

# 平成29年度 NGSハンズオン講習会 Hi-C解析

2017年9月1日

国立遺伝学研究所 東光一

(2024年11月追記)

データ解析講習会：AJACS「Hi-C解析を知って・学んで・使う」

○日時：2025年1月16日(木)

○講師：東光一(国立遺伝学研究所)

○詳細：<https://biosciencedbc.jp/event/ajacs/ajacs2025-01-16-Hi-C.html>

# 本講義の内容

## ■ Hi-C解析とは

- Chromosome Conformation Capture の原理
- Hi-Cで何がわかるか？コンタクトマップの見方

## ■ Hi-C解析の流れ（実習と並行）

- Hi-C解析のツール
- マッピング
- フィルタリング
- 正規化
- ピーク検出、TAD検出など
- 3D構造モデリング

# 実習の内容

## ■ 目的：

Fastqファイル（公共データ）からスタートして、Hi-C解析論文でよく見るコンタクトマップや、染色体3次元構造の構築までやってみる

## ■ 複雑なコマンドは打ちません。

必要な操作はすべてpythonスクリプトにまとめてあるので、python OO.py と打つだけ。

「ツールの使い方」よりも、Hi-Cデータの特徴や、データ解析で気をつけなければいけない点を理解する。

# 実習の内容

Bio-Linux-8.0.7\_hm\_kh.ova を起動。  
すべて、~/HiC の中で実行する。

```
manager@bl8vbox[~/HiC]
manager@bl8vbox[manager] ll
total 56
drwxrwxr-x 21 manager manager 4096 Aug 22 19:29 anaconda2
drwx----- 4 manager manager 4096 Aug 23 00:52 Desktop
drwxr-xr-x 2 manager manager 4096 Jun 17 2015 Documents
drwxr-xr-x 2 manager manager 4096 Aug 22 17:22 Downloads
drwxrwxr-x 12 manager manager 4096 Aug 23 06:14 HiC
drwxrwxr-x 2 manager manager 4096 Aug 23 07:47 igv
drwxrwxr-x 2 manager manager 4096 Aug 23 07:47 juicebox
drwxr-xr-x 2 manager manager 4096 Jun 17 2015 Music
drwxrwxr-x 5 manager manager 4096 Aug 21 14:07 perl5
drwxr-xr-x 2 manager manager 4096 Jun 17 2015 Pictures
drwxr-xr-x 2 manager manager 4096 Jun 17 2015 Public
drwxr-xr-x 2 manager manager 4096 Jun 17 2015 Templates
drwxrwxr-x 5 manager manager 4096 Aug 22 11:22 Test
drwxr-xr-x 2 manager manager 4096 Jun 17 2015 Videos
manager@bl8vbox[manager] cd HiC
manager@bl8vbox[HiC] ll
total 40
drwxr-xr-x 3 manager manager 4096 Aug 23 11:16 1_mapping_read_to_genome
drwxr-xr-x 3 manager manager 4096 Aug 23 11:15 2_filtering_reads
drwxr-xr-x 3 manager manager 4096 Aug 23 11:18 3_normalization
drwxr-xr-x 3 manager manager 4096 Aug 23 11:14 4_convert_Juice
drwxr-xr-x 3 manager manager 4096 Aug 23 11:12 5_detect_TADs
drwxr-xr-x 3 manager manager 4096 Aug 23 11:14 6_modeling_3D
drwxr-xr-x 4 manager manager 4096 Aug 23 11:17 data
drwxrwxr-x 2 manager manager 4096 Aug 23 10:06 Index
drwxrwxr-x 3 manager manager 4096 Aug 22 22:13 Ref
drwxrwxr-x 6 manager manager 4096 Aug 23 09:12 src
manager@bl8vbox[HiC]
```

- 1\_mapping\_read\_to\_genome
- 2\_filtering\_reads
- 3\_normalization
- 4\_convert\_Juice
- 5\_detect\_TADs
- 6\_modeling\_3D

解析のステップごとに、実行するpythonスクリプトが入ったディレクトリ（実行結果はそれぞれのResultsの中）

data

解析に使うfastqファイル

Index

ヒトゲノムのBowtie2インデックス

ref

ヒトゲノム配列（fasta）

src

使用したライブラリのソースコード

# Hi-C解析とは

シーケンシングによって、ゲノム（染色体）の3次元空間内の立体構造を明らかにする手法。

構造は機能と密接に関わっている。

（ex. エンハンサー・プロモーターループ）

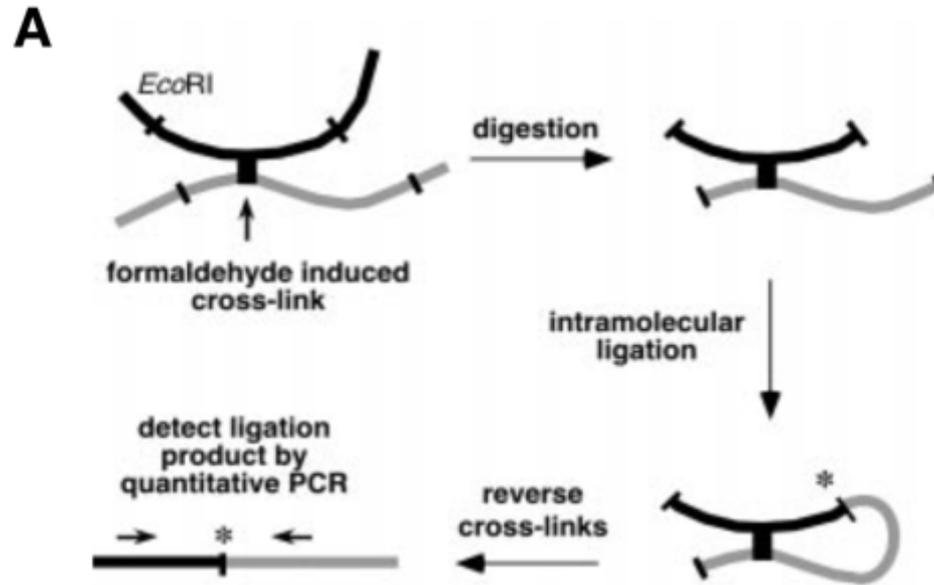
ゲノム配列そのものからはうかがい知れない染色体の立体構造を、ゲノム配列のシーケンシングによって明らかにするのがHi-C解析。

# NGSの応用

- 配列そのものを知りたい
  - ゲノム
  - メタゲノム
  - Reseq
- 読み取られた配列データのパターンから、何か別のことを知りたい
  - RNA-seq
  - CHIP-seq
  - ATAC-seq
  - Hi-C
  - iRep

精度の高いリファレンスゲノムがあることが前提。

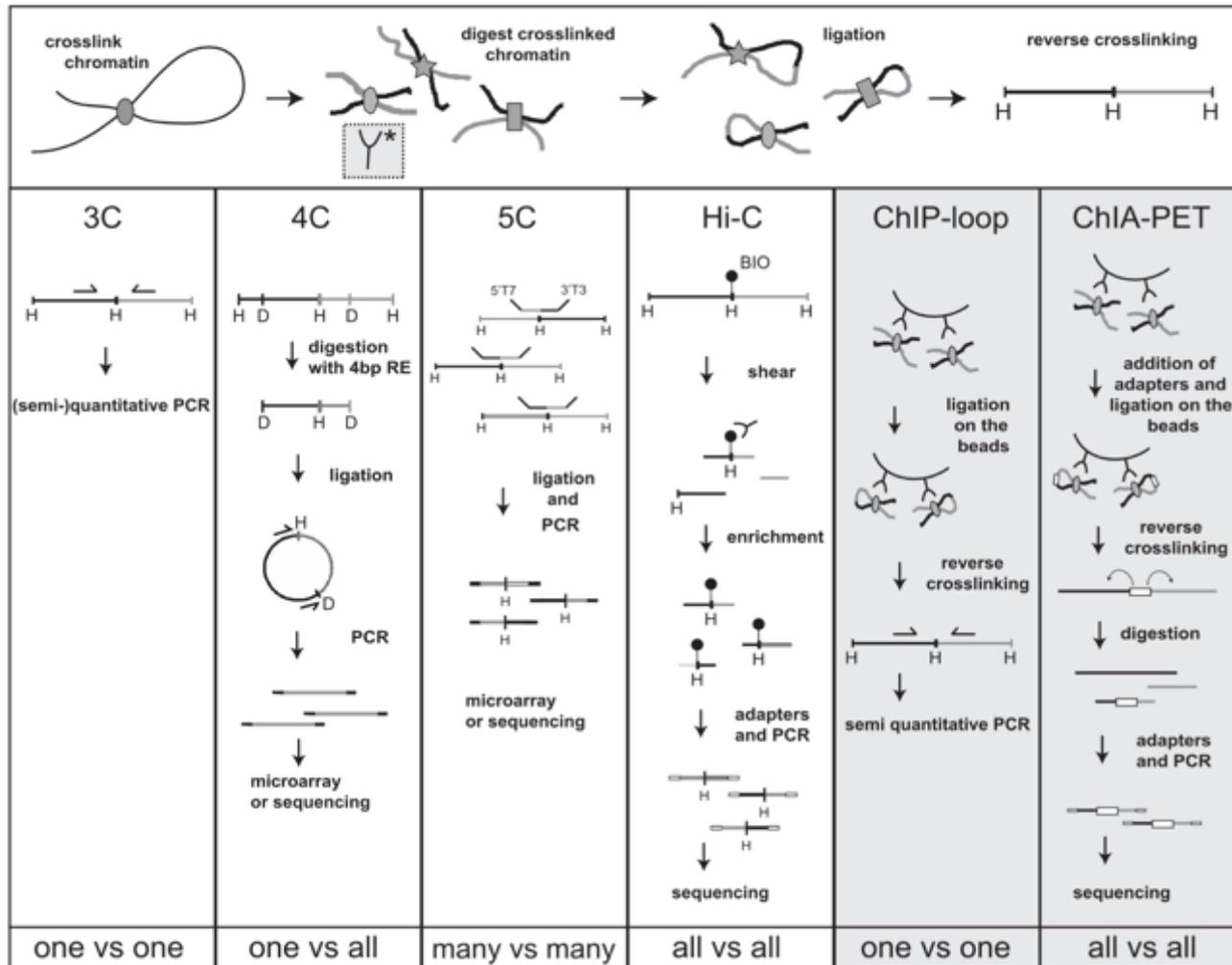
# Chromosome Conformation Capture (3C)



Dekker, Job, et al. "Capturing chromosome conformation." *Science* 295.5558 (2002): 1306-1311.

