мРНК	нкРНК	мРНК	нкРНК
Red-C, K562, <i>H. sapiens</i>	1256	486	769	438	362	328
GRID, MM.1S, <i>H. sapiens</i>	1705	374	1002	349	338	235
GRID, MDA_MB_231, <i>H. sapiens</i>	1806	564	890	458	250	116
GRID, ES, <i>M. musculus</i>	2201	340	691	157	63	48
RADICL, OPC, <i>M. musculus</i>	1056	161	564	147	129	40
RADICL, ES (ActD), <i>M. musculus</i>	219	54	56	39	2	13
RADICL, OPC (NPM), <i>M. musculus</i>	1658	219	861	201	195	41
RADICL, ES (1% FA), <i>M. musculus</i>	891	80	285	57	30	13
RADICL, ES (2% FA), <i>M. musculus</i>	1150	121	361	65	38	15
RADICL, ES (NPM), <i>M. musculus</i>	263	89	105	82	4	35

Примечание. ActD – обработка актиномицином D; NPM – обработка протеиназой K; 1% FA – обработка сшивающим агентом формальдегидом в концентрации 1%; 2% FA – обработка сшивающим агентом формальдегидом в концентрации 2%

**Таблица П4.** Медианный процент конкордантных контактов мРНК и нкРНК в различных экспериментах АТА

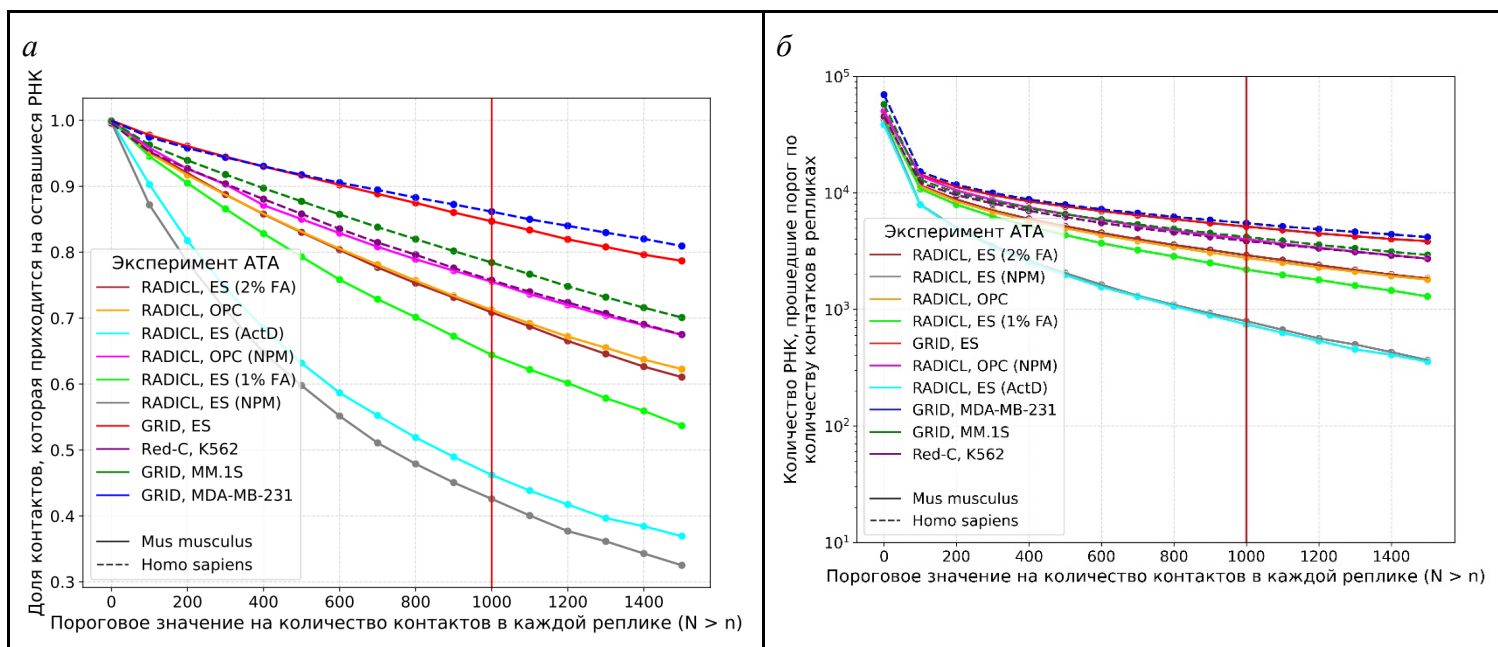
Эксперимент	мРНК все	мРНК (chP > 20)	мРНК (chP > 50)	нкРНК все	нкРНК (chP > 20)	нкРНК (chP > 50)
	1	2	3	4	5	6
GRID, ES, <i>M. musculus</i>	15,7	22,2	34,6	14,2	14,9	9,8
GRID, MM.1S, <i>H. sapiens</i>	10,4	11,9	14,3	10,1	10,3	10,6
GRID, MDA_MB_231, <i>H. sapiens</i>	28,5	32,4	38,6	28,6	28,9	31,6
Red-C, K562, <i>H. sapiens</i>	1,1	1,8	2,5	1,3	1,4	1,6
RADICL, OPC, <i>M. musculus</i>	1,8	4,0	8,6	1,7	1,8	6,7
RADICL (ActD), ES, <i>M. musculus</i>	1,1	3,1	0,0	1,4	2,5	11,4
RADICL (NPM), OPC, <i>M. musculus</i>	1,0	1,5	2,8	1,0	1,0	2,0
RADICL (1% FA), ES, <i>M. musculus</i>	1,2	3,4	11,3	1,1	2,9	7,0
RADICL (2% FA), ES, <i>M. musculus</i>	1,6	4,3	13,5	1,6	2,4	9,0
RADICL (NPM), ES, <i>M. musculus</i>	0,5	1,1	3,5	0,6	1,1	6,8

Примечание. Размер бина – 5000 п.н.; фильтр на РД-скейлинг – 1 Мб); ActD – обработка актиномицином D; NPM – обработка протеиназой K; 1% FA – обработка сшивающим агентом формальдегидом в концентрации 1%; 2% FA – обработка сшивающим агентом формальдегидом в концентрации 2%.

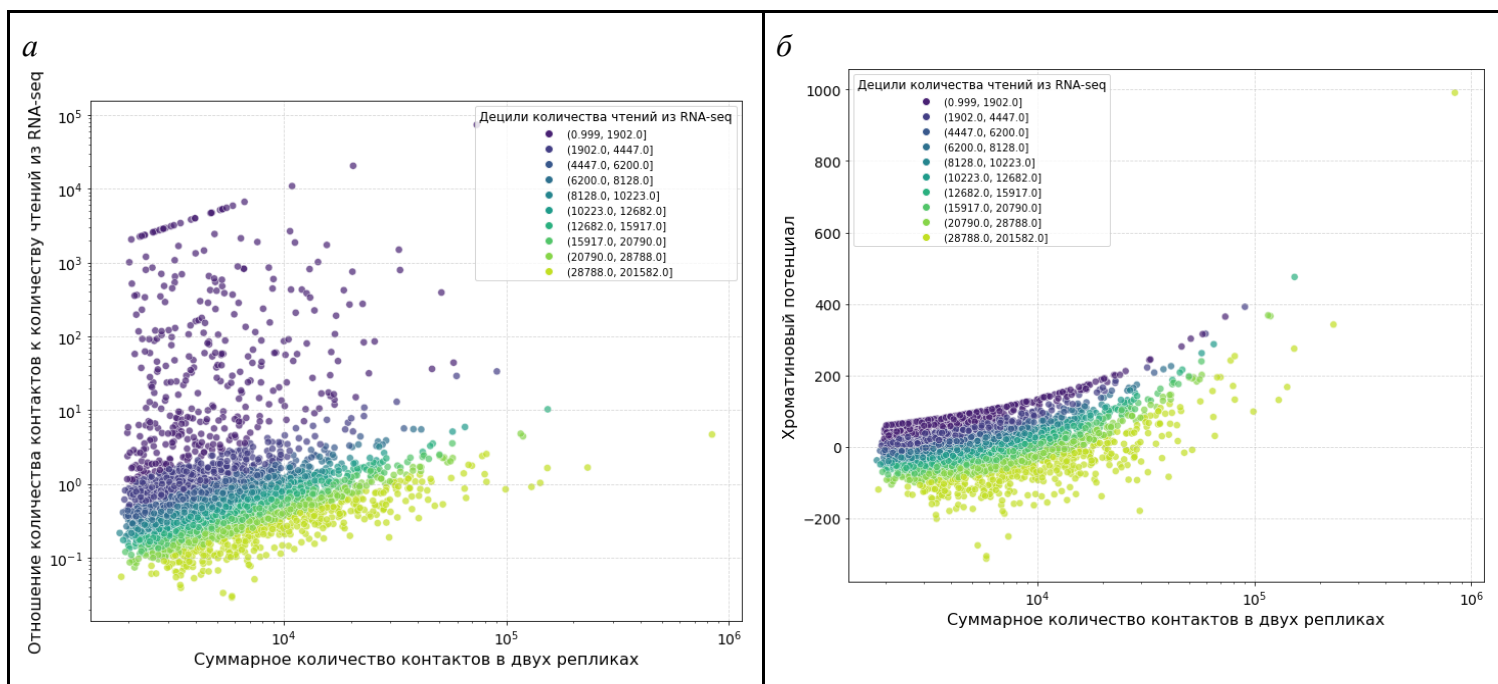
**Таблица П5.** Медианный процент конкордантных контактов мРНК и нкРНК в различных экспериментах АТА

Эксперимент	мРН К все	мРНК (chP > 20)	мРНК (chP > 50)	нкРНК все	нкРНК (chP > 20)	нкРНК (chP > 50)
	1	2	3	4	5	6
GRID, ES, <i>M. musculus</i>	58,6	57,3	65,1	56,7	45,1	20,5
GRID, MM.1S, <i>H. sapiens</i>	46,9	44,5	44,6	44,6	43,1	39,7
GRID, MDA_MB_231, <i>H. sapiens</i>	81,6	73,8	69,8	81,1	77,4	64,7
Red-C, K562, <i>H. sapiens</i>	4	7,7	9,2	4,6	5,7	6
RADICL, OPC, <i>M. musculus</i>	6	13,8	21,1	5,2	5,7	12,4
RADICL (ActD), ES, <i>M. musculus</i>	4,2	10,2	10,3	5	7,6	19,6
RADICL (NPM), OPC, <i>M. musculus</i>	3,1	5,5	8,2	3,1	3,4	6,5
RADICL (1% FA), ES, <i>M. musculus</i>	3,8	9	22,4	3,2	5,5	10,2
RADICL (2% FA), ES, <i>M. musculus</i>	5,6	14,6	29,5	4	4,9	12,5
RADICL (NPM), ES, <i>M. musculus</i>	2,5	3,5	7,4	2,6	3,5	10,8

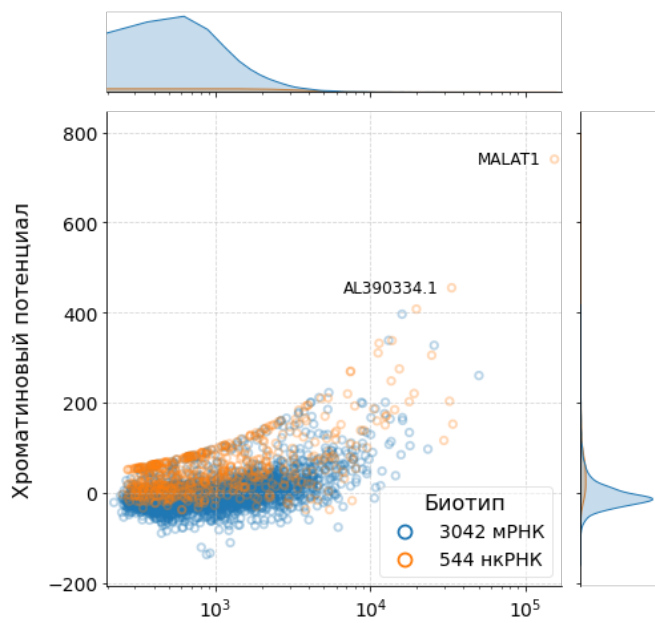
Примечание. Размер бина – 5000 п.н.; фильтр на РД-скейлинг – 1 Мб. Контакты из пиков. ActD – обработка актиномицином D; NPM – обработка протеиназой K; 1% FA – обработка сшивающим агентом формальдегидом в концентрации 1%; 2% FA – обработка сшивающим агентом формальдегидом в концентрации 2%.



**Рис. П1.** Доля контактов (а) и количество РНК (б) в зависимости от порога на количество контактов в каждой реплике для разных экспериментов. ActD – обработка актиномицином D; NPM – обработка протеиназой K; 1% FA – обработка сшивающим агентом формальдегидом в концентрации 1%; 2% FA – обработка сшивающим агентом формальдегидом в концентрации 2%

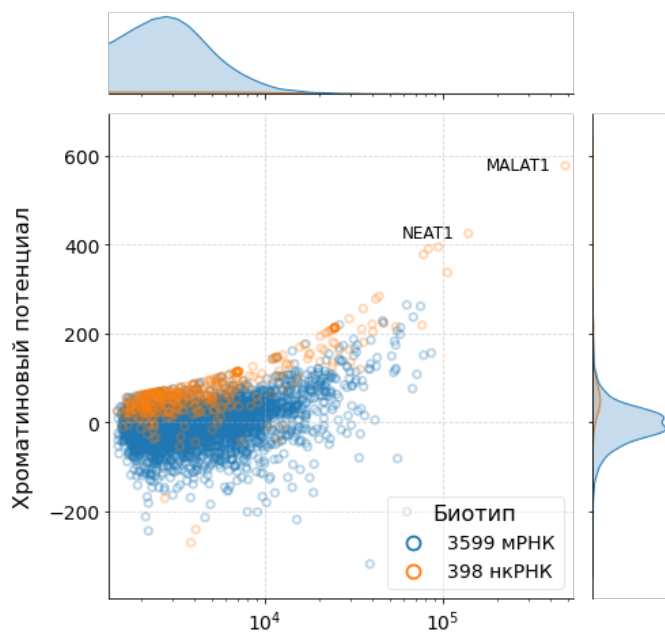


**Рис. П2.** Распределение (а) отношения числа контактов к уровню экспрессии (б) хроматинового потенциала в зависимости от количества контактов. Представлены данные Red-C на клетках K562



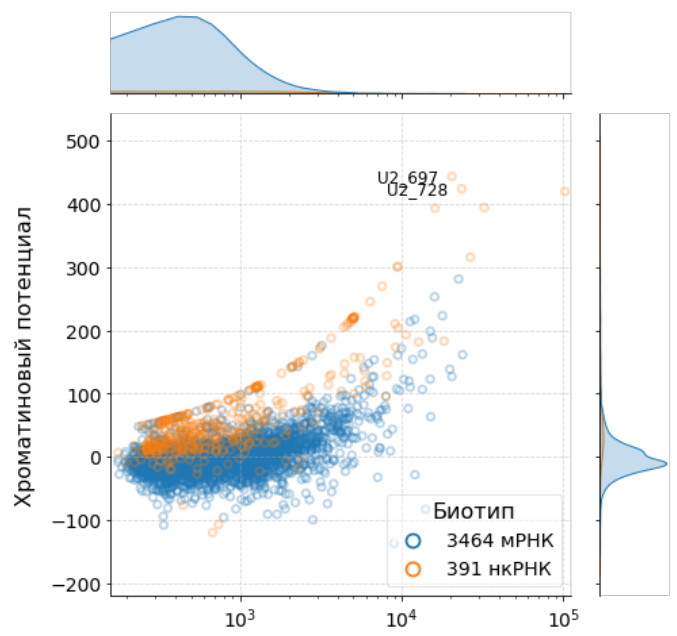
Суммарное количество контактов в двух репликах

а. Red-C, K562, *H. sapiens*, контакты в пиках



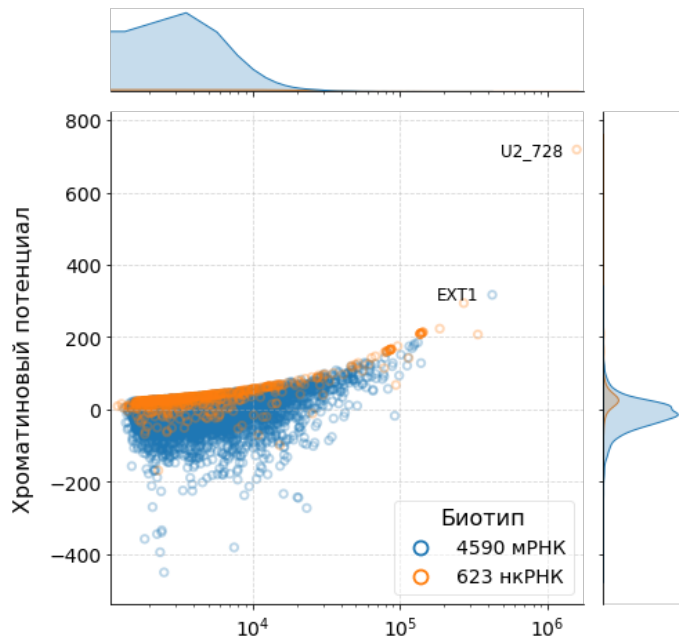
Суммарное количество контактов в двух репликах

б. GRID, MM.1S, *H. sapiens*, все контакты

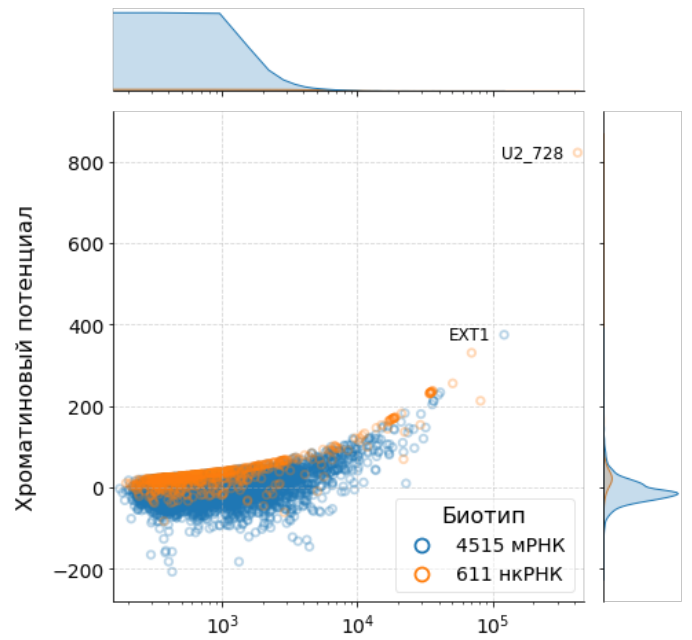


Суммарное количество контактов в двух репликах

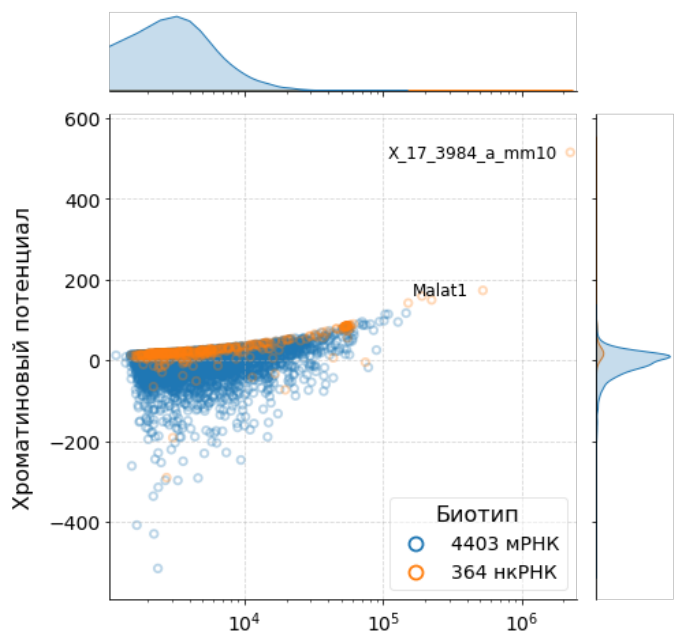
в. GRID, MM.1S, *H. sapiens*, контакты в пиках



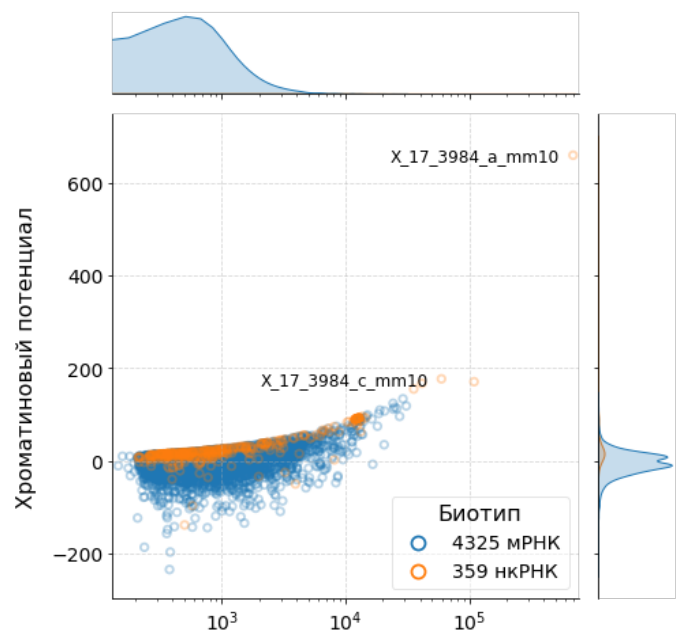
г. GRID, MDA\_MB\_231, *H. sapiens*, все контакты



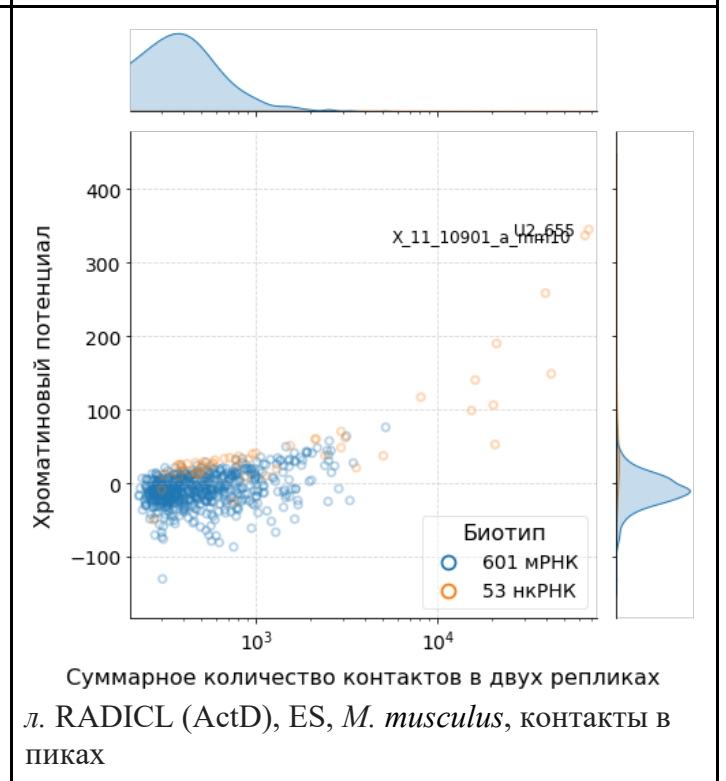
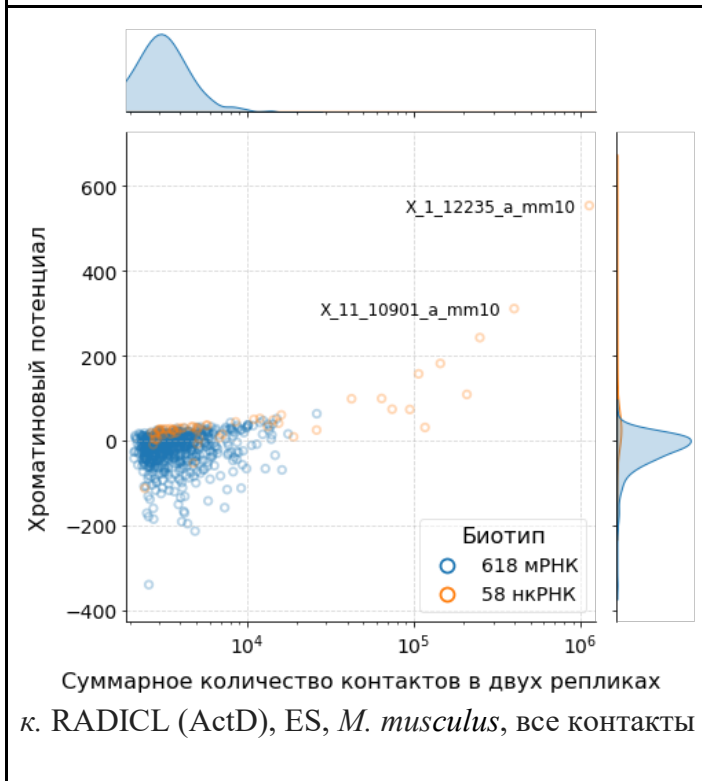
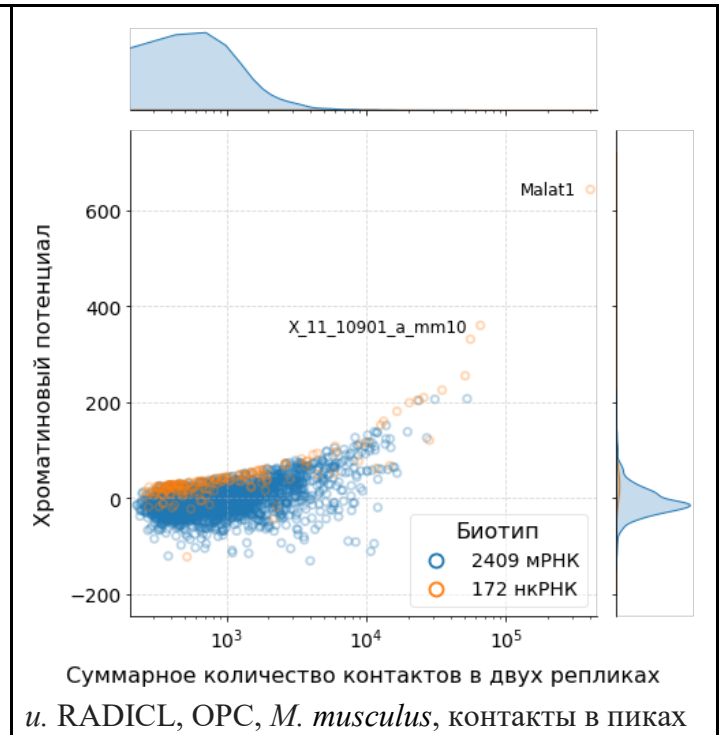
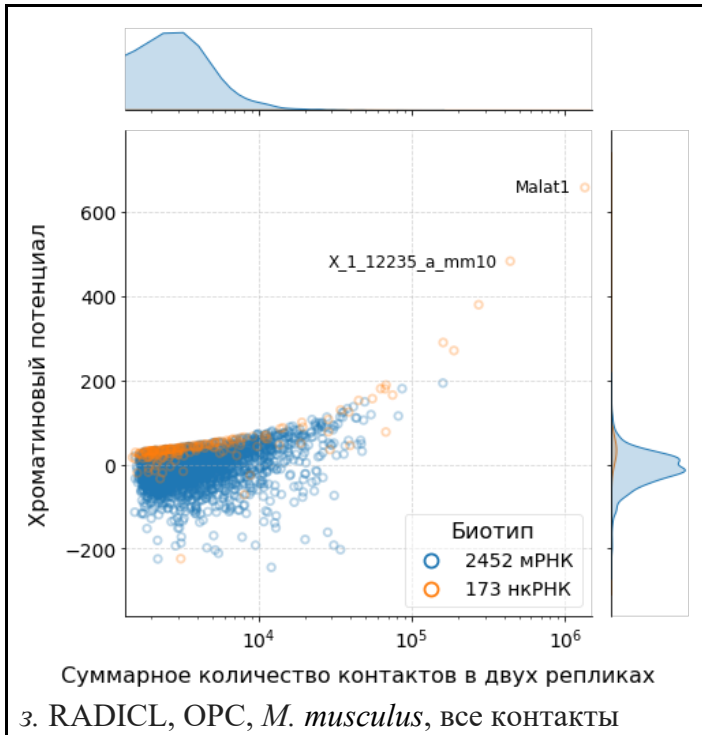
д. GRID, MDA\_MB\_231, *H. sapiens*, контакты в пиках