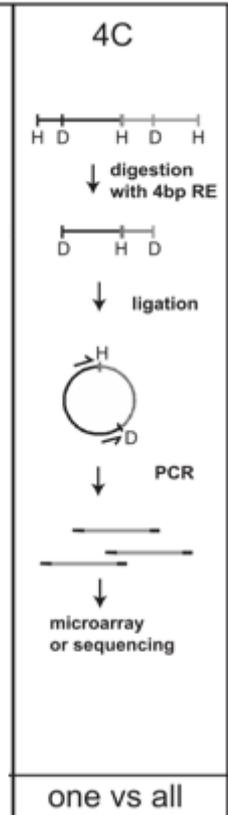
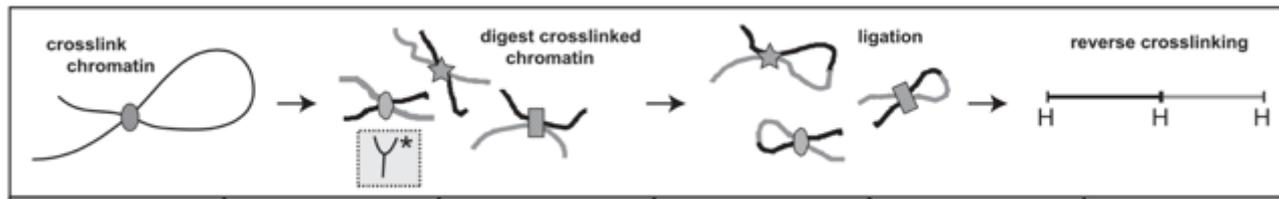
その後、次々に登場した3C-based methodすべての基礎となる手法。鍵となるのは、**DNAの空間的な近接性は、制限消化された断片間でのライゲーションの生じやすさで測れる、**という考え方。

# 3C-based technologies



de Wit, Elzo, and Wouter de Laat. "A decade of 3C technologies: insights into nuclear organization." *Genes & development* 26.1 (2012): 11-24.

# 4C: Chromosome conformation capture-on-chip



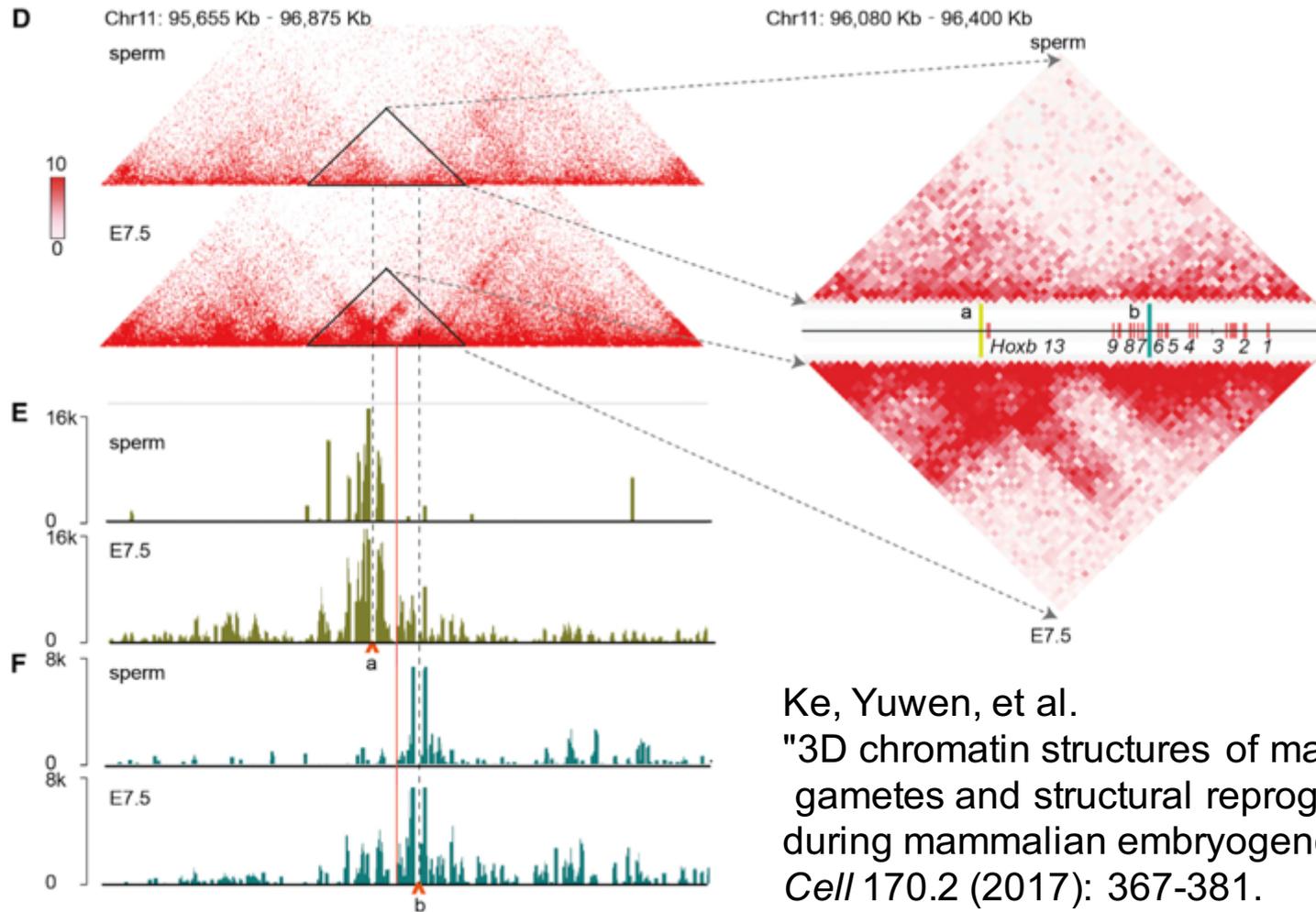
ゲノム上の特定の領域 (**viewpoint**と呼ばれる) と相互作用しているのはどの領域か？ インバースPCRを利用してアレイで検出。

NGSと組み合わせた 4C-seq という拡張もある。

de Wit, Elzo, and Wouter de Laat. "A decade of 3C technologies: insights into nuclear organization." *Genes & development* 26.1 (2012): 11-24.

# 4C: Chromosome conformation capture-on-chip

以下は4C-seqデータを使ってHi-Cデータのvalidationをした例



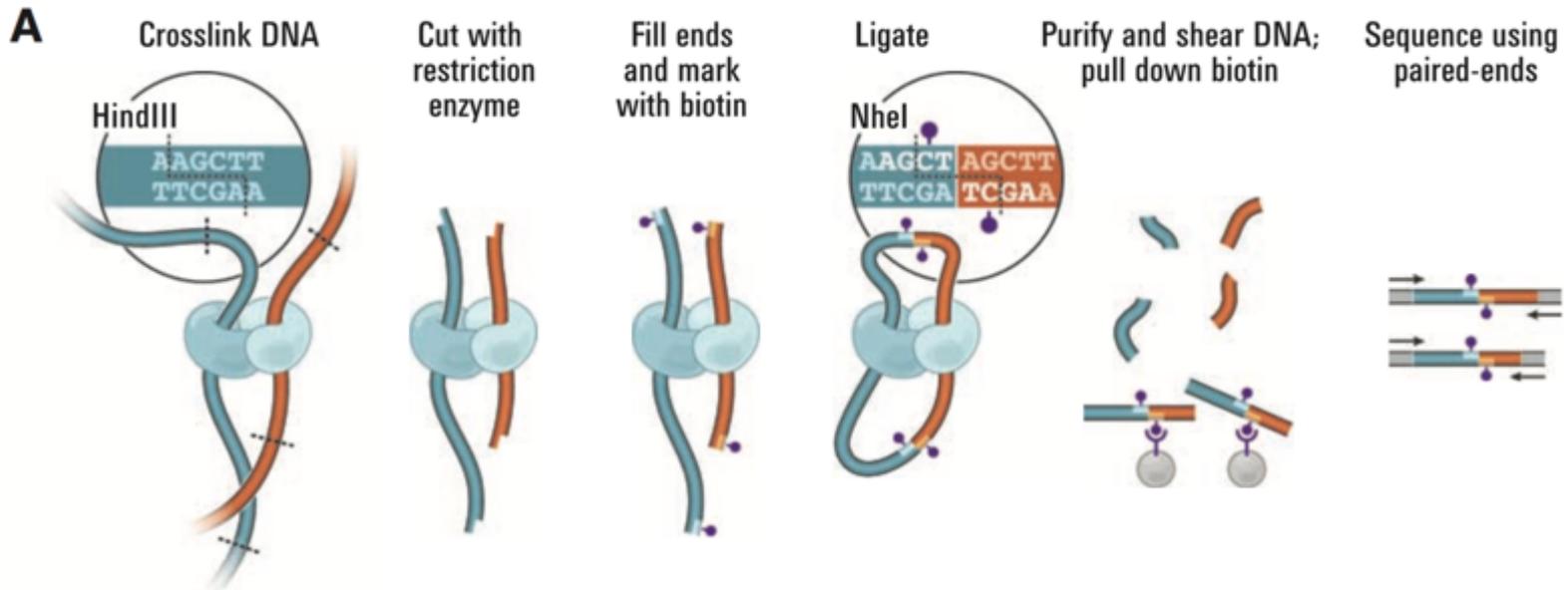
Ke, Yuwen, et al.

"3D chromatin structures of mature gametes and structural reprogramming during mammalian embryogenesis."  
*Cell* 170.2 (2017): 367-381.

# Hi-C

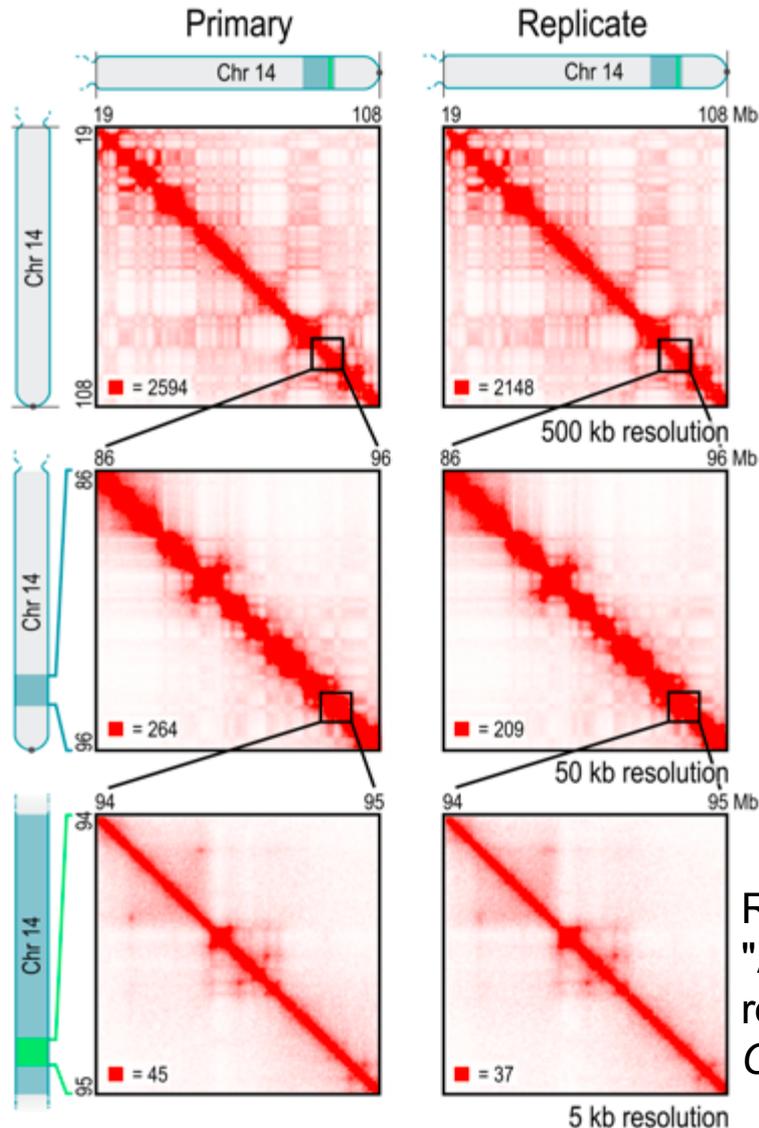
Lieberman-Aiden, Erez, et al.