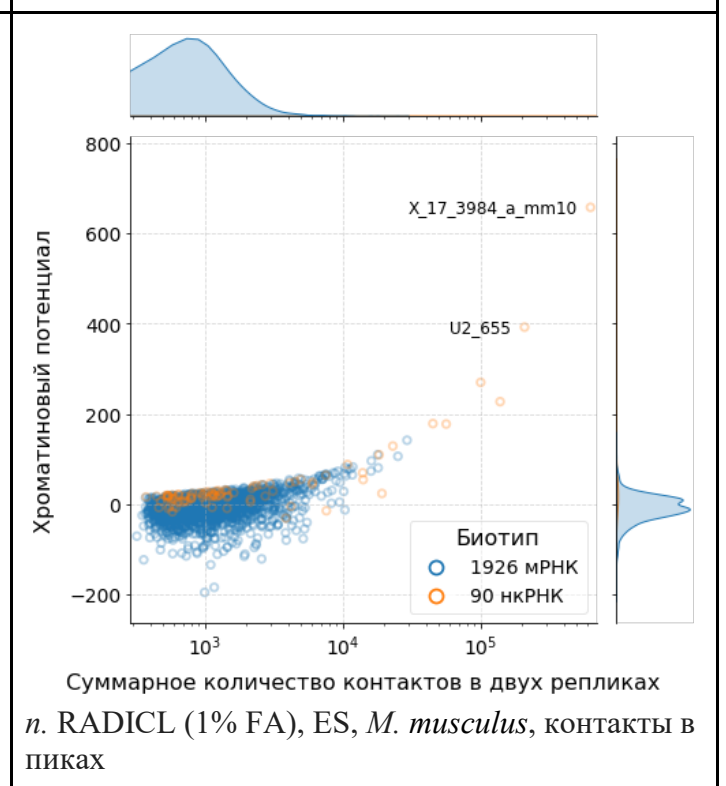
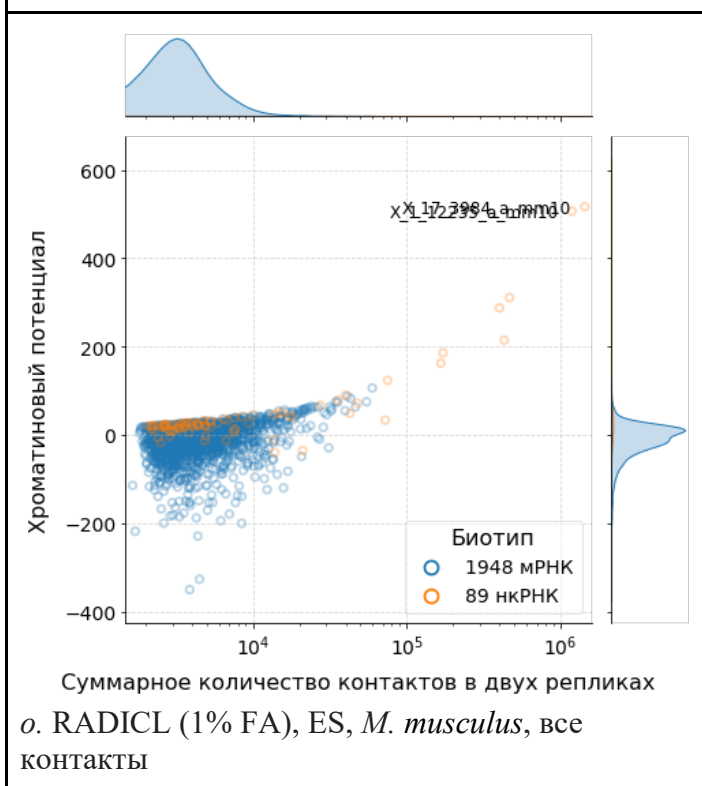
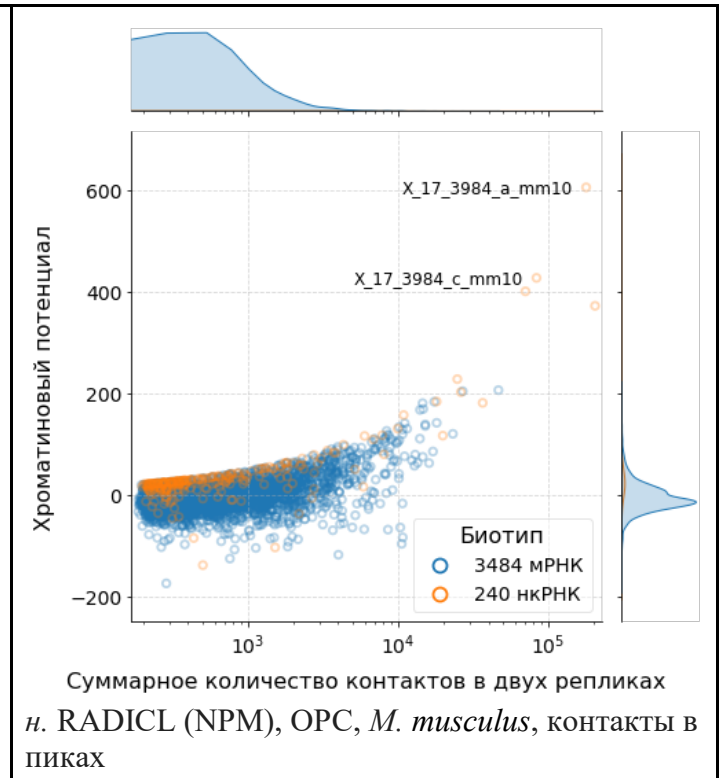
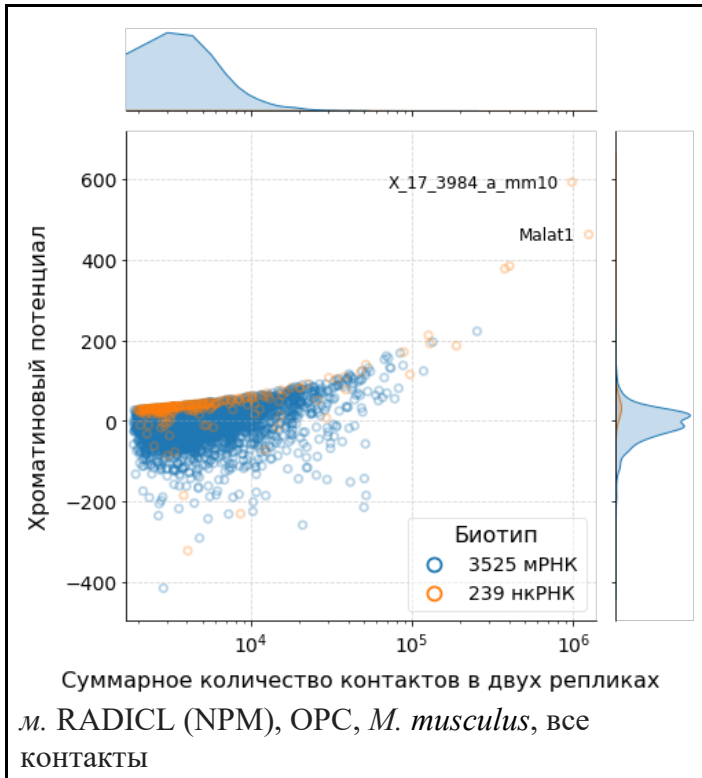


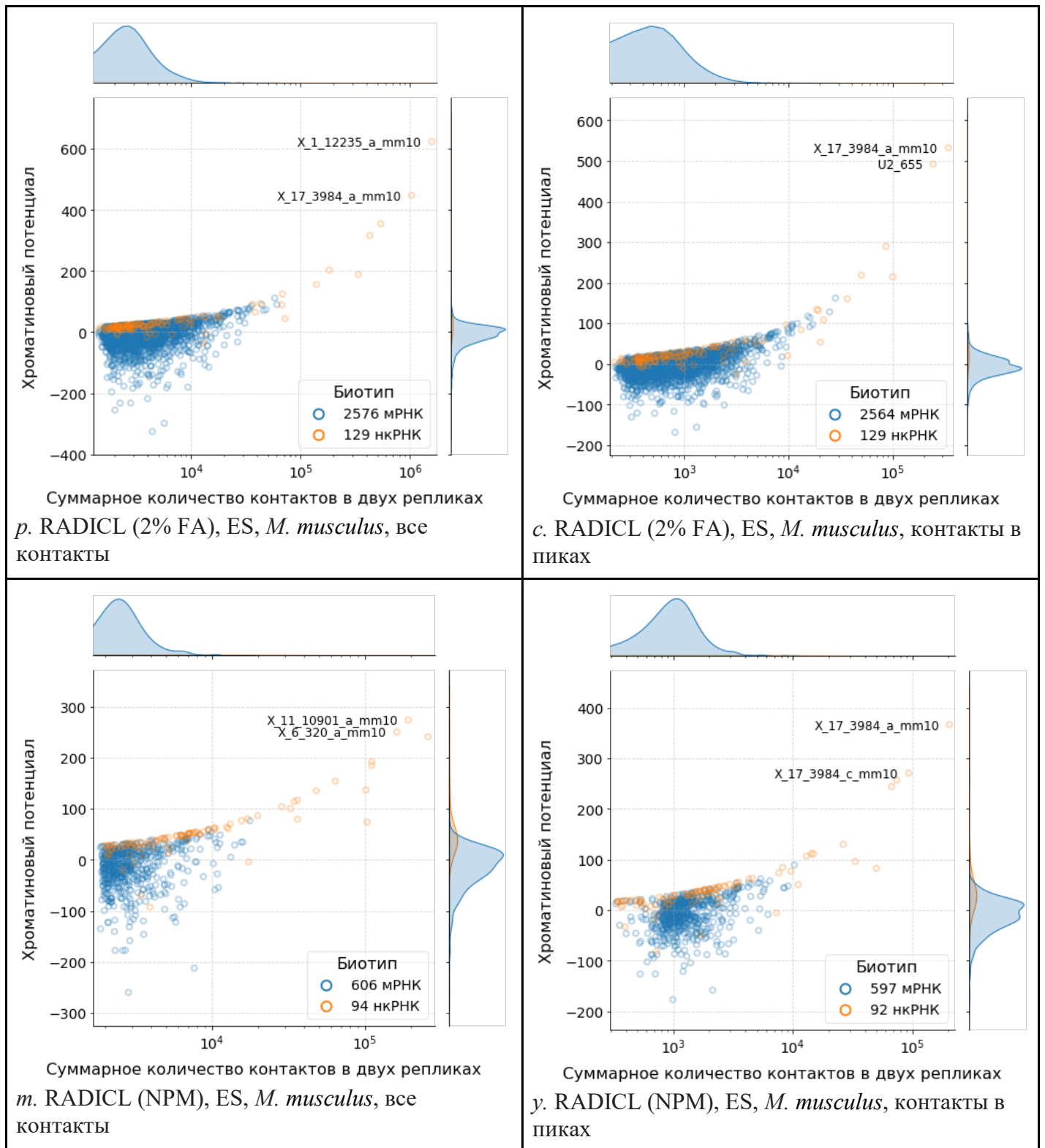
е. GRID, ES, *M. musculus*, все контакты



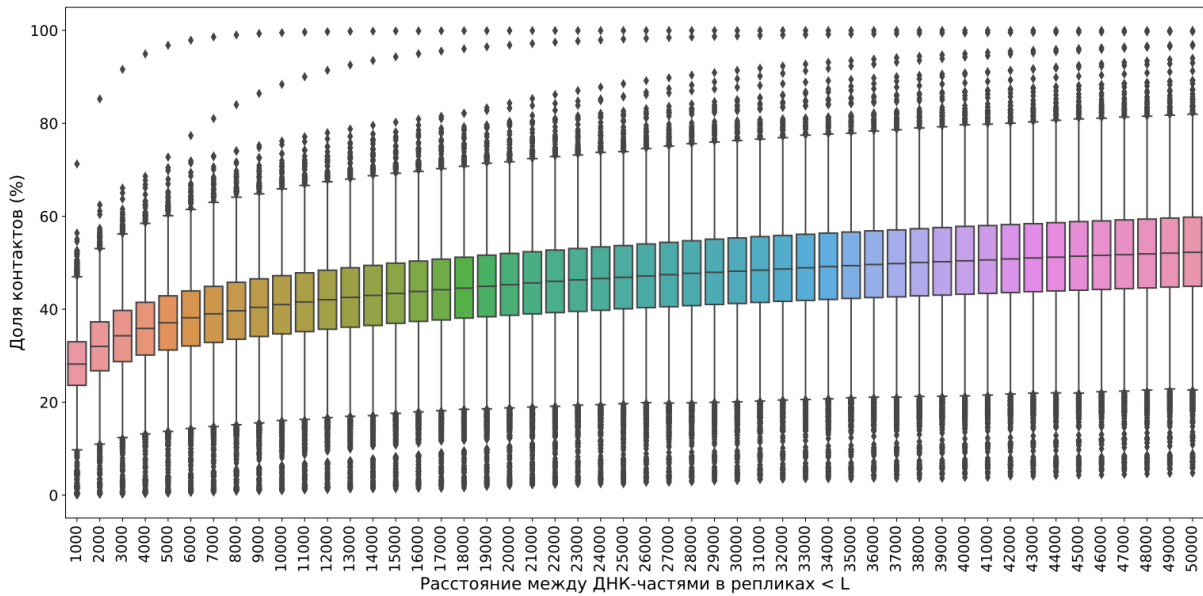
ж. GRID, ES, *M. musculus*, контакты в пиках



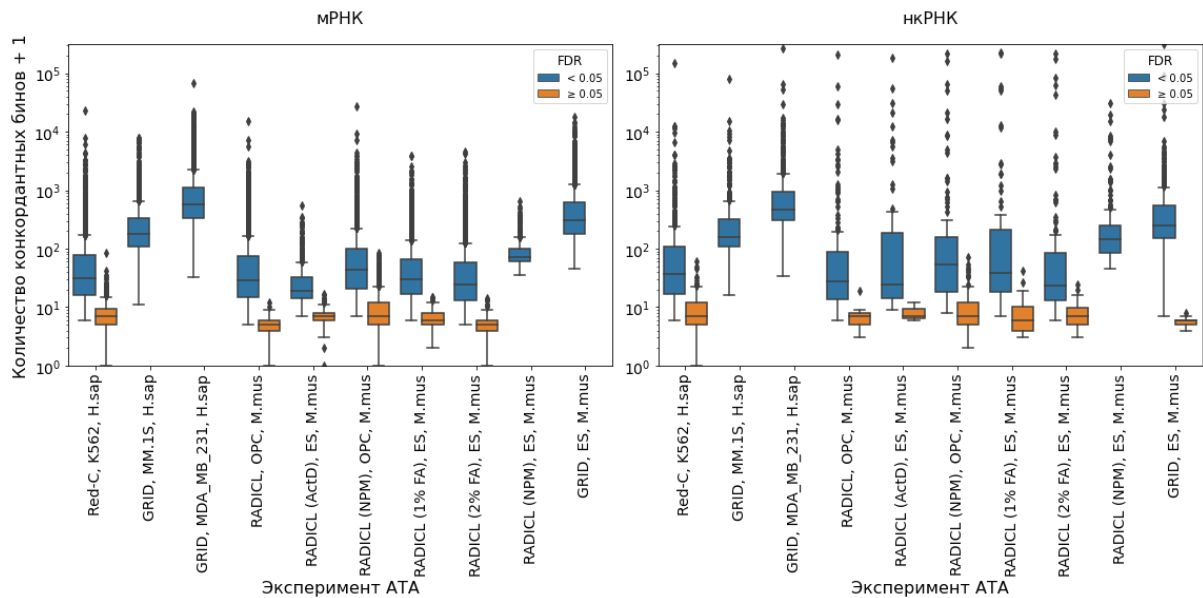




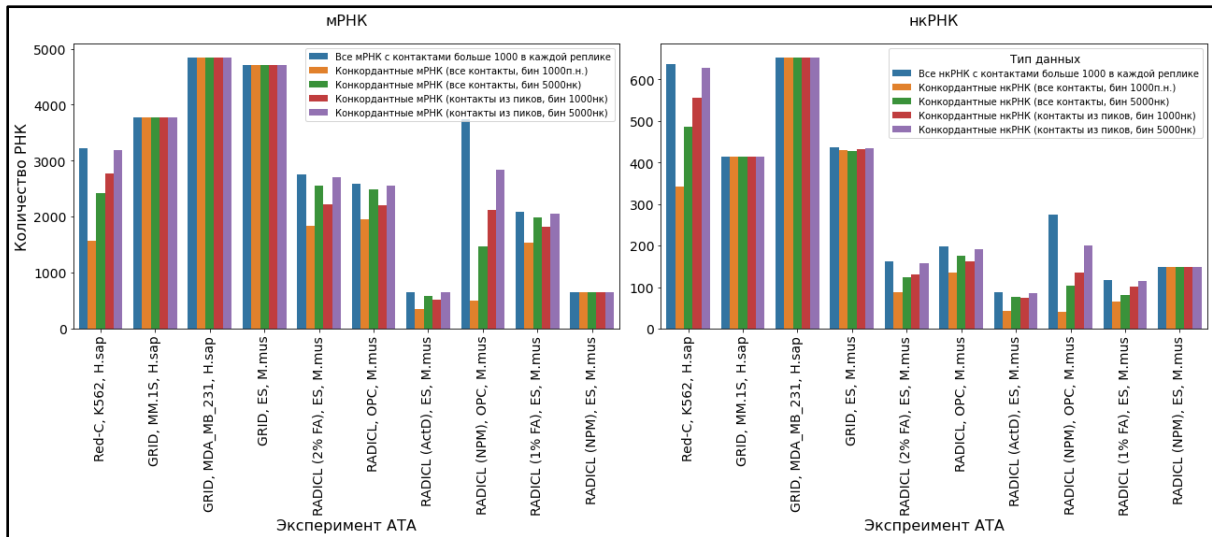
**Рис. ПЗ.** Зависимость хроматинового потенциала от числа контактов для всех контактов и для контактов из пиков BaRDIC