"Comprehensive mapping of long-range interactions reveals folding principles of the human genome." *Science* 326.5950 (2009): 289-293.



全領域 vs. 全領域の近接性をすべてシーケンシングで決定してしまう。  
ビオチンプルダウンで、ライゲーションジャンクションが形成されている断片のみを濃縮。  
ペアエンドでシーケンスしなければ意味がない。Forward, Reverse のリードがリファレンスゲノムへマッピングされた位置を調べ、それらのゲノム上の領域がもともと空間的に近接していた、と解釈。

# Hi-Cデータ解析のゴールのひとつ =コンタクトマップ（接触確率行列）の生成



左図はコンタクトマップを、ヒートマップとして可視化した図。  
コンタクトマップは対称行列。

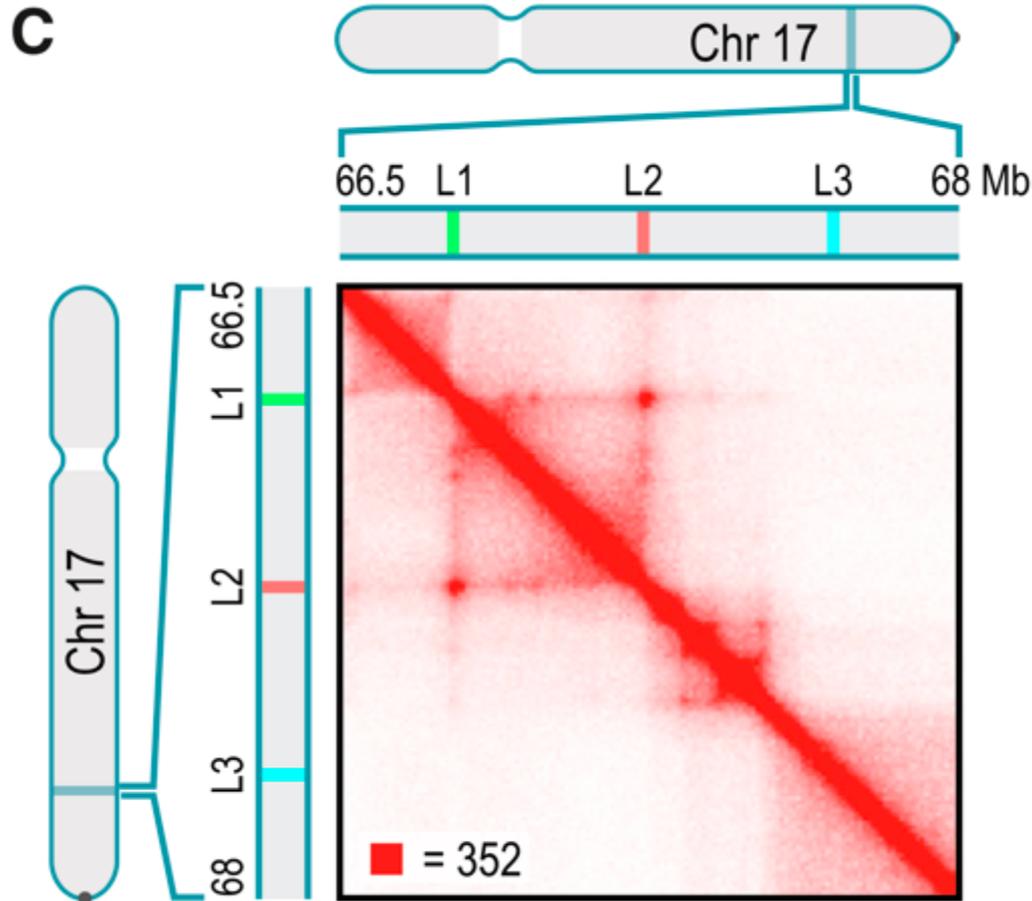
タテとヨコに同じゲノム配列を並べて、位置  $i$  と位置  $j$  にマップされるペアエンドリードがあったら、行列の  $(i, j)$  のカウントをひとつ増やす。

したがって、行列で値が大きい要素は、その領域間でマップされるペアがたくさん見つかる、すなわち接触確率が高い領域ペアであることを意味する。

Rao, Suhas SP, et al.  
"A 3D map of the human genome at kilobase resolution reveals principles of chromatin looping"  
*Cell* 159.7 (2014): 1665-1680.

# コンタクトマップの見方

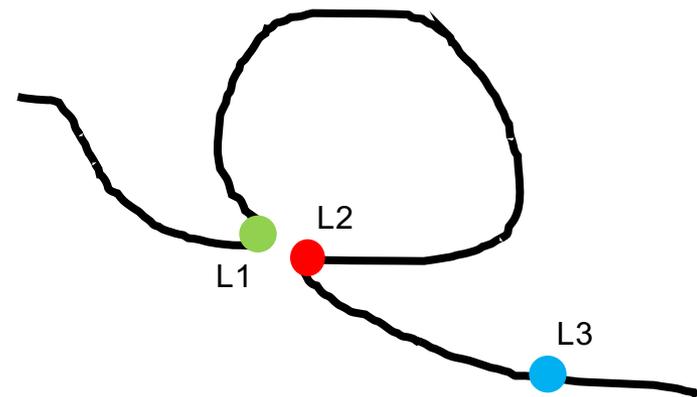
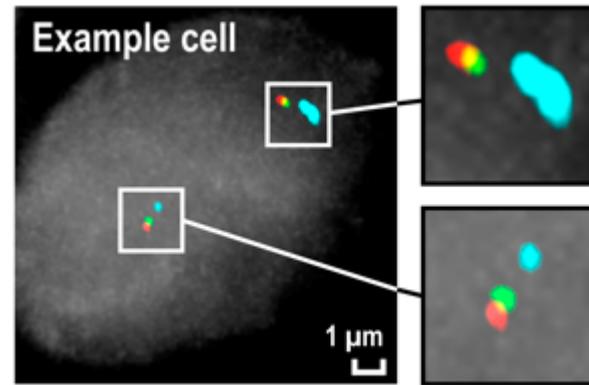
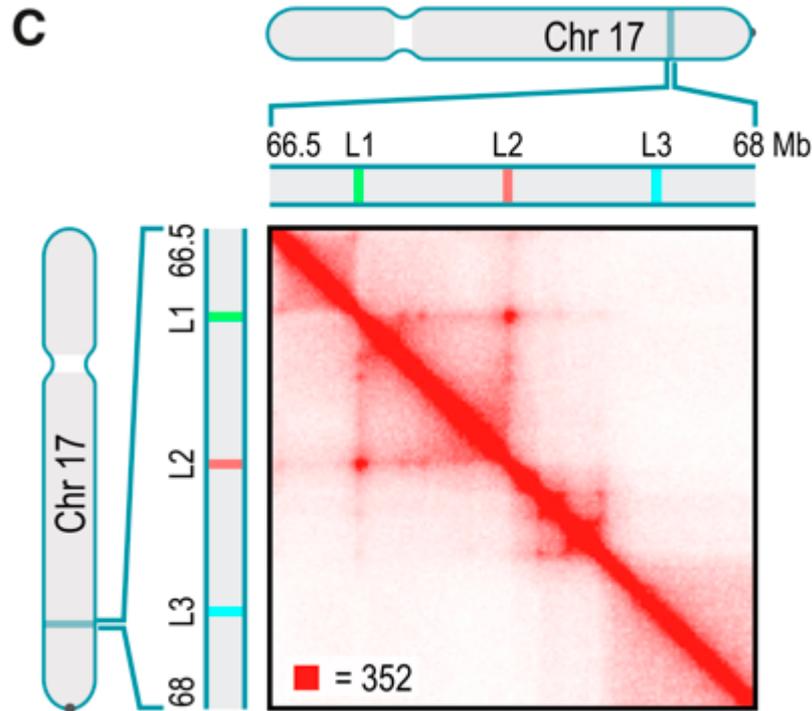
どのような3次元構造であったら、下図のようなコンタクトマップが得られるだろうか？



Rao, Suhas SP, et al.  
"A 3D map of the human genome at kilobase  
resolution reveals principles of chromatin looping"  
*Cell* 159.7 (2014): 1665-1680.

# コンタクトマップの見方

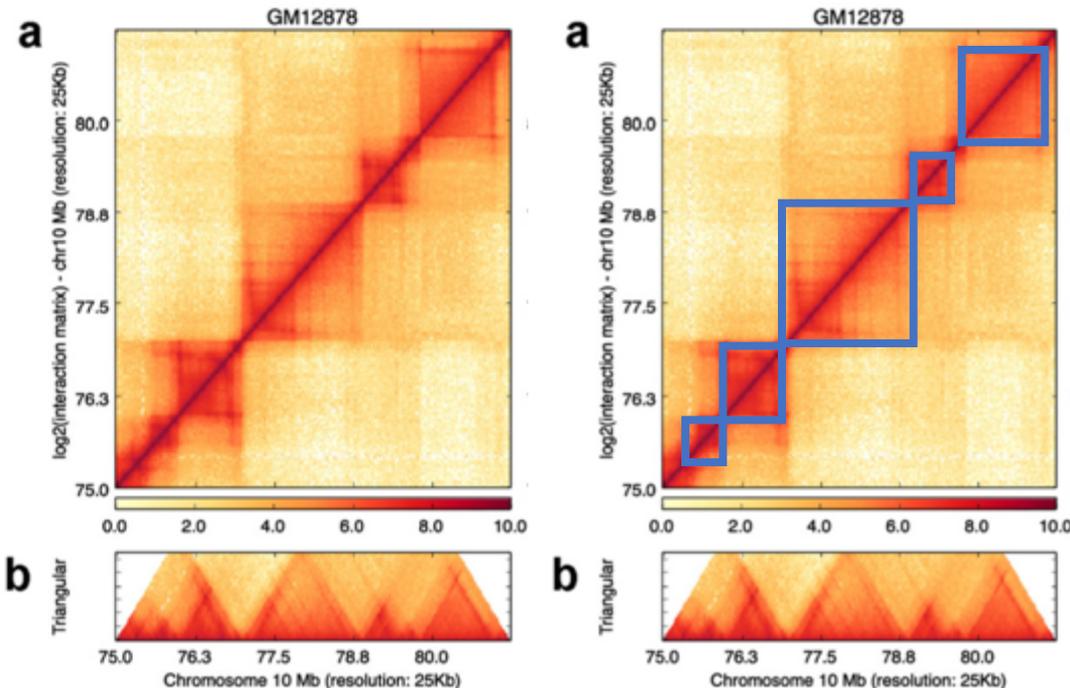
どのような3次元構造であったら、下図のようなコンタクトマップが得られるだろうか？



Rao, Suhas SP, et al.  
"A 3D map of the human genome at kilobase  
resolution reveals principles of chromatin looping"  
*Cell* 159.7 (2014): 1665-1680.