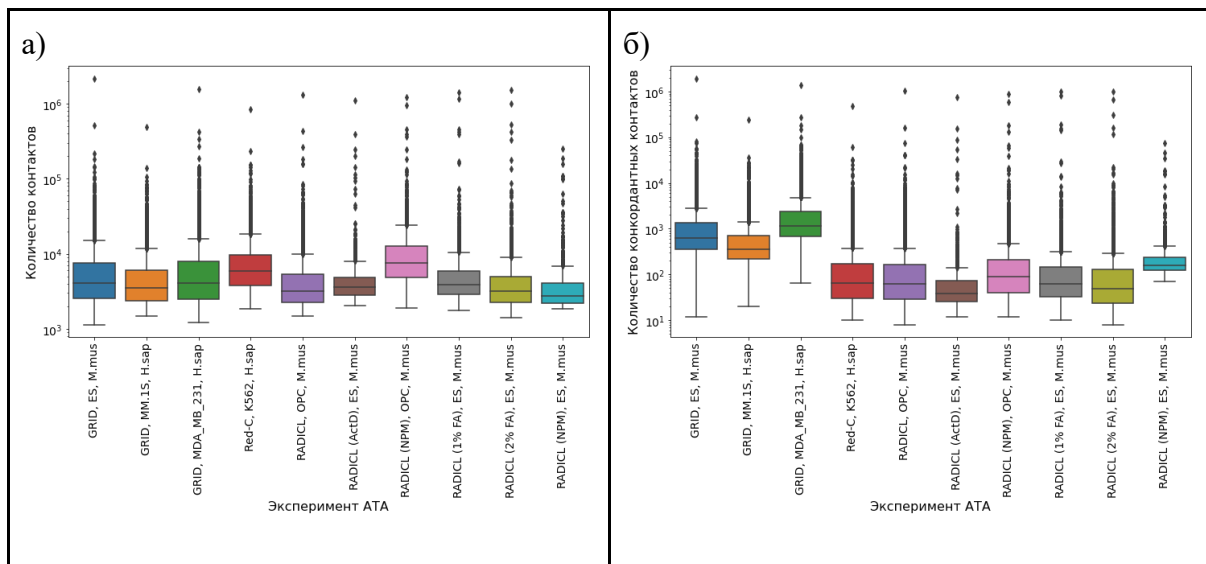
**Рис. П4.** Доли контактов отобранных РНК (больше 1000 контактов с хроматином в каждой реплике) в данных «GRID, ES, *Mus musculus*» в зависимости от порога на геномное расстояние  $L$ , в пределах которого контакты, принадлежащие одной РНК, обнаружены в разных репликах



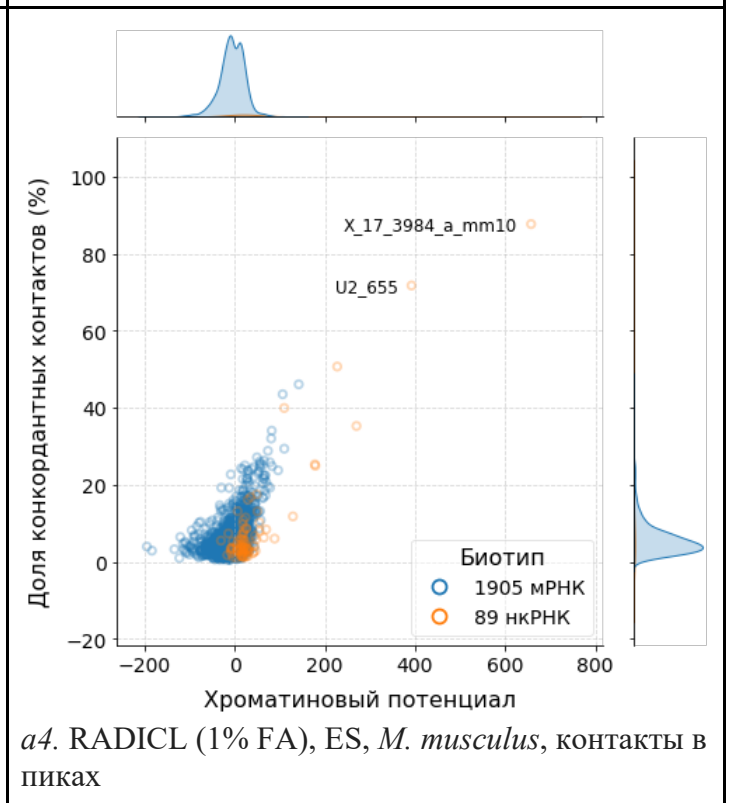
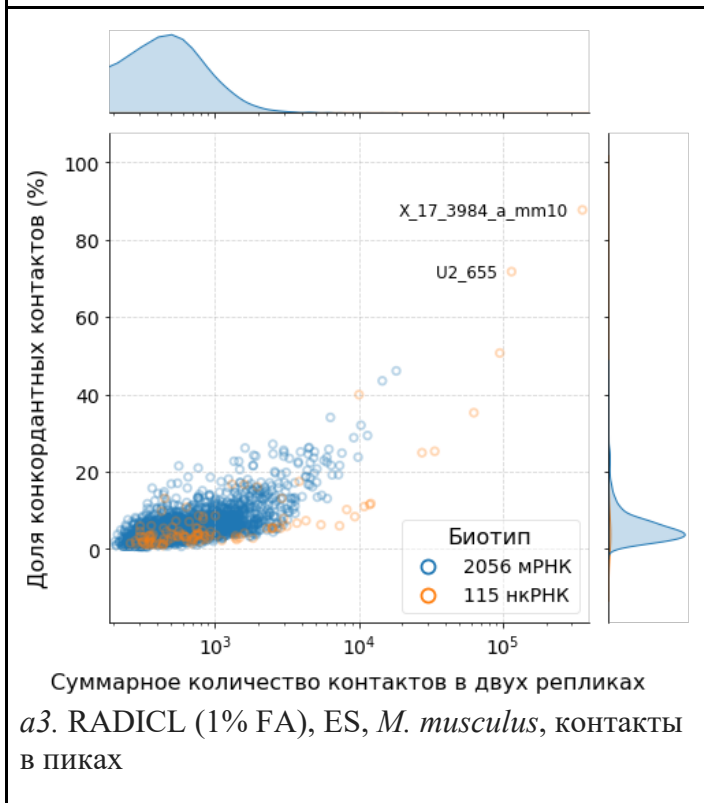
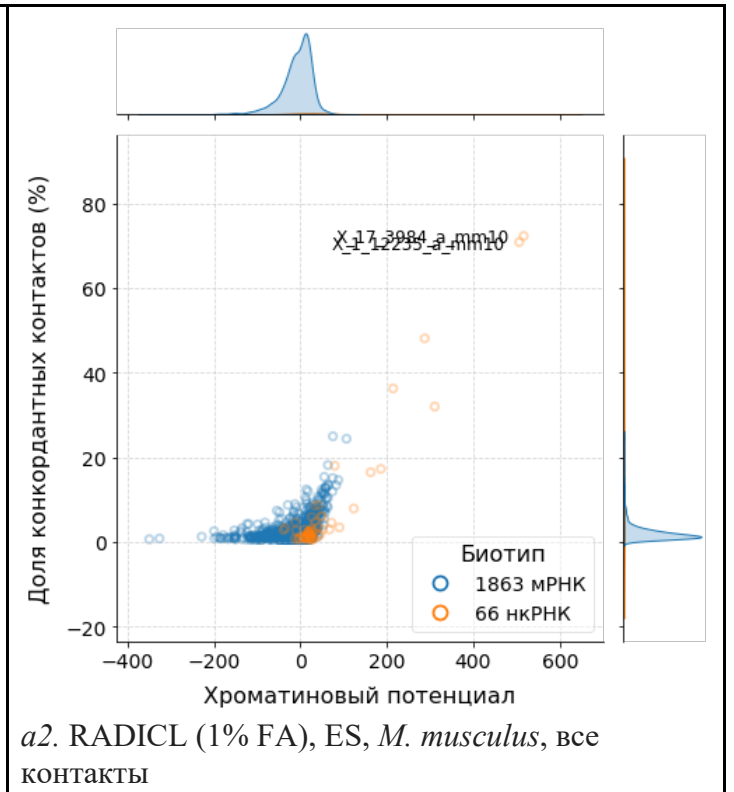
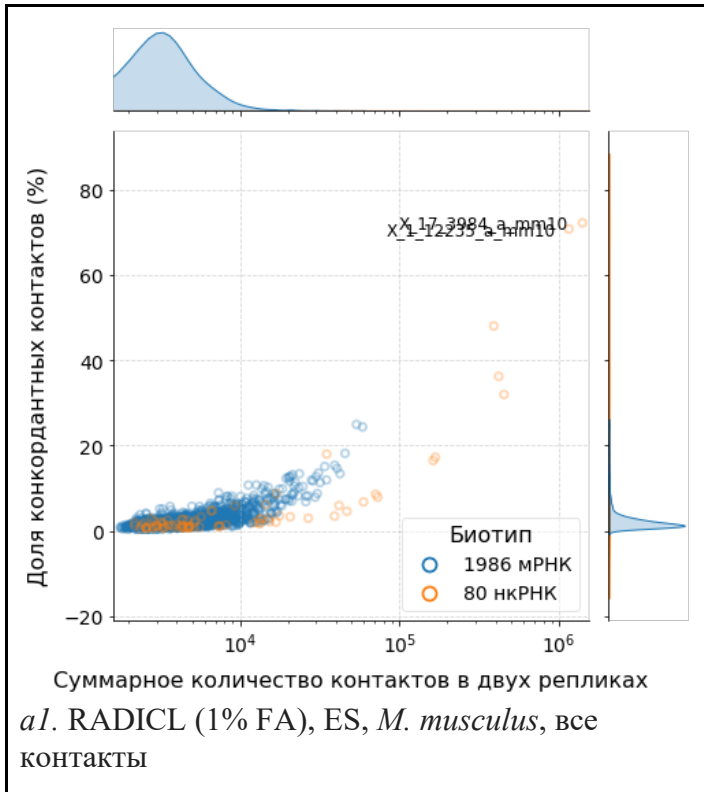
**Рис. П5.** Количество конкордантных бинов у отобранных РНК (больше 1000 контактов с хроматином в каждой реплике) в данных АТА. Размер бина – 5000 п.н., использовались все контакты, находящиеся дальше 1 Мб от генов, кодирующих соответствующие РНК. M.mus – *Mus musculus*; H.sap – *Homo sapiens*