# コンタクトマップの見方

## Topologically Associated Domains (TADs)



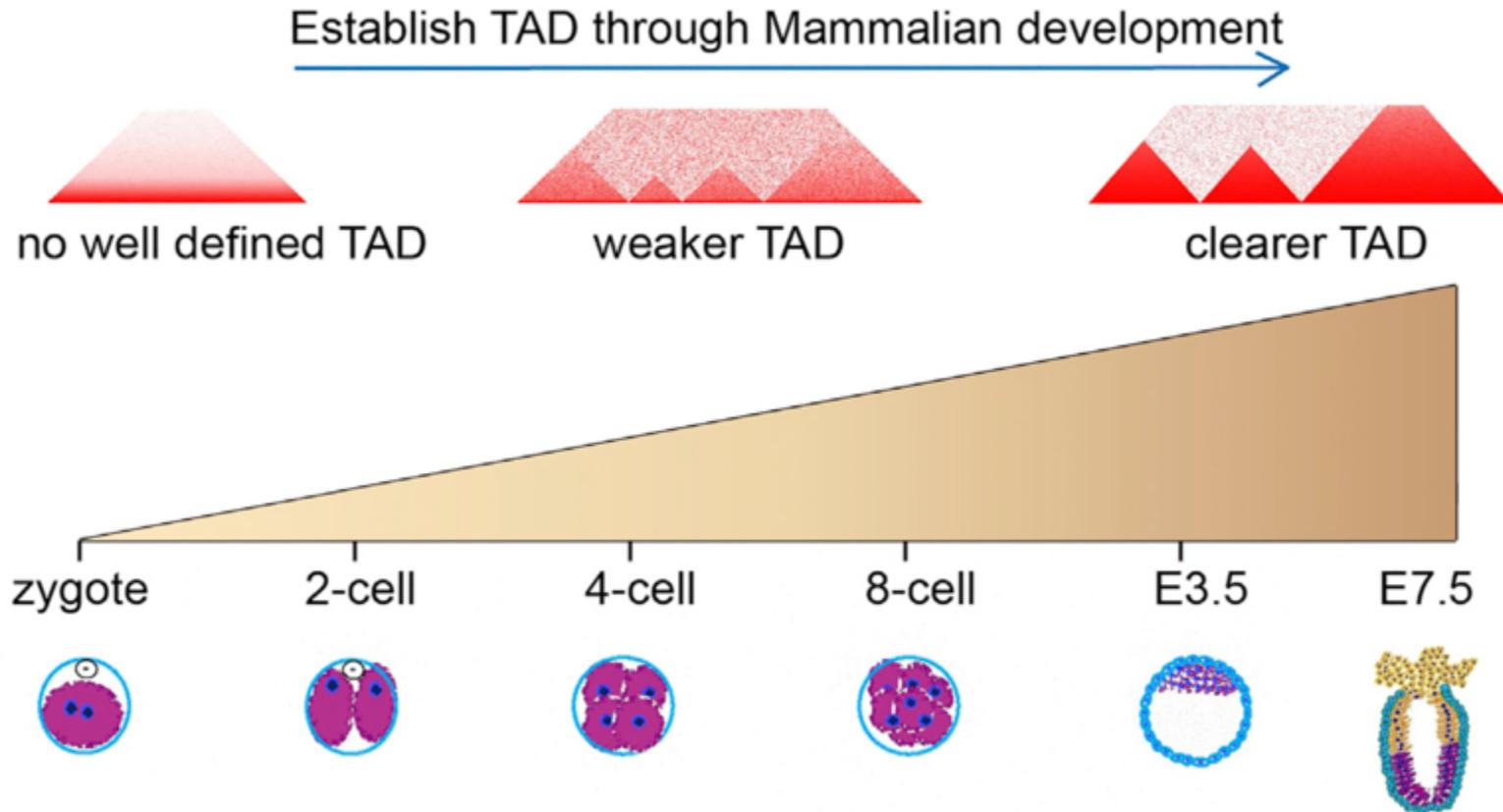
コンタクトマップの対角線に沿ってしばしば見られる正方形のかたち。

ヒストン修飾のパターンや複製タイミングなどと強く関連している構造。

エンハンサーの影響力をひとつのTADの内部に隔離するインシュレーターとしての機能を持つ？

Akdemir, Kadir Caner, and Lynda Chin.  
"HiCPlotter integrates genomic data with interaction matrices." *Genome biology* 16.1 (2015): 198.

## Topologically Associated Domains (TADs)

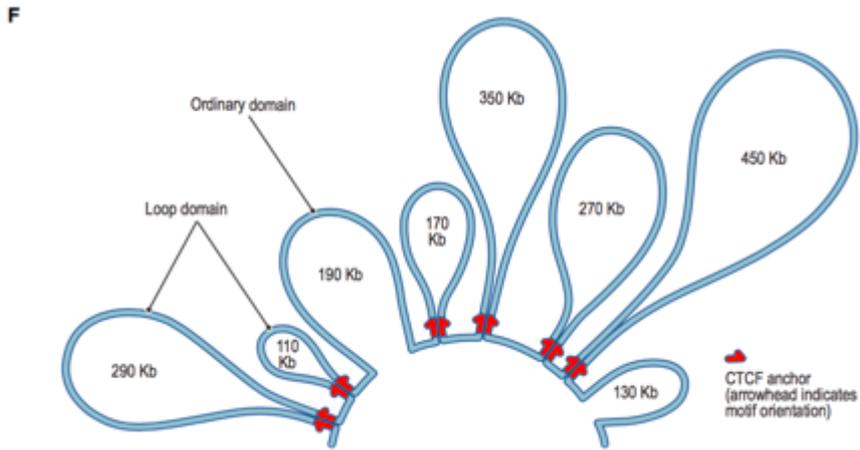
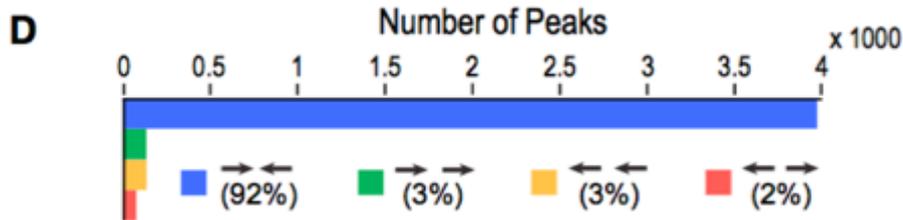


Ke, Yuwen, et al.

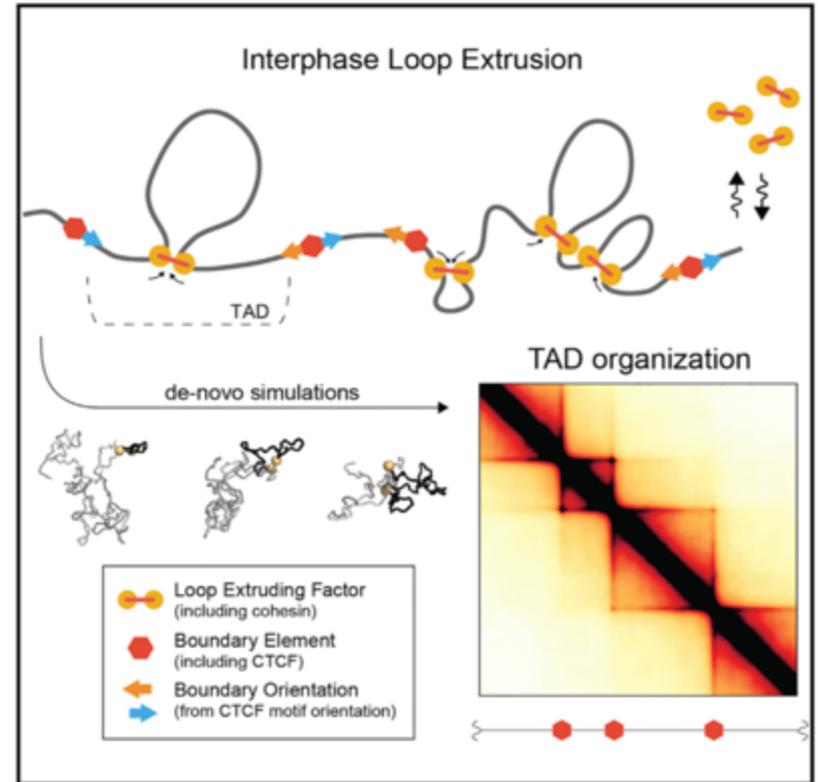
"3D chromatin structures of mature gametes and structural reprogramming during mammalian embryogenesis."

*Cell* 170.2 (2017): 367-381.

# Topologically Associated Domains (TADs)



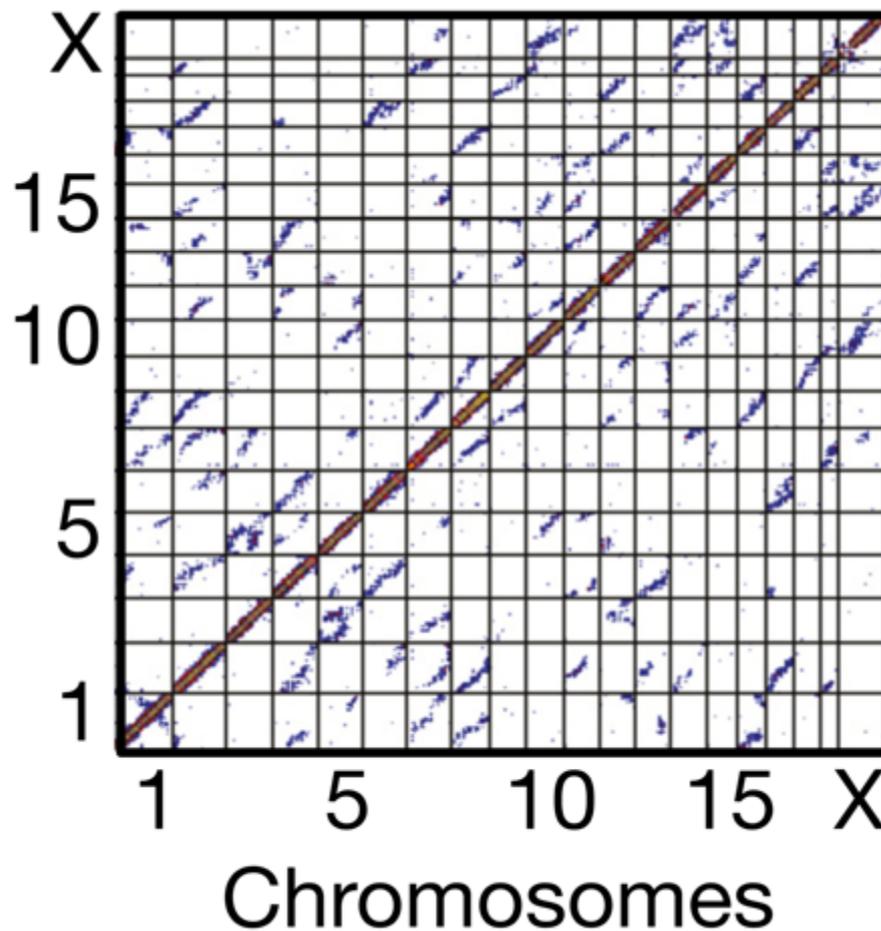
Rao, Suhas SP, et al.  
 "A 3D map of the human genome at kilobase resolution reveals principles of chromatin looping"  
*Cell* 159.7 (2014): 1665-1680.



Fudenberg, Geoffrey, et al. "Formation of chromosomal domains by loop extrusion."  
*Cell reports* 15.9 (2016): 2038-2049.