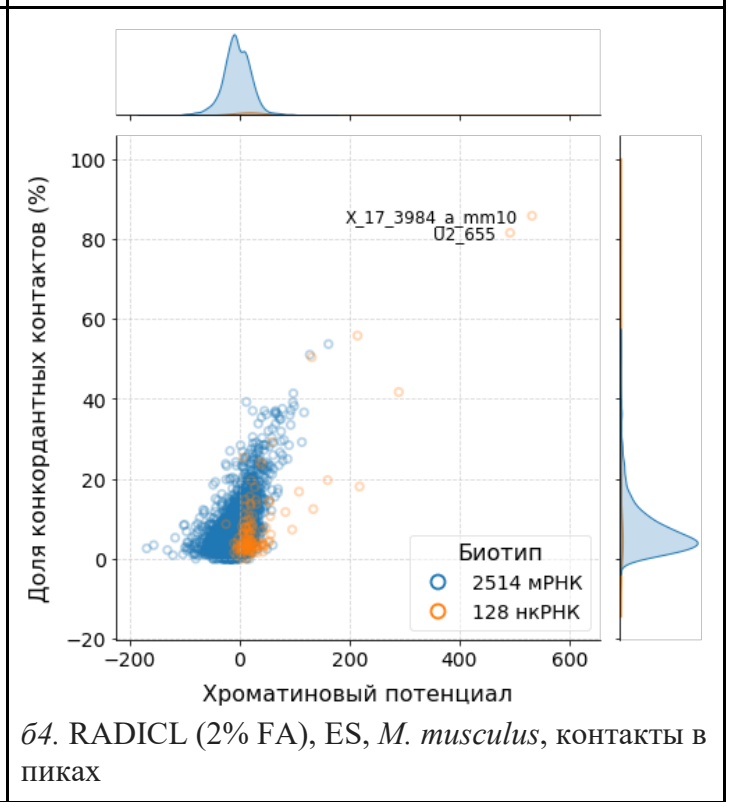
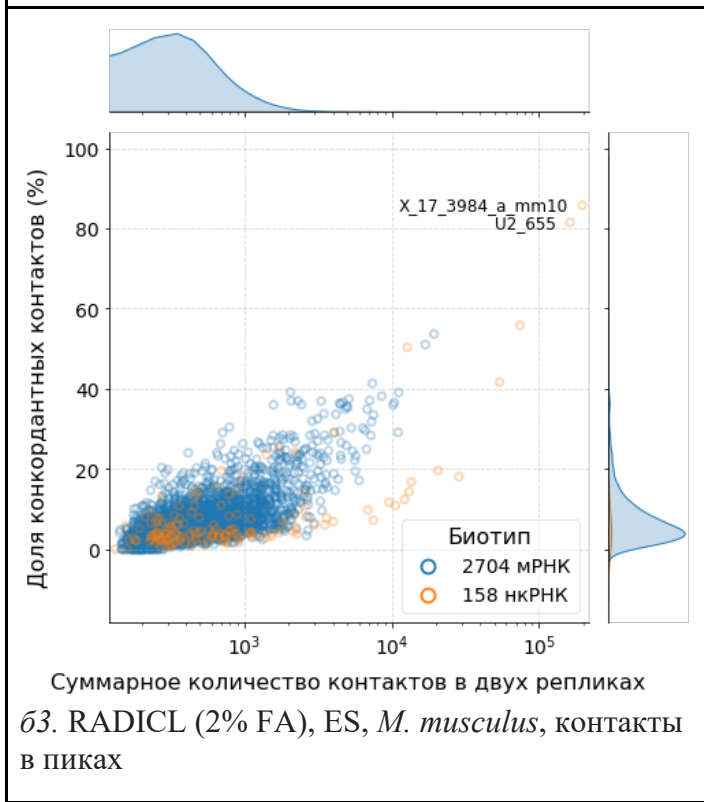
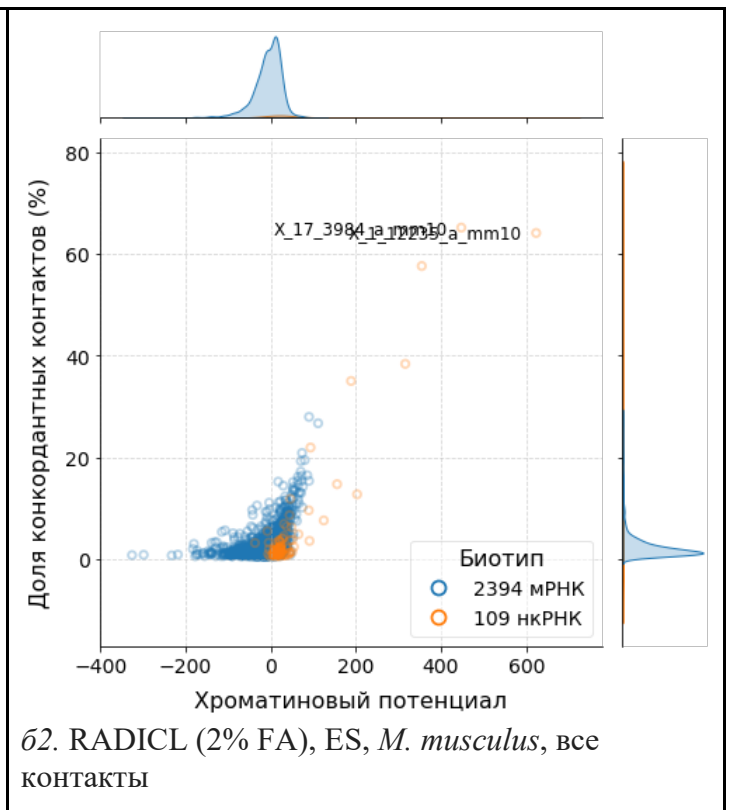
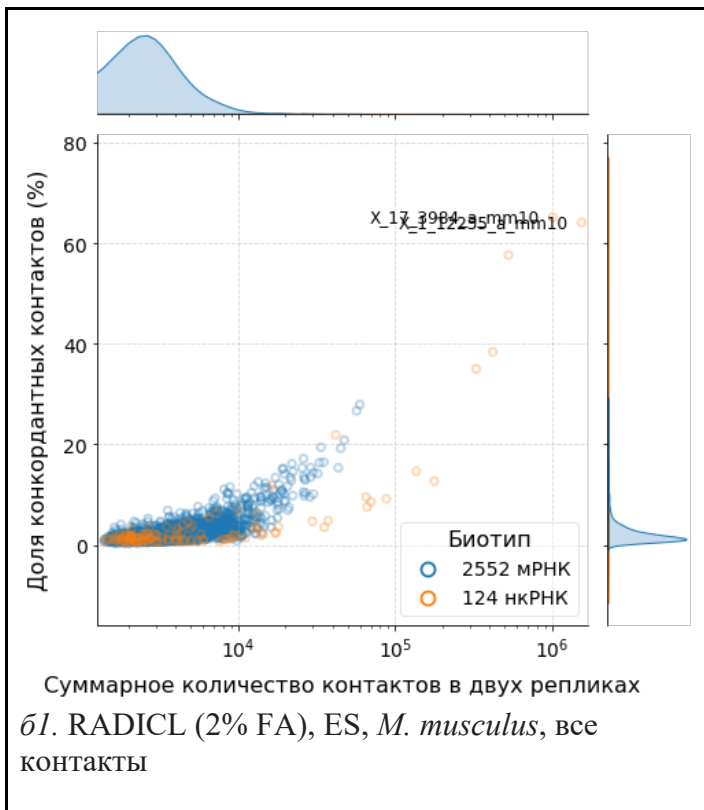


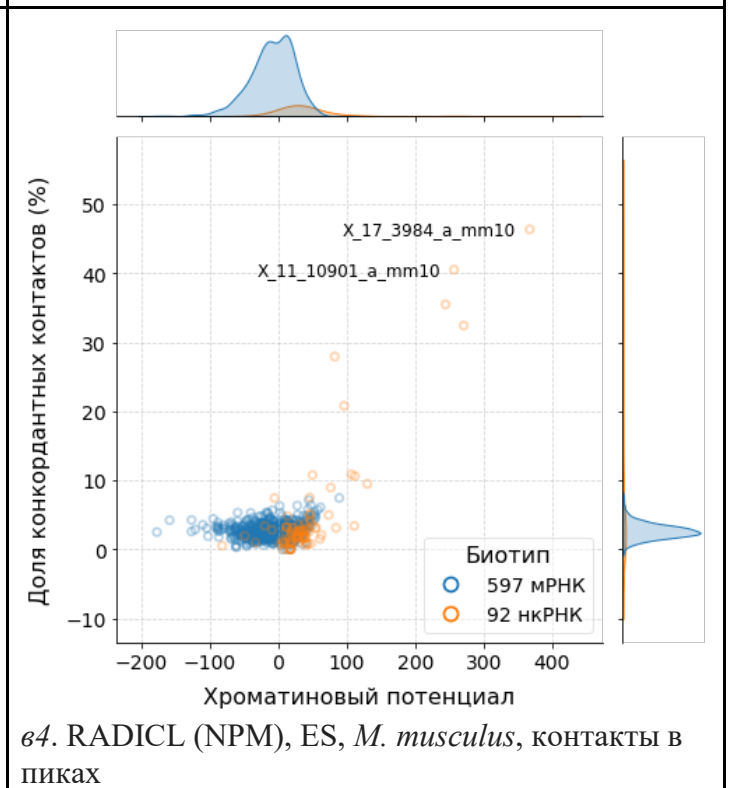
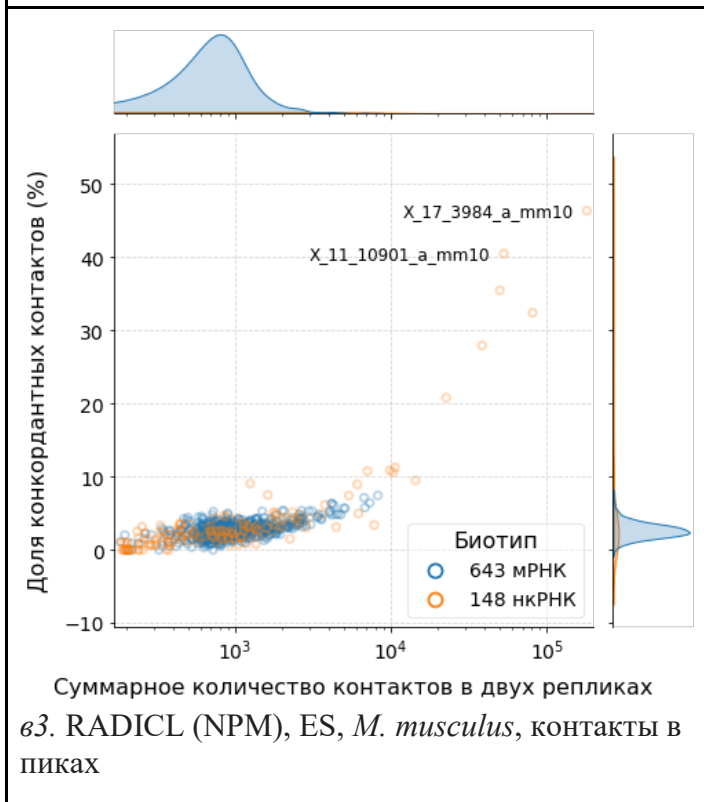
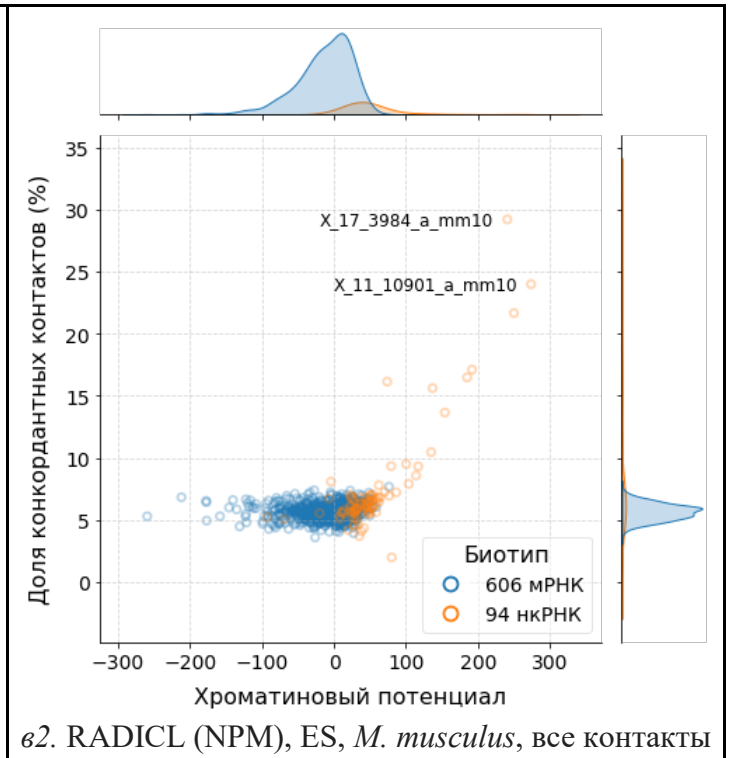
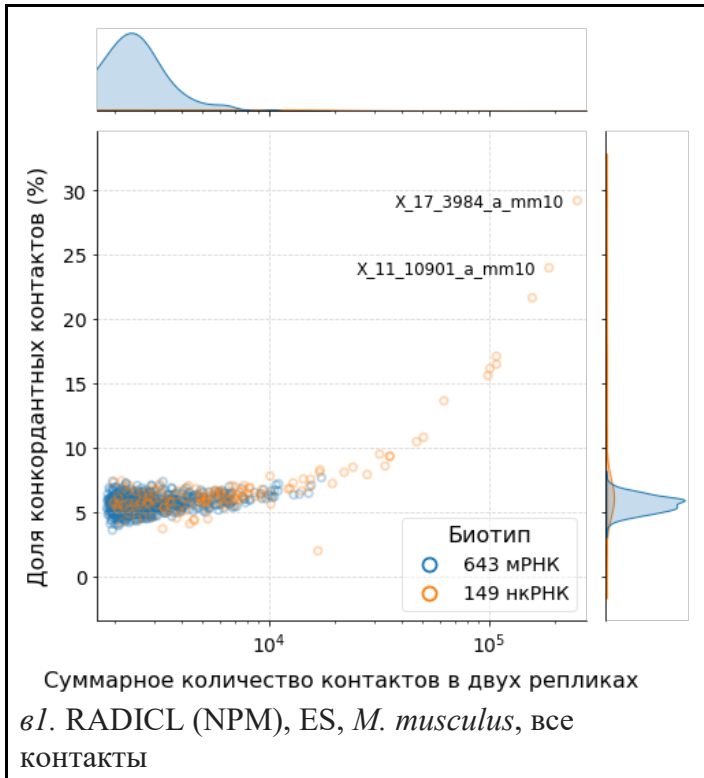
**Рис. Пб.** Количество РНК, имеющие конкордантные бины в репликах ( $FDR < 0,05$ ). В анализе участвовали РНК с числом контактов  $>1000$  в каждой реплике. При отборе контактов применялся фильтр на расстояние от гена-источника РНК равный 1 Мб. M.mus – *Mus musculus*; H.sap – *Homo sapiens*

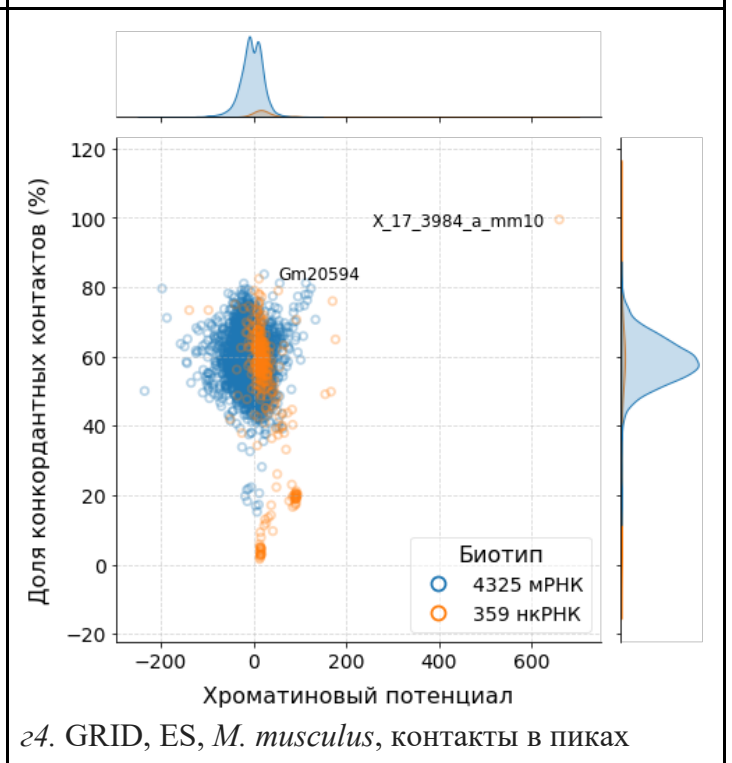
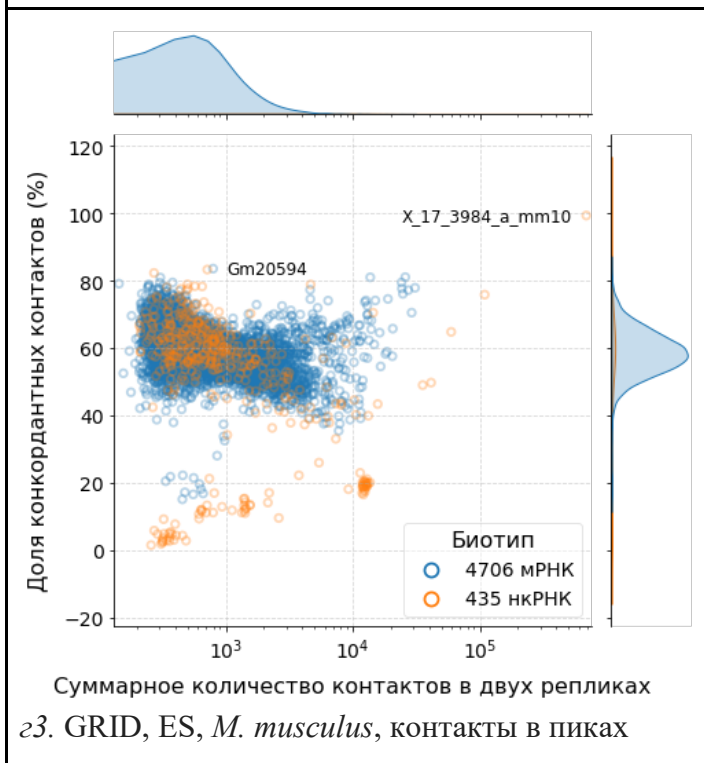
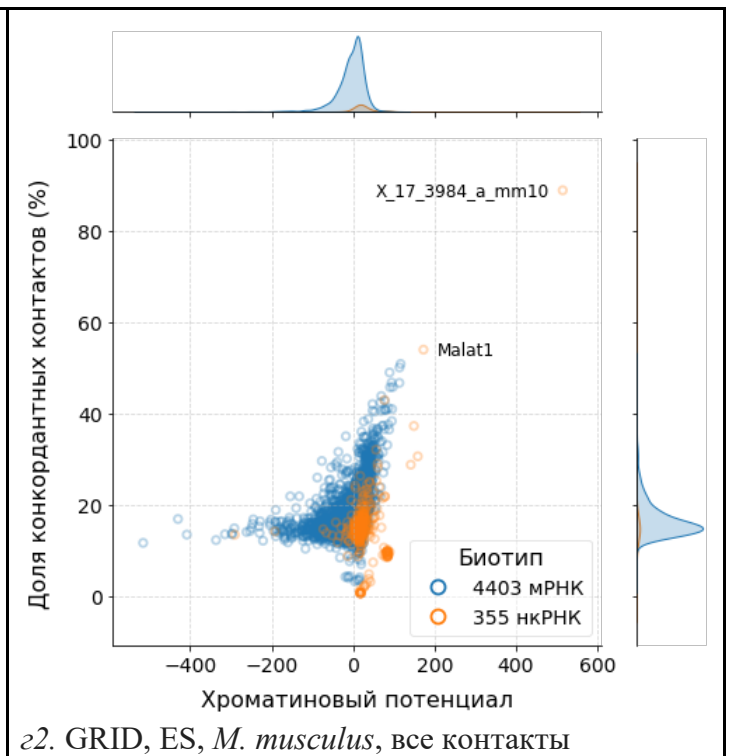
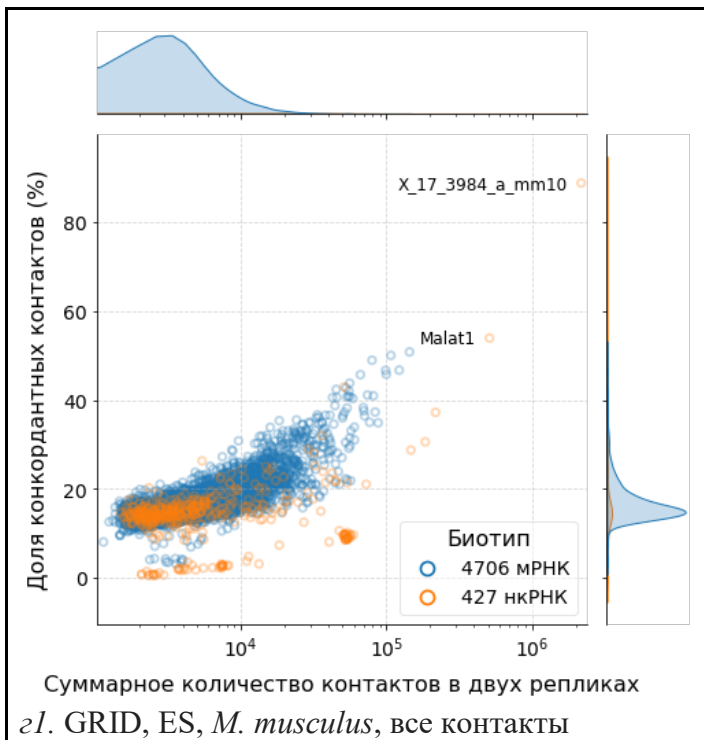


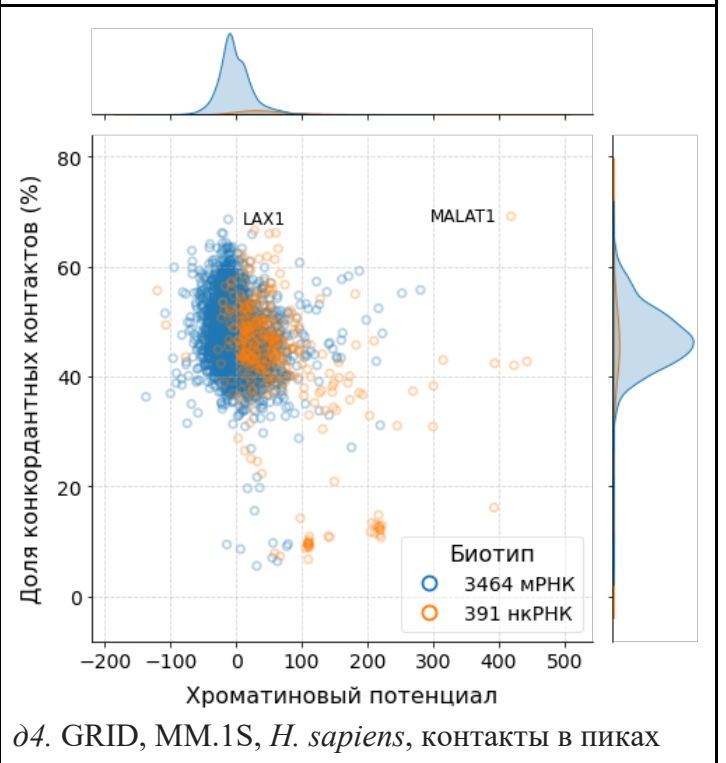
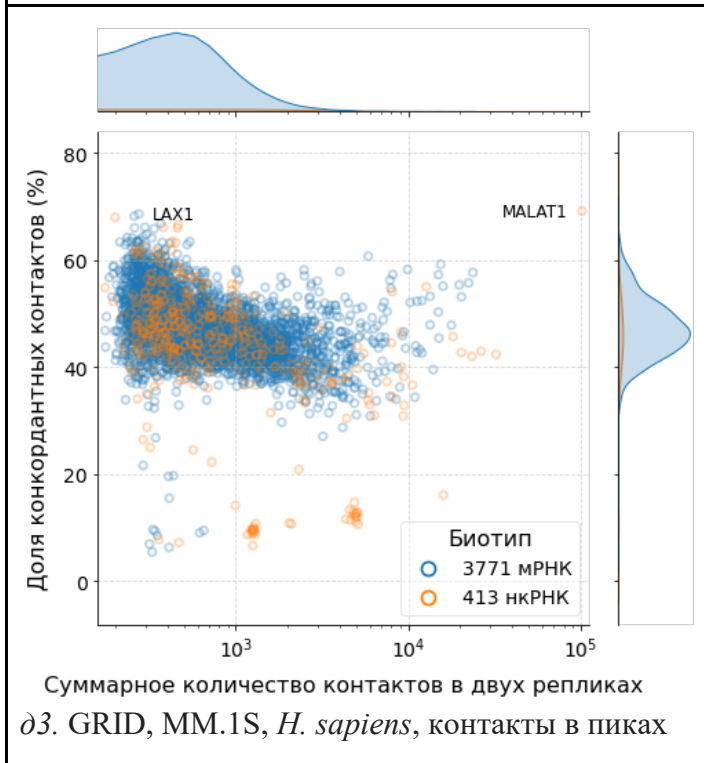
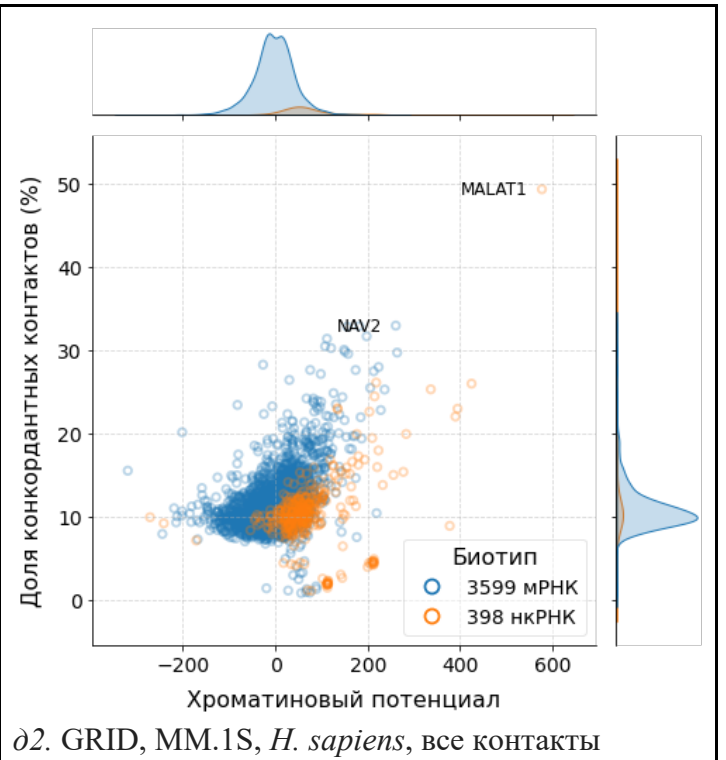
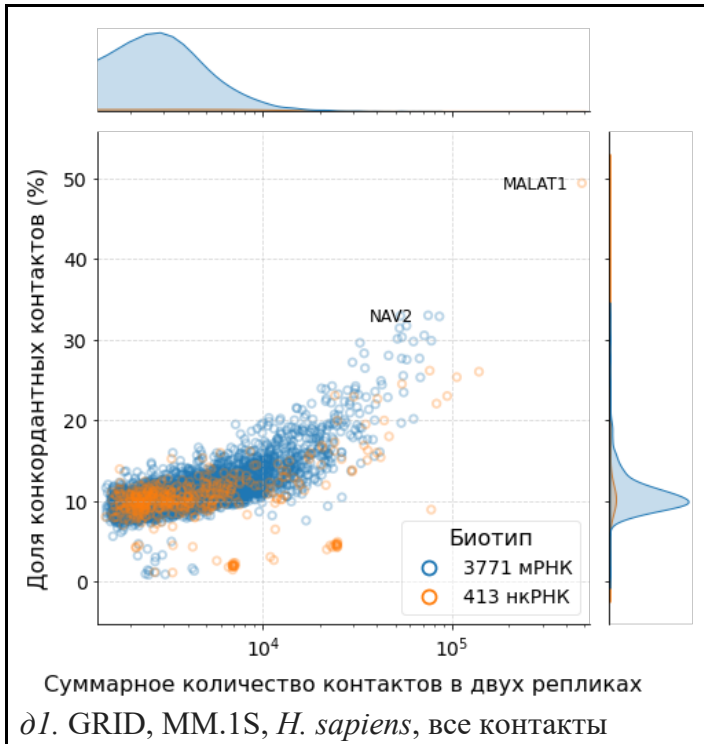
**Рис. П7.** а – Количество контактов у конкордантных РНК в данных АТА. б – Количество воспроизводимых контактов у конкордантных РНК в данных АТА. Размер бина – 5000 п.н., использовались все контакты, находящиеся дальше 1 Мб от генов, кодирующих соответствующие РНК. M.mus – *Mus musculus*; H.sap – *Homo sapiens*









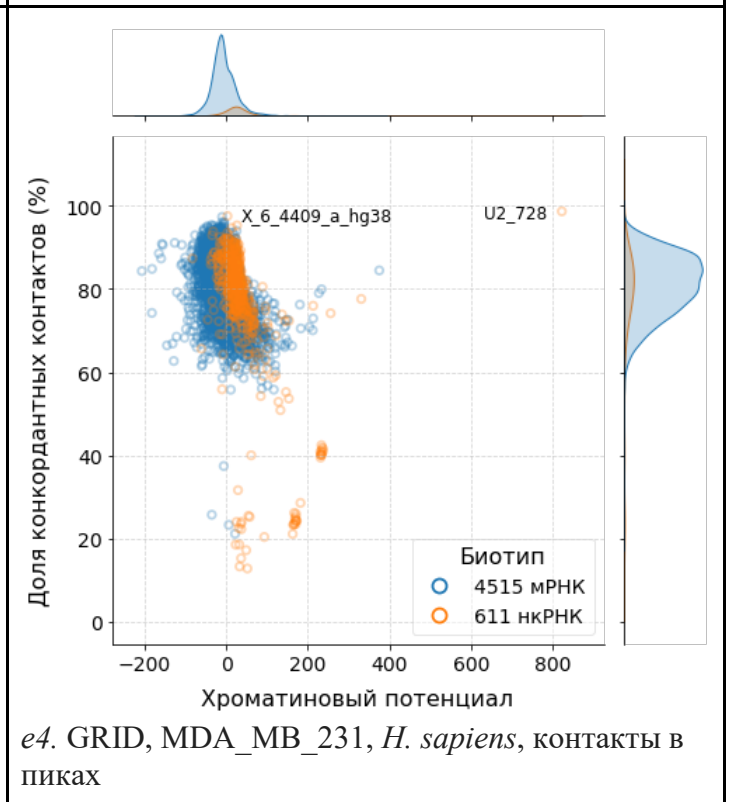
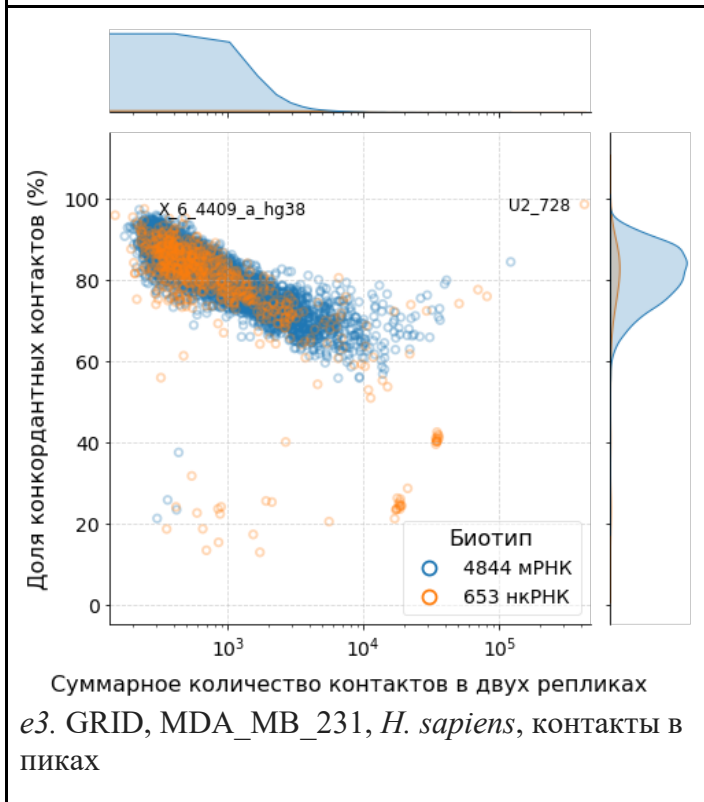
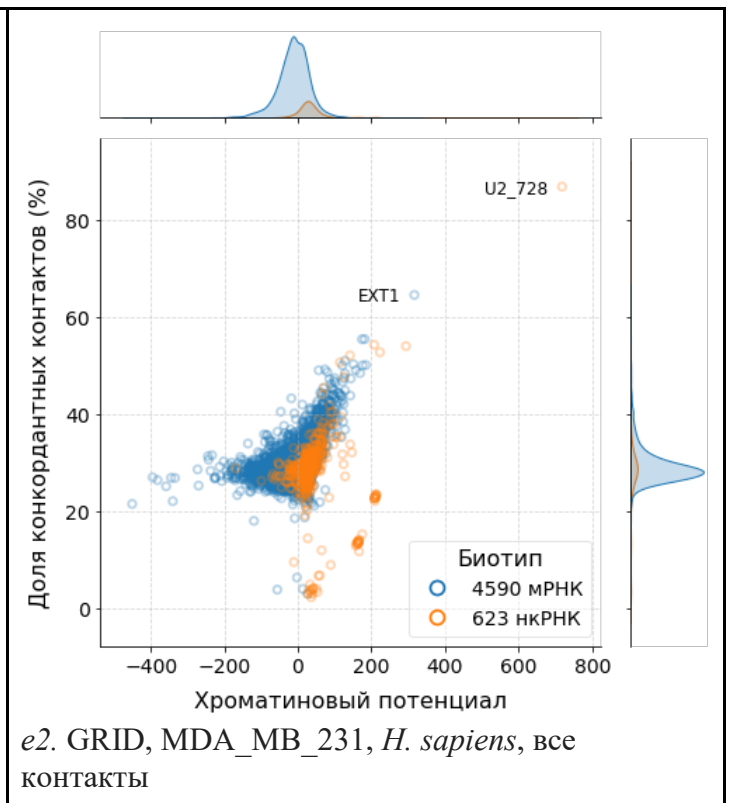
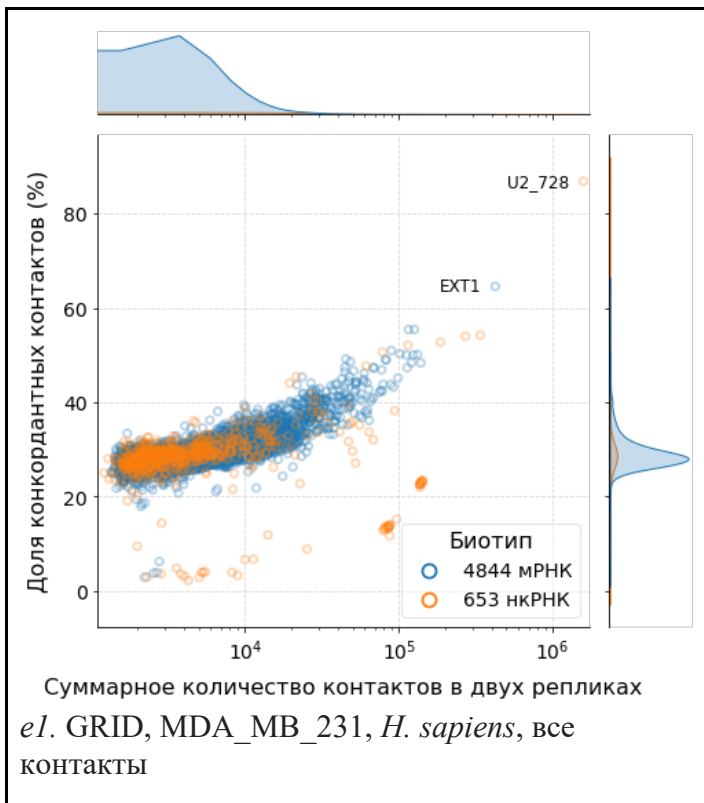