# コンタクトマップの見方

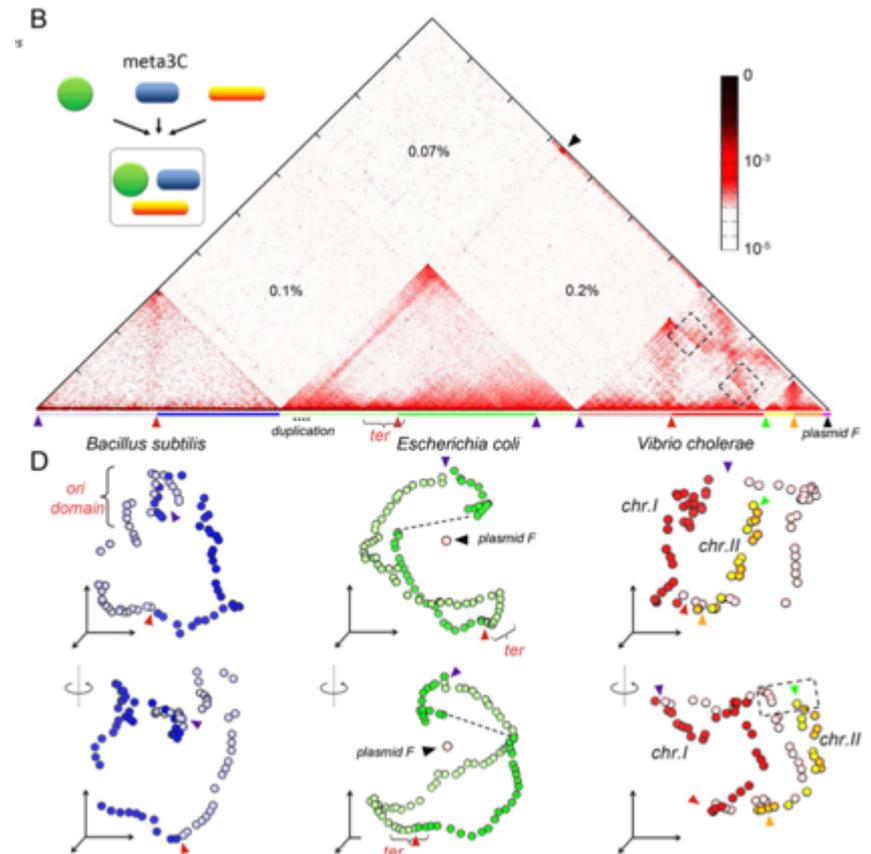
どのような3次元構造であったら、下図のようなコンタクトマップが得られるだろうか？



Nagano, Takashi, et al.  
“Cell-cycle dynamics of  
chromosomal organization  
at single-cell resolution.”  
*Nature* 547 (2017): 61–67

# Hi-Cデータの応用

1. ハプロタイプフェイジング
2. ゲノムアセンブリ
3. メタゲノム (meta3C)



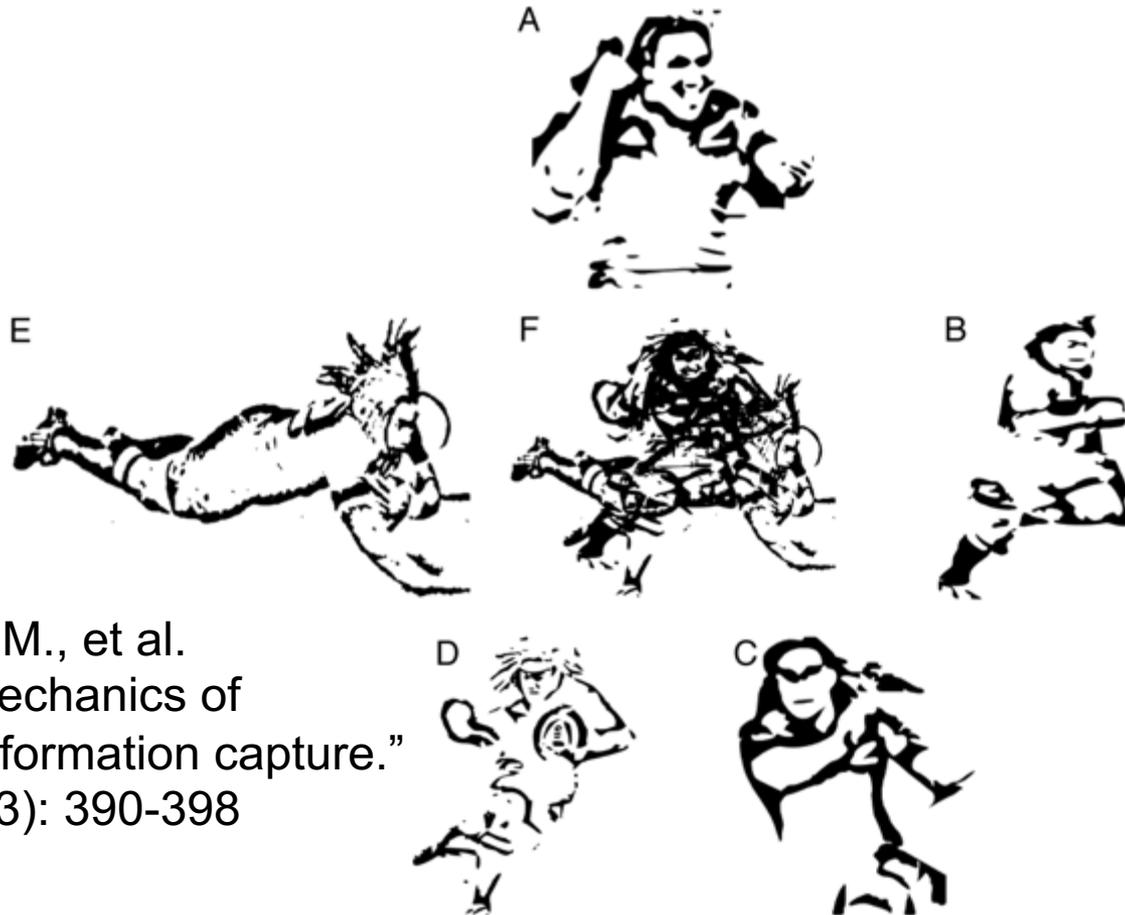
Marbouty, Martial, et al.  
"Metagenomic chromosome conformation capture (meta3C) unveils the diversity of chromosome organization in microorganisms."  
*Elife* 3 (2014): e03318.

# Hi-Cのデメリット①

- 高い解像度のコンタクトマップを得るためには莫大な量のシーケンスが必要
- コンタクトマップを構成する要素の数は、ゲノムを分割するBinのサイズ（解像度）に対して二乗で大きくなる。そのため10倍の解像度のコンタクトマップを得るためには100倍のシーケンスが必要になる。

## Hi-Cのデメリット②

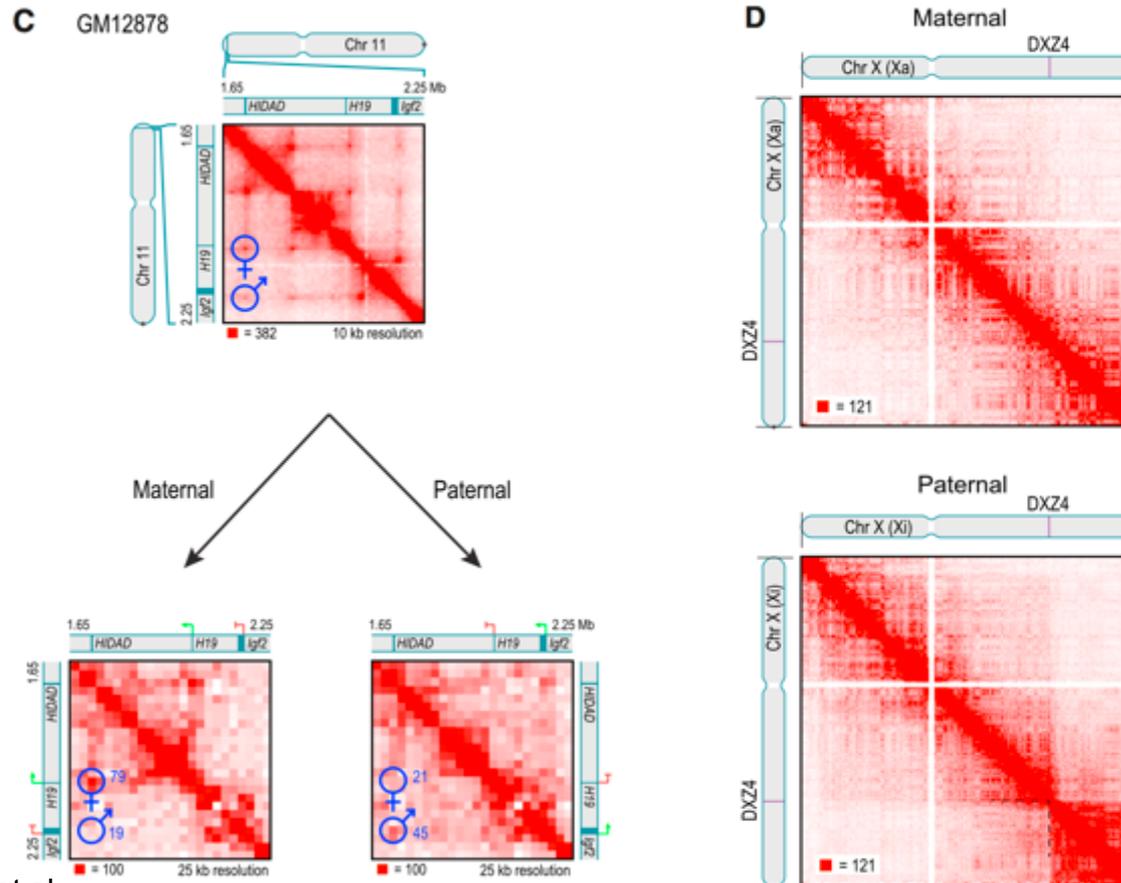
- 集団の平均的構造であること (excl. single cell Hi-C)
  - 集団内の構造の多様性は3次元モデリングの際に「推論」するしかない



O'sullivan, Justin M., et al.  
"The statistical-mechanics of  
chromosome conformation capture."  
*Nucleus* 4.5 (2013): 390-398

# Hi-Cのデメリット②

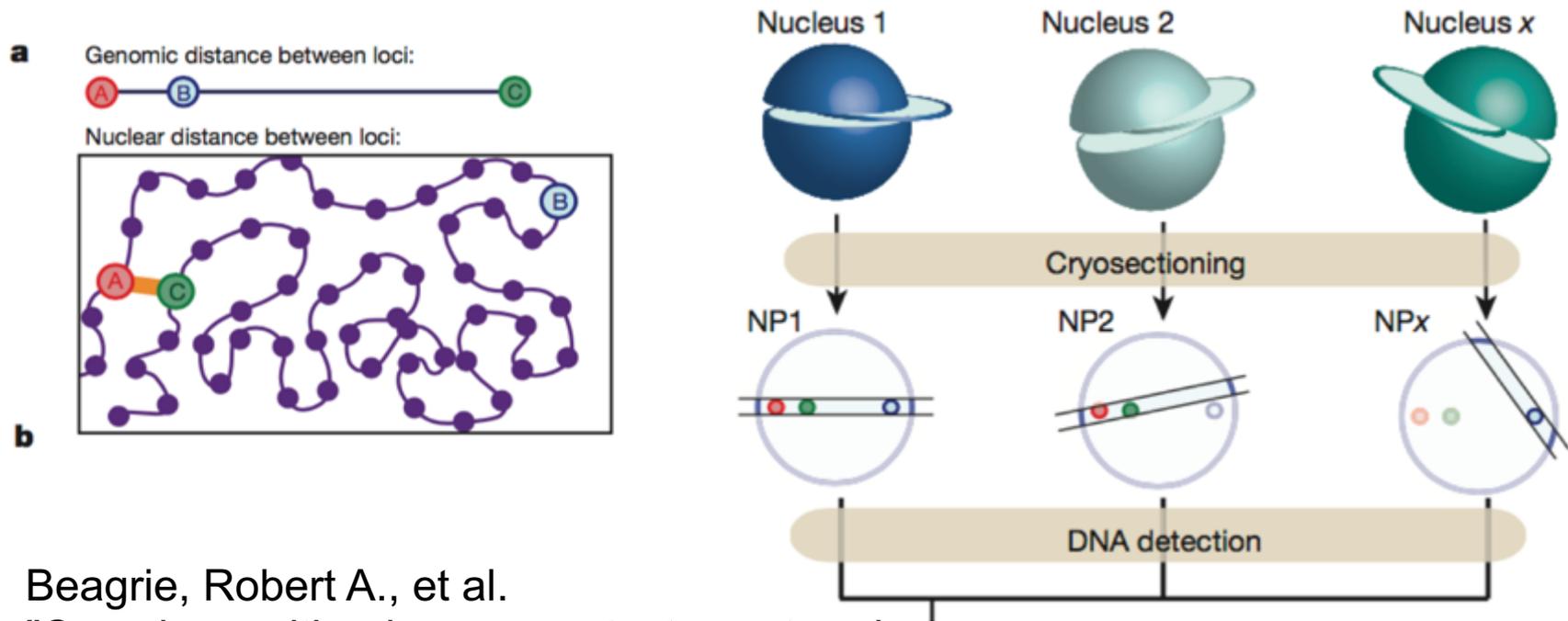
- 集団の平均的構造であること (excl. single cell Hi-C)
  - 構造の多様性は相同染色体間でさえ観察される (フェイジングデータが利用できればいいが...)



Rao, Suhas SP, et al.  
"A 3D map of the human genome at kilobase resolution reveals principles of chromatin looping"  
*Cell* 159.7 (2014): 1665-1680.

# Hi-Cのデメリット③

- 3Cの原理的に、1対1の領域ペアの接触しか観測できない
  - 複数の領域の同時接触はデータから間接的にわかるだけ。
  - 新たな手法 Genome Architecture Mapping ならば克服できるかも。



Beagrie, Robert A., et al.  
"Complex multi-enhancer contacts captured  
by genome architecture mapping."  
*Nature* 543.7646 (2017): 519-524.

# 本講義の内容

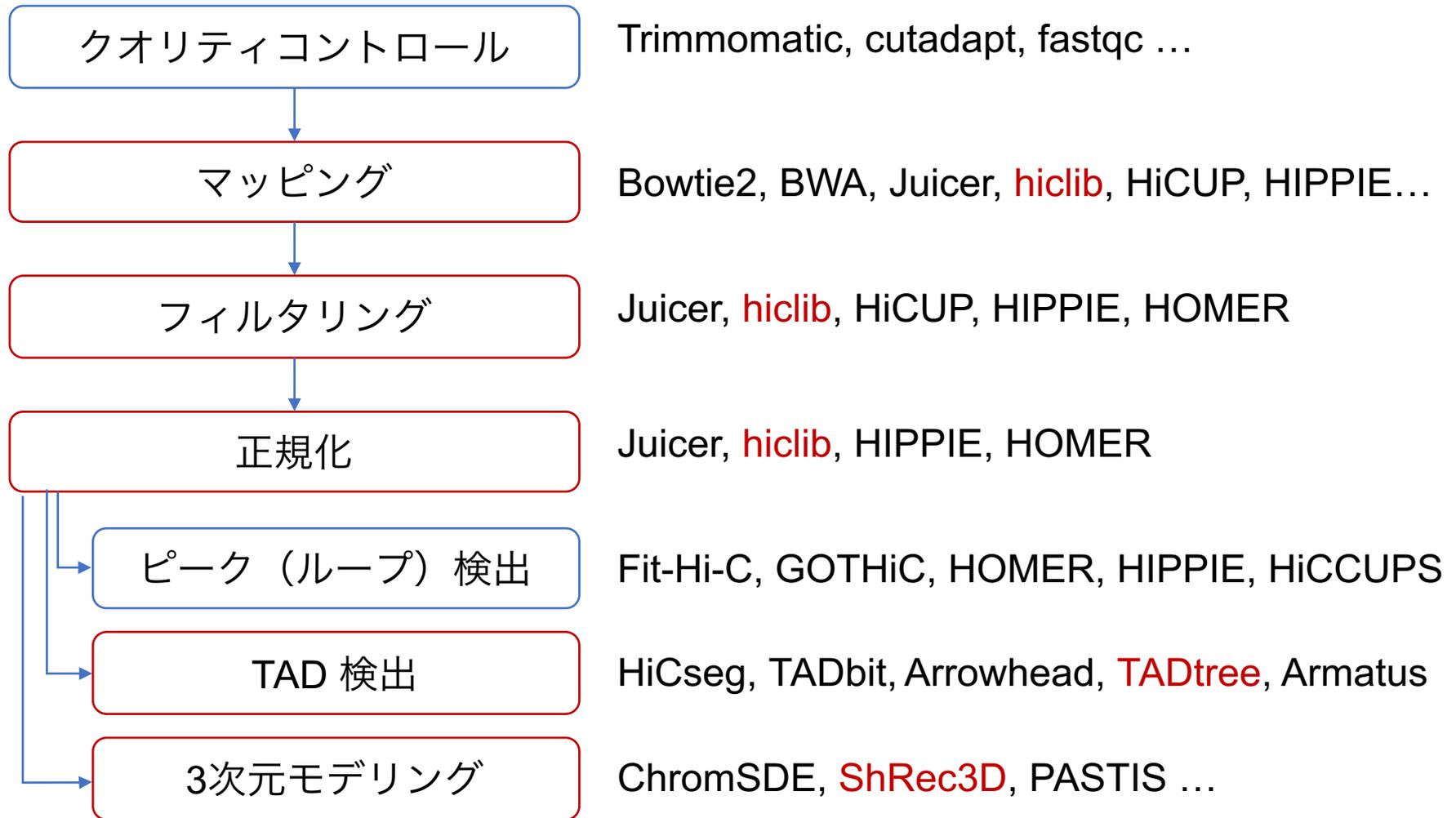
## ■ Hi-C解析とは

- Chromosome Conformation Capture の原理
- Hi-Cで何がわかるか？コンタクトマップの見方

## ■ Hi-C解析の流れ（実習と並行）

- Hi-C解析のツール
- マッピング
- フィルタリング
- 正規化
- ピーク検出、TAD検出など
- 3D構造モデリング

# Hi-C解析の流れ、利用可能なツール（一部）



# 実習の内容

Bio-Linux-8.0.7\_hm\_kh.ova を起動。  
すべて、~/HiC の中で実行する。

```
manager@bl8vbox[~/HiC]
manager@bl8vbox[manager] ll
total 56
drwxrwxr-x 21 manager manager 4096 Aug 22 19:29 anaconda2
drwx----- 4 manager manager 4096 Aug 23 00:52 Desktop
drwxr-xr-x 2 manager manager 4096 Jun 17 2015 Documents
drwxr-xr-x 2 manager manager 4096 Aug 22 17:22 Downloads
drwxrwxr-x 12 manager manager 4096 Aug 23 06:14 HiC
drwxrwxr-x 2 manager manager 4096 Aug 23 07:47 igv
drwxrwxr-x 2 manager manager 4096 Aug 23 07:47 juicebox
drwxr-xr-x 2 manager manager 4096 Jun 17 2015 Music
drwxrwxr-x 5 manager manager 4096 Aug 21 14:07 perl5
drwxr-xr-x 2 manager manager 4096 Jun 17 2015 Pictures
drwxr-xr-x 2 manager manager 4096 Jun 17 2015 Public
drwxr-xr-x 2 manager manager 4096 Jun 17 2015 Templates
drwxrwxr-x 5 manager manager 4096 Aug 22 11:22 Test
drwxr-xr-x 2 manager manager 4096 Jun 17 2015 Videos
manager@bl8vbox[manager] cd HiC
manager@bl8vbox[HiC] ll
total 40
drwxr-xr-x 3 manager manager 4096 Aug 23 11:16 1_mapping_read_to_genome
drwxr-xr-x 3 manager manager 4096 Aug 23 11:15 2_filtering_reads
drwxr-xr-x 3 manager manager 4096 Aug 23 11:18 3_normalization
drwxr-xr-x 3 manager manager 4096 Aug 23 11:14 4_convert_Juice
drwxr-xr-x 3 manager manager 4096 Aug 23 11:12 5_detect_TADs
drwxr-xr-x 3 manager manager 4096 Aug 23 11:14 6_modeling_3D
drwxr-xr-x 4 manager manager 4096 Aug 23 11:17 data
drwxrwxr-x 2 manager manager 4096 Aug 23 10:06 Index
drwxrwxr-x 3 manager manager 4096 Aug 22 22:13 Ref
drwxrwxr-x 6 manager manager 4096 Aug 23 09:12 src
manager@bl8vbox[HiC]
```

- 1\_mapping\_read\_to\_genome
- 2\_filtering\_reads
- 3\_normalization
- 4\_convert\_Juice
- 5\_detect\_TADs
- 6\_modeling\_3D

解析のステップごとに、実行するpythonスクリプトが入ったディレクトリ（実行結果はそれぞれのResultsの中）

data

解析に使うfastqファイル

Index

ヒトゲノムのBowtie2インデックス

ref

ヒトゲノム配列（fasta）

src

使用したライブラリのソースコード

# うまく動かない、どうしても失敗する場合

各ステップのディレクトリの中に、それぞれ “Results” というディレクトリがあります。

その中に、そのステップで生成されるはずの正解データが入っているので、どうしても失敗する場合はそれをひとつ上の階層に mv していただければ、次のステップ以降の解析も続けられます。