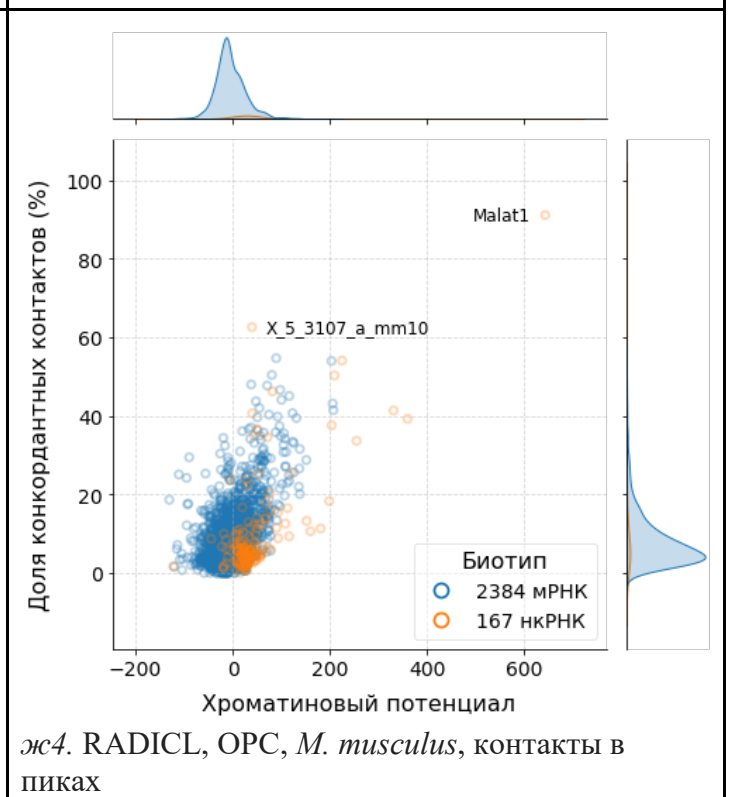
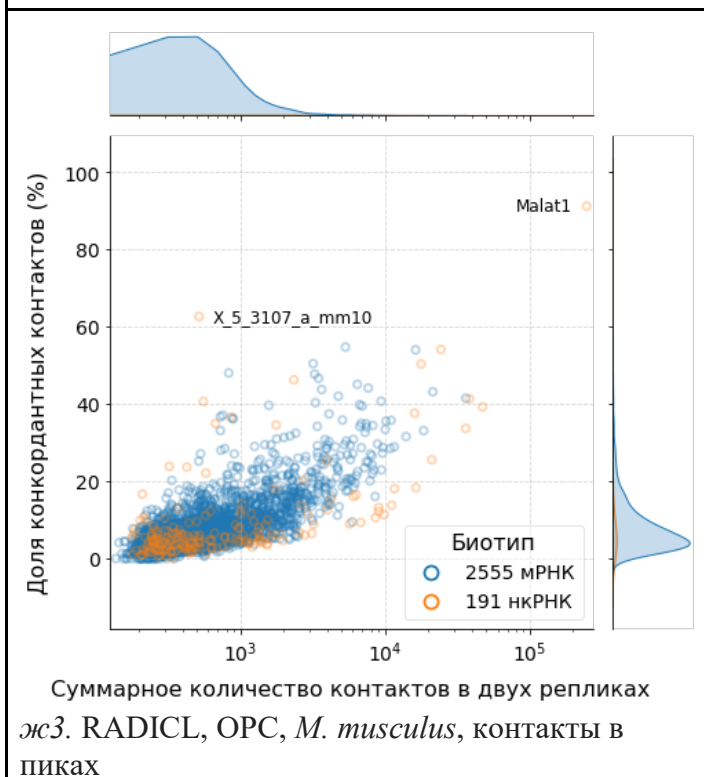
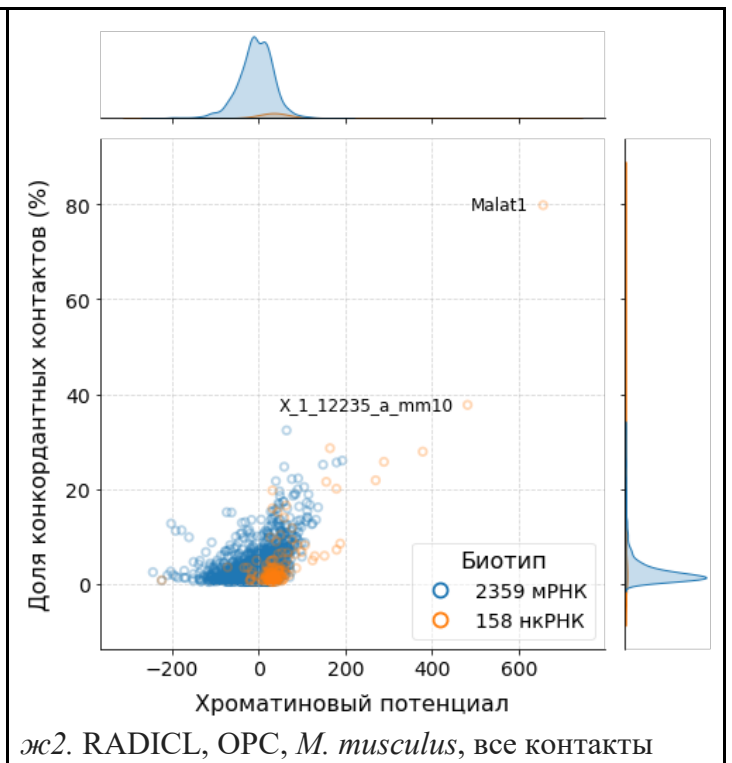
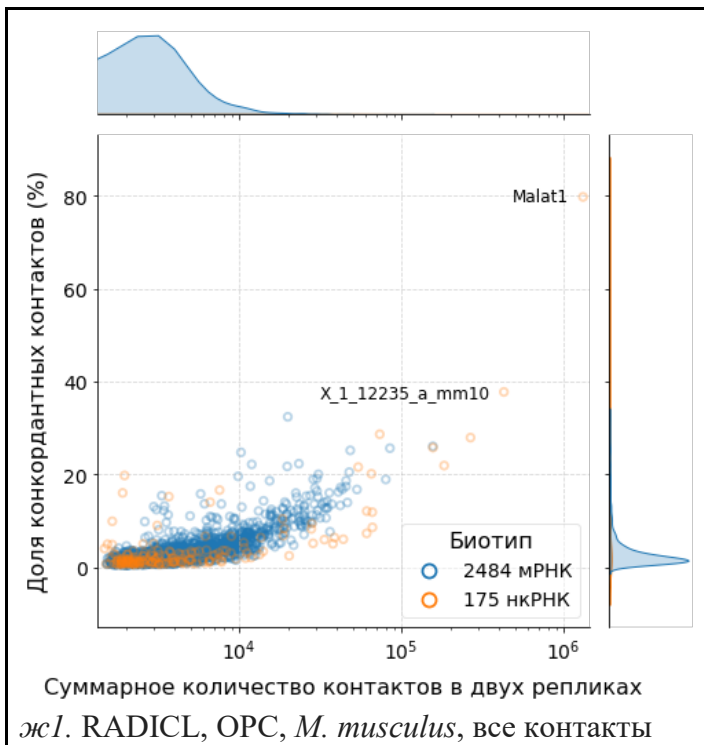
∂1. GRID, MM.1S, *H. sapiens*, все контакты

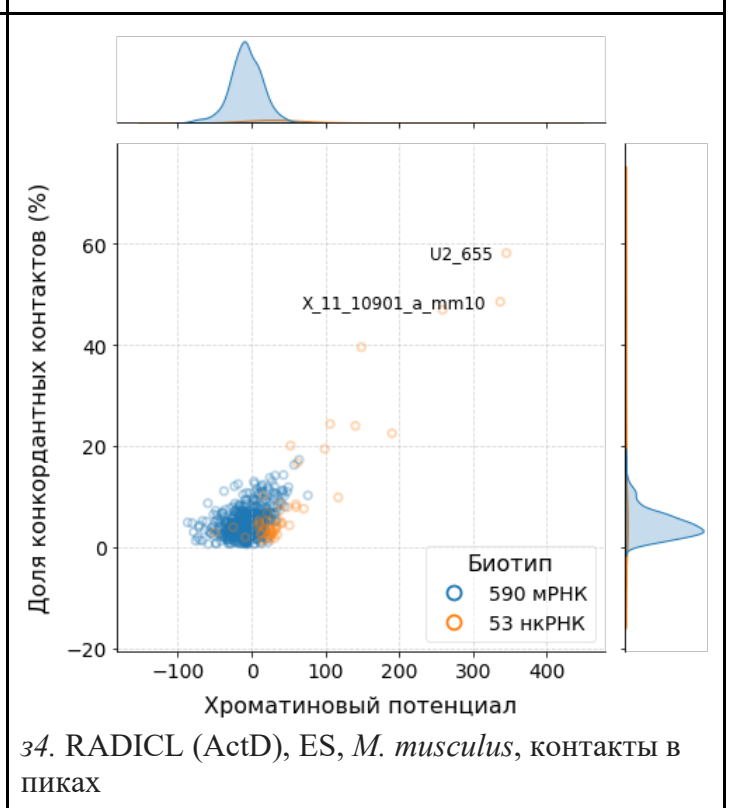
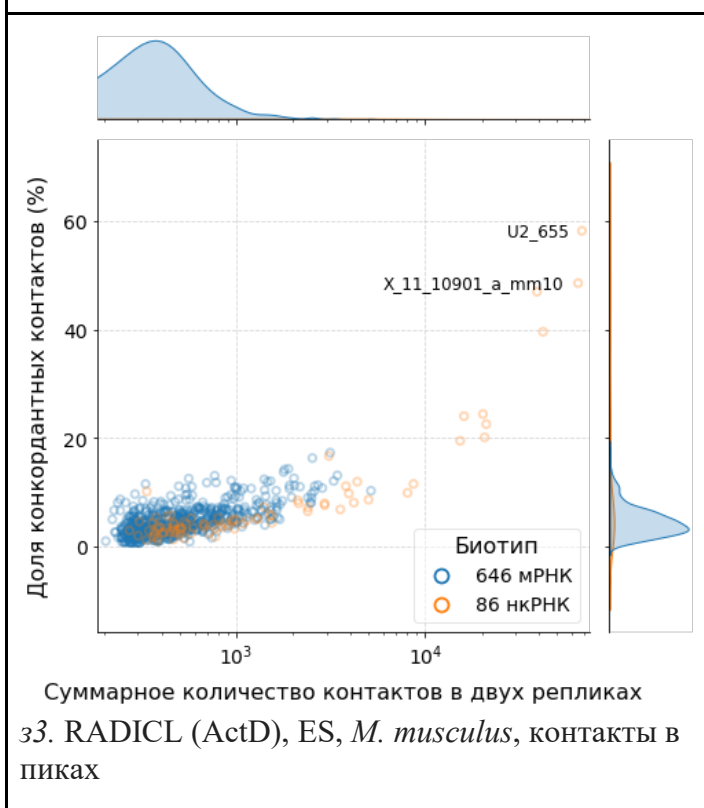
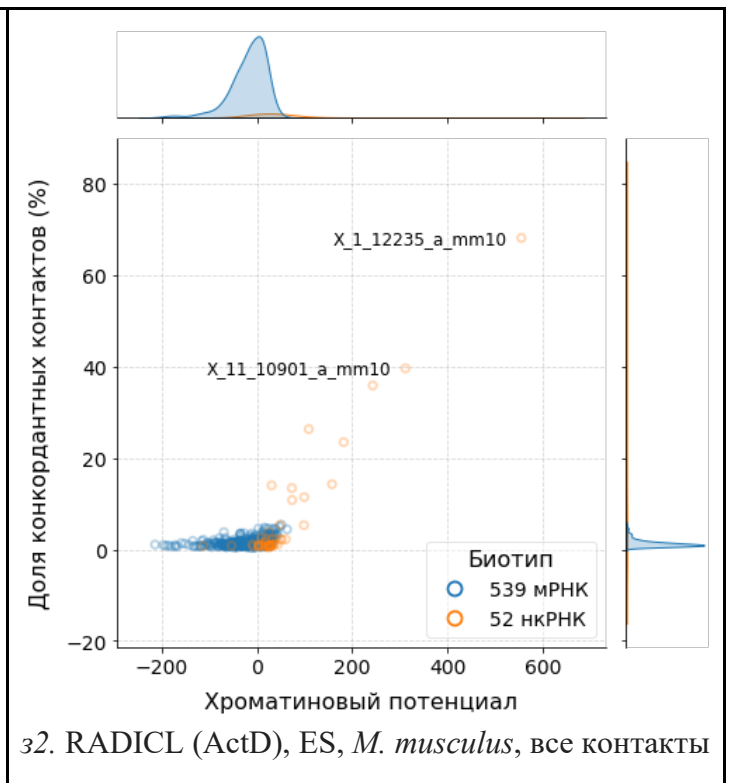
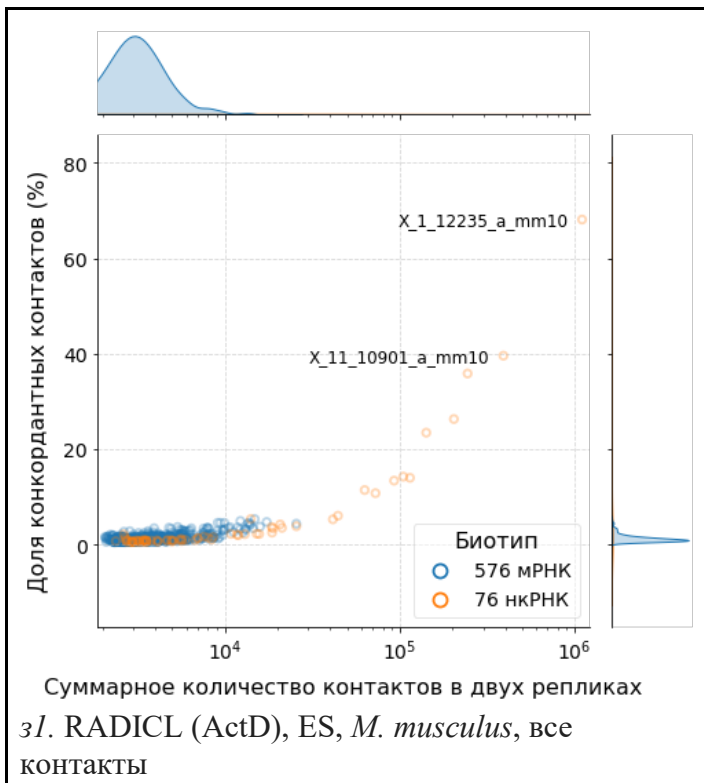
∂2. GRID, MM.1S, *H. sapiens*, все контакты