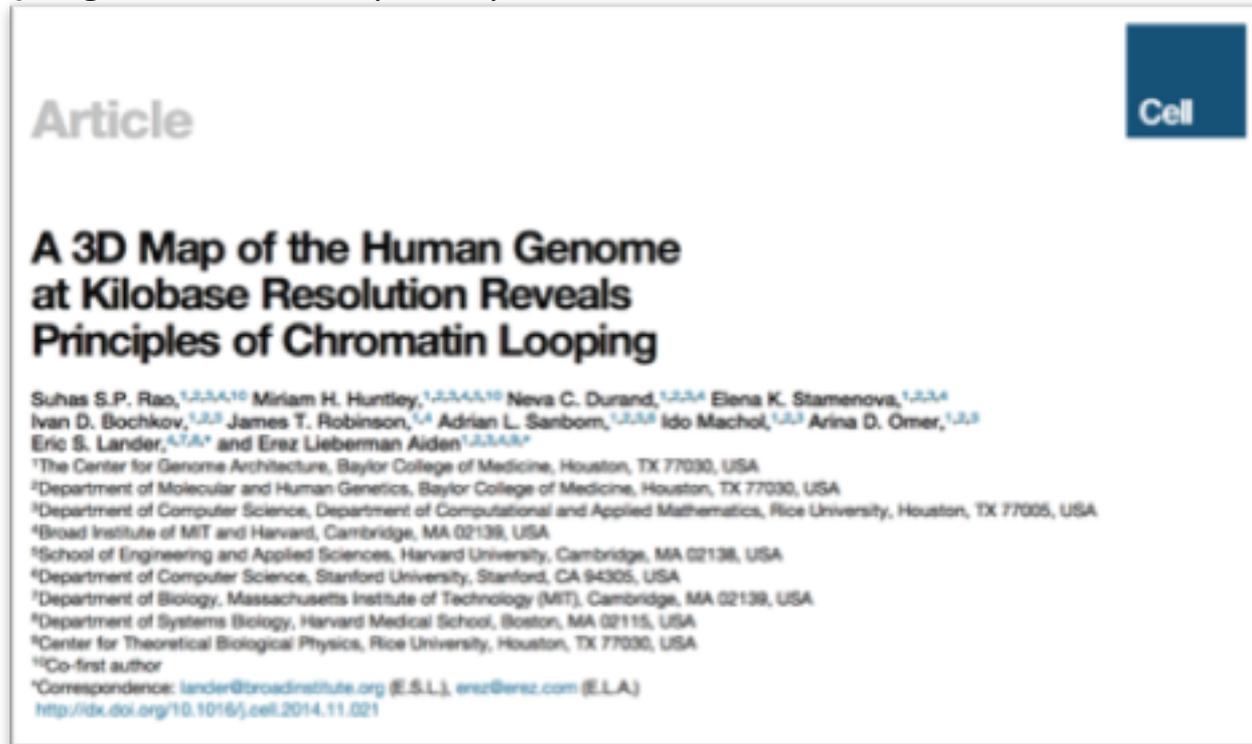
```
manager@bl8vbox[~/HiC]
manager@bl8vbox[HiC] ls -l 1_mapping_read_to_genome [ 4:19AM]
total 12
-rw-r--r-- 1 manager manager 951 Aug 23 06:18 mapping.py
-rw-r--r-- 1 manager manager 454 Aug 23 06:09 parse_results.py
drwxrwxr-x 2 manager manager 4096 Aug 23 11:16 Results
manager@bl8vbox[HiC] ls -l 1_mapping_read_to_genome/Results [ 4:22AM]
total 425048
-rw-rw-r-- 1 manager manager 435249141 Aug 23 11:04 mapped_reads.hdf5
manager@bl8vbox[HiC] █ [ 4:22AM]
```

# 実習で使用するデータ

In situ Hi-CでKilobase解像度に達したヒトHi-Cのランドマーク的な論文。  
100以上のサンプル、各サンプルあたり数億ペアエンド  
(1サンプルのfastqでも100GB近いファイルサイズ)

Rao, Suhas SP, et al.

"A 3D map of the human genome at kilobase resolution reveals principles of chromatin looping" *Cell* 159.7 (2014): 1665-1680.



# ~/HiC/data

今回は Rao, *et al.* 2014 の公開データの中の  
1 サンプル (Human B-Lymphocyte: GM12878) のみ、  
さらに1000万リードにダウンサンプリングしたデータを扱う。

```
$cd ~/HiC/data
```

```
$ls -l
```

すると、R1, R2 それぞれの fastq ファイルがある。

# ~/HiC/Ref

ヒトリファレンスゲノム (hg19)

<http://hgdownload.cse.ucsc.edu/downloads.html> からダウンロード  
染色体ごとのFASTAファイル

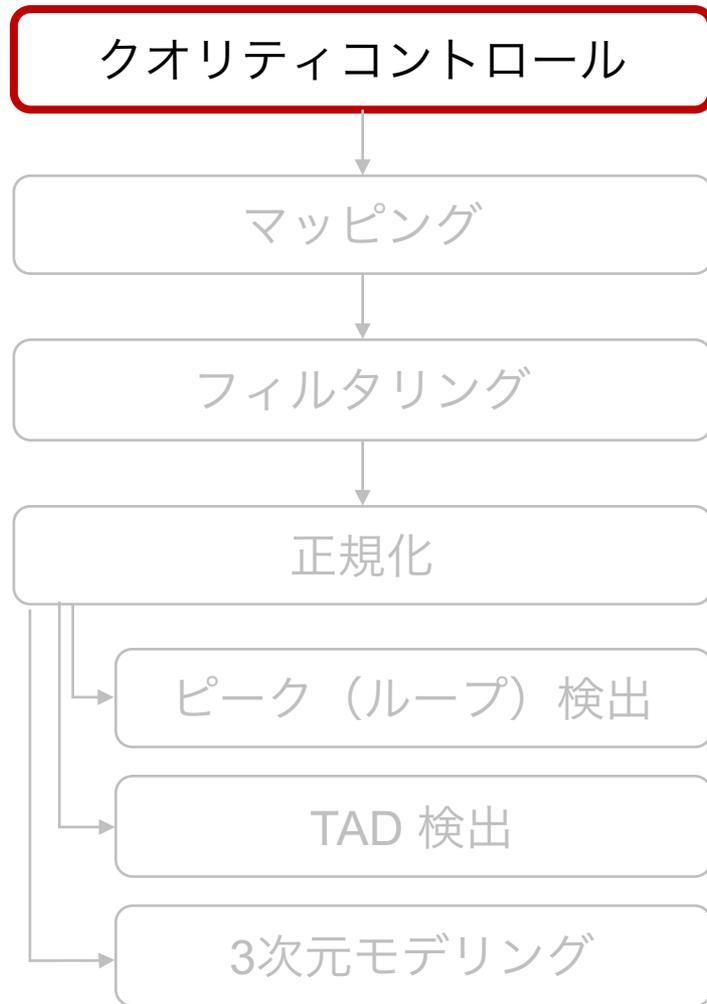
```
manager@bl8vbox[~/HiC]
manager@bl8vbox[HiC] ls -l ./Ref/hg19
total 3083696
-rw-rw-r-- 1 manager manager 138245449 Aug 22 19:57 chr10.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 137706654 Aug 22 19:58 chr11.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 136528940 Aug 22 19:58 chr12.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 117473283 Aug 22 20:00 chr13.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 109496538 Aug 22 20:00 chr14.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 104582027 Aug 22 20:00 chr15.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 92161856 Aug 22 20:00 chr16.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 82819122 Aug 22 20:00 chr17.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 79638800 Aug 23 07:22 chr18.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 60311570 Aug 22 20:01 chr19.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 254235640 Aug 22 19:48 chr1.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 64286038 Aug 22 20:01 chr20.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 49092500 Aug 22 20:01 chr21.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 52330665 Aug 22 20:01 chr22.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 248063367 Aug 22 19:49 chr2.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 201982885 Aug 22 19:50 chr3.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 194977368 Aug 22 19:50 chr4.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 184533572 Aug 22 19:53 chr5.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 174537375 Aug 22 19:53 chr6.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 162321443 Aug 22 19:54 chr7.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 149291309 Aug 22 19:55 chr8.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 144037706 Aug 22 19:55 chr9.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 16909 Aug 22 20:02 chrM.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 158375978 Aug 22 20:02 chrX.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 60561044 Aug 22 20:02 chrY.fa
-rw-rw-r-- 1 manager manager 23222 Aug 22 22:13 gap.txt
drwxrwxr-x 3 manager manager 4096 Aug 23 07:13 joblib
```

# ~/HiC/Index

~/HiC/Ref のヒトリファレンスゲノム (hg19) を  
bowtie2-build したもの (Bowtie2のインデックスファイル)

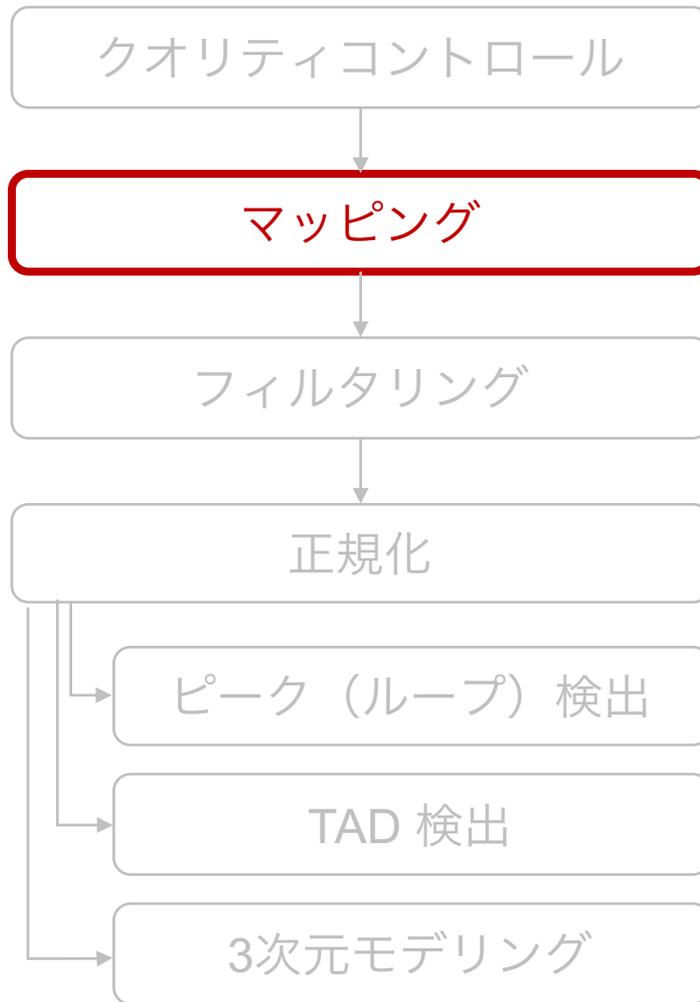
```
manager@bl8vbox[~/HiC]
manager@bl8vbox[HiC] ls -l ./Index
total 3966796
-rw-rw-r-- 1 manager manager 957980027 Aug 23 09:04 hg19.1.bt2
-rw-rw-r-- 1 manager manager 715335932 Aug 23 09:04 hg19.2.bt2
-rw-rw-r-- 1 manager manager      3284 Aug 23 08:05 hg19.3.bt2
-rw-rw-r-- 1 manager manager 715335926 Aug 23 08:05 hg19.4.bt2
-rw-rw-r-- 1 manager manager 957980027 Aug 23 09:54 hg19.rev.1.bt2
-rw-rw-r-- 1 manager manager 715335932 Aug 23 09:54 hg19.rev.2.bt2
```