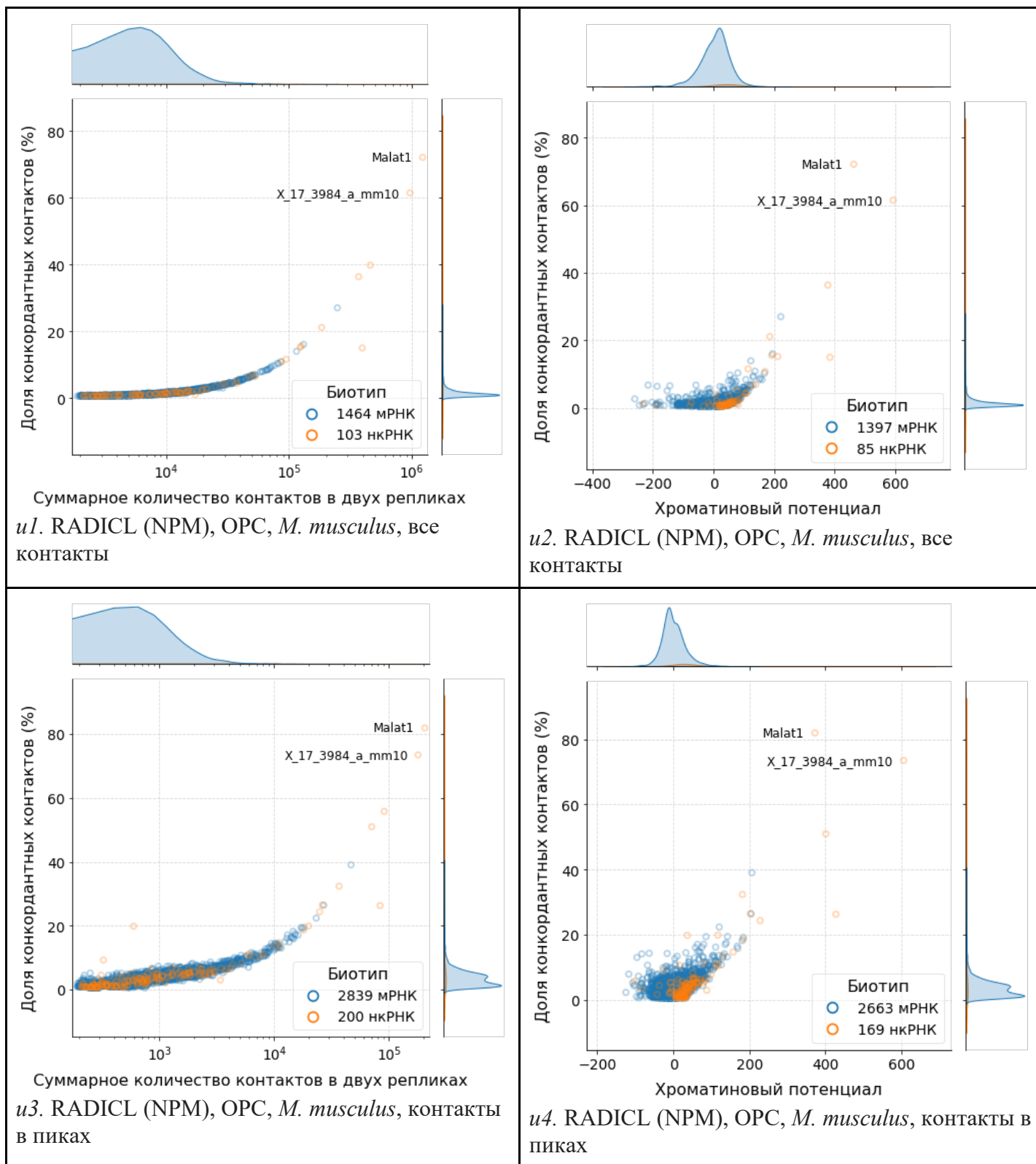
∂3. GRID, MM.1S, *H. sapiens*, контакты в пиках

∂4. GRID, MM.1S, *H. sapiens*, контакты в пиках

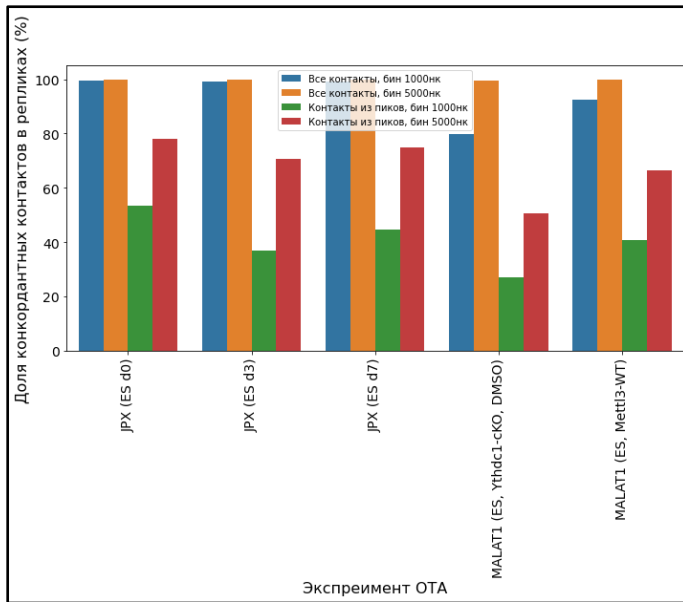




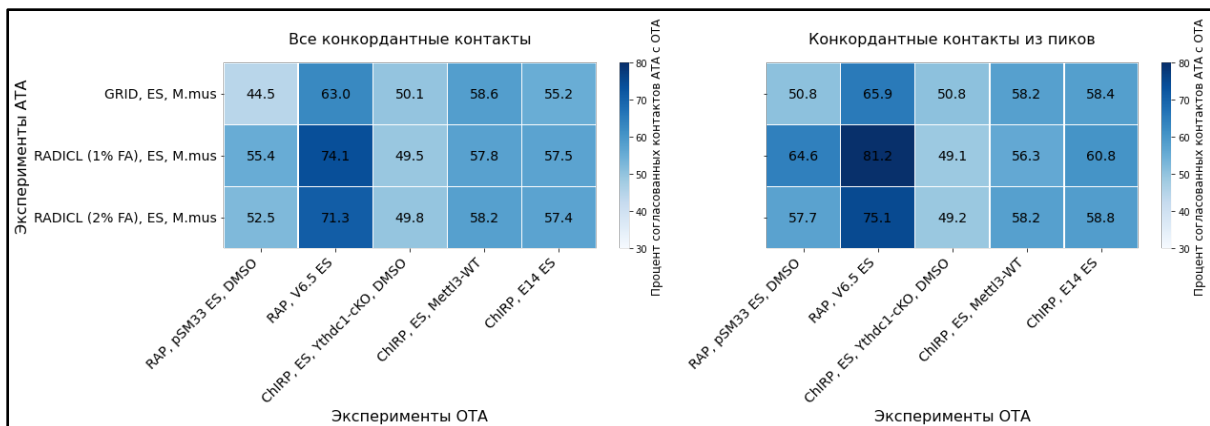




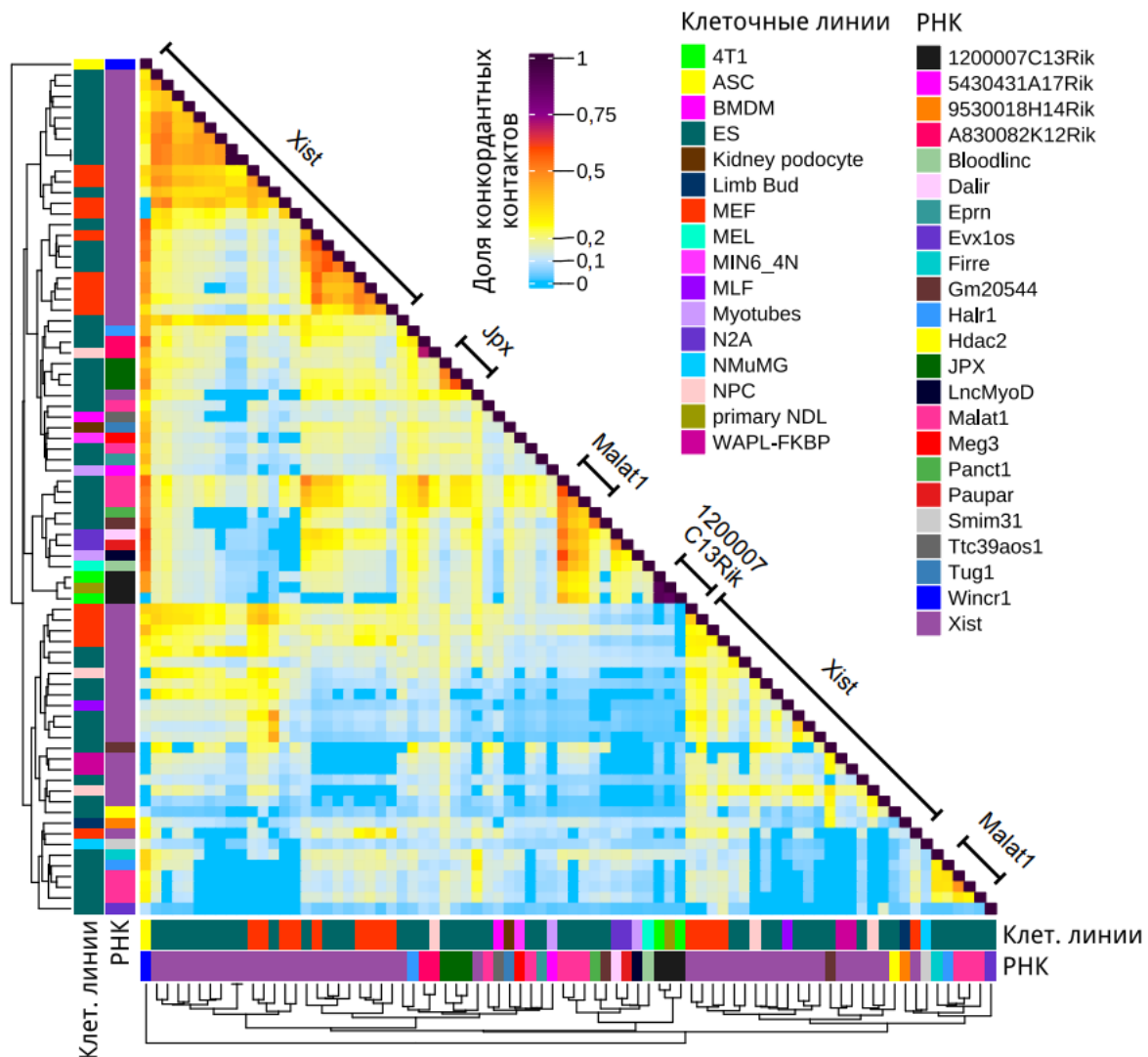
**Рис. П8.** Зависимость доли конкордантных контактов от полного числа контактов, от контактов из пиков BaRDIC и от хроматинового потенциала для разных экспериментов АТА



**Рис. П9.** Уровень конкордантности реплик экспериментов с индивидуальными РНК (ОТА)



**Рис. П10.** Согласованность конкордантных контактов (слева) и конкордантных контактов из пиков BaRDIC нкРНК MALAT1 из данных АТА с контактами из пиков BaRDIC нкРНК MALAT1 из экспериментов ОТА в эмбриональных стволовых клетках мыши. Размер бина – 5000 п.н., p-value < 0,05. M.mus – *Mus musculus*



**Рисунок П11.** Тепловая карта, отражающая долю согласованных контактов (из пиков VaRDIC,  $FDR < 0,05$ ) из экспериментов группы «один-против-всех» для клеточных линий мыши. Незначимые обогащения ( $p\text{-value} > 0,05$ ) обнулены. Кластеризация проведена по клеточным типам и РНК, используемым в эксперименте. Размер бина составляет 1000 п.н.