# Hi-C解析の流れ



Trimmomatic などを使用して  
アダプター除去、低クオリティ除去など  
今回は省略

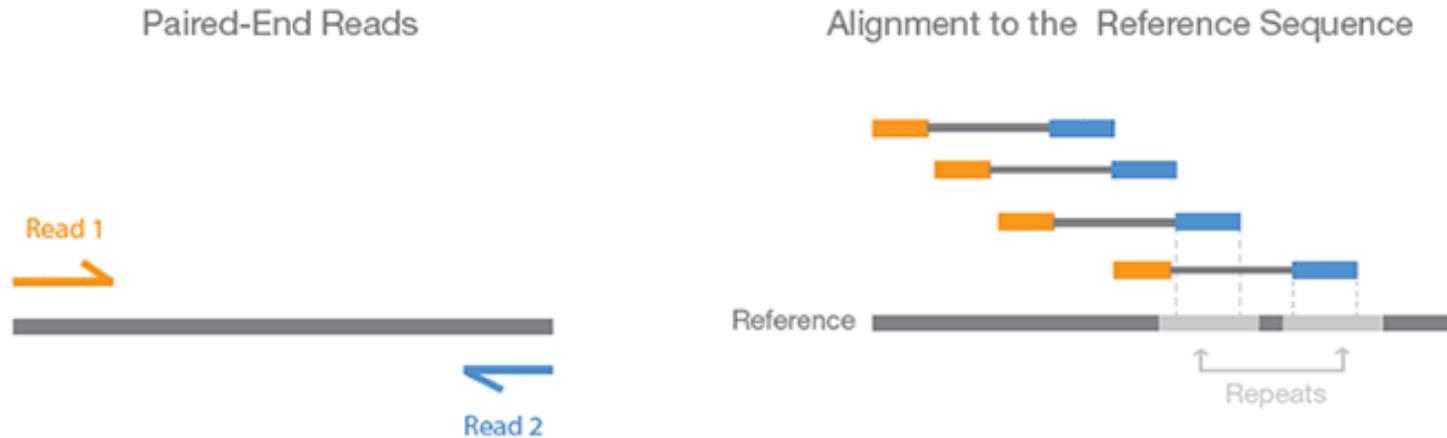
# Hi-C解析の流れ



`$cd ~/HiC/1_mapping_read_to_genome`

# Illuminaのペアエンドシーケンス

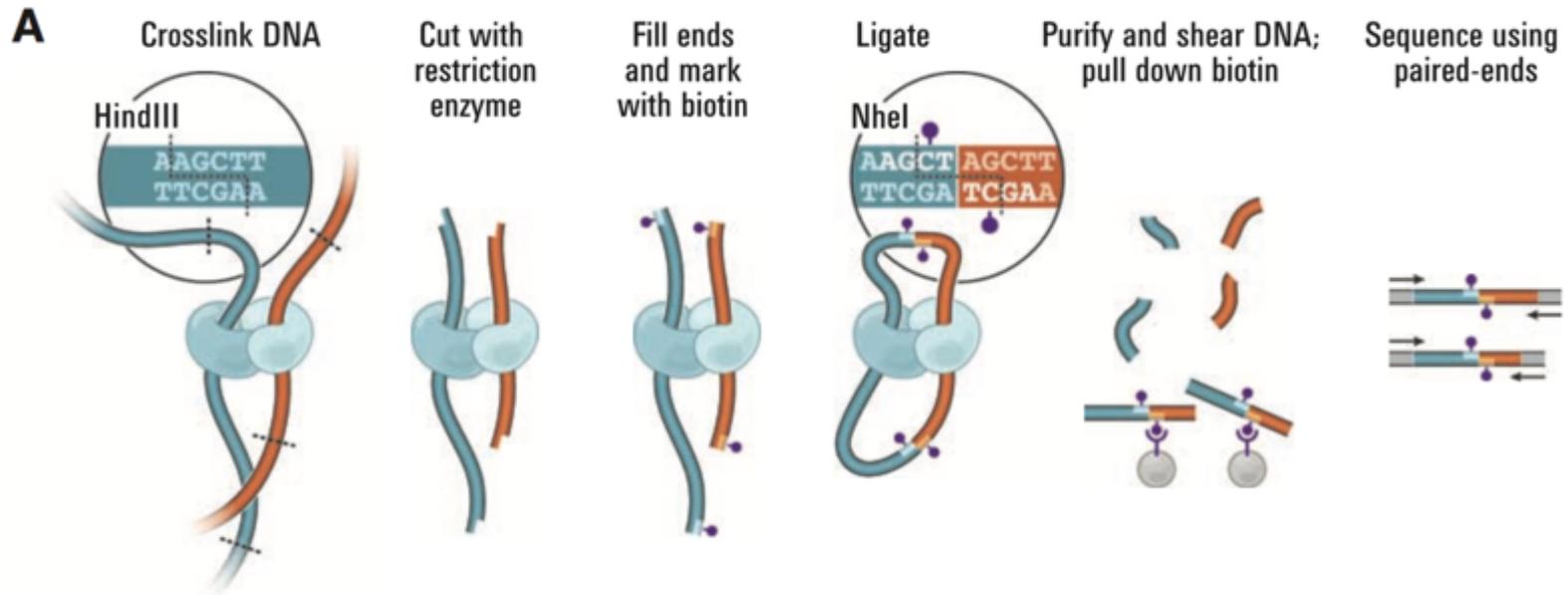
Figure 4. Paired-End Sequencing and Alignment



Paired-end sequencing enables both ends of the DNA fragment to be sequenced. Because the distance between each paired read is known, alignment algorithms can use this information to map the reads over repetitive regions more precisely. This results in much better alignment of the reads, especially across difficult-to-sequence, repetitive regions of the genome.

<http://assets.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/images/technology/paired-end-sequencing-figure.gif>

# Hi-Cリードの特徴



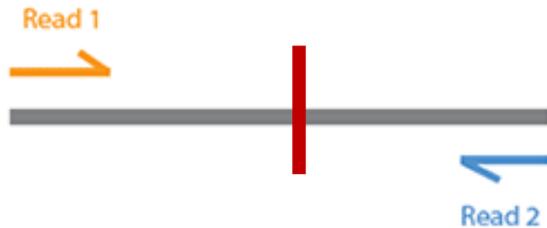
Lieberman-Aiden, Erez, et al.

"Comprehensive mapping of long-range interactions reveals

folding principles of the human genome." *Science* 326.5950 (2009): 289-293.

# Hi-Cライブラリの特徴

ライゲーションジャンクションは、インサートのどこにでも生じうる



...R1, R2 それぞれ、リード全体がマッピング可能



...R1がキメラリードとなっている



...R2がキメラリードとなっている

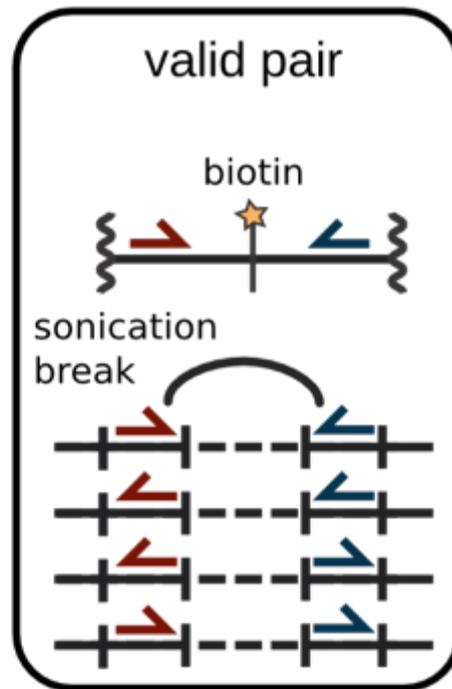
# Hi-Cリードマッピングの際の注意点

1. キメラリードを考慮する
2. ペアのマッピング方向や、インサートサイズを仮定するようなマッピングはしない

=> R1, R2 それぞれ個別に、キメラを考慮しつつマッピングする

Hi-C molecule

Position and  
direction of  
mapped  
read pairs



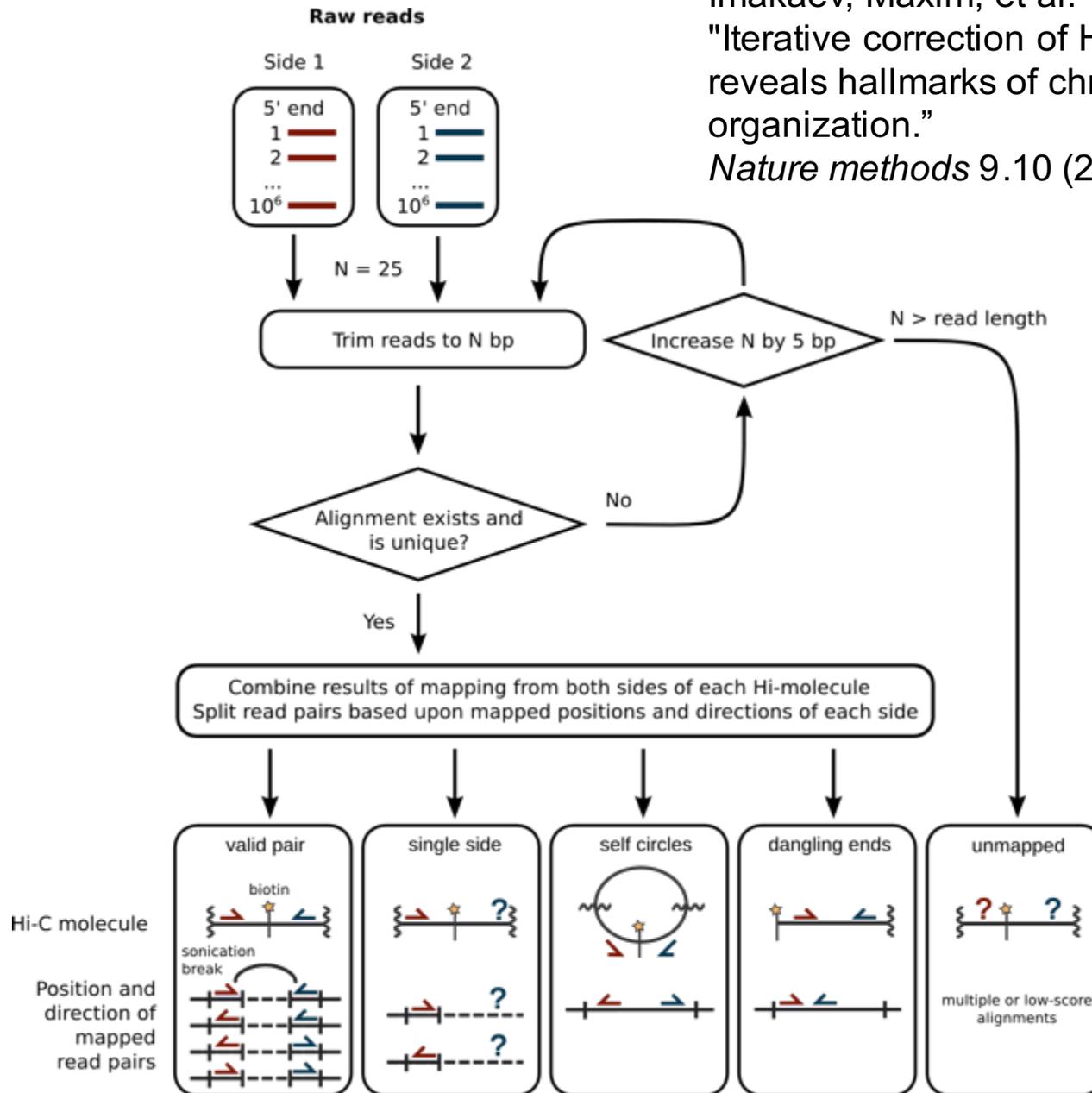
Imakaev, Maxim, et al.  
"Iterative correction of Hi-C data  
reveals hallmarks of chromosome  
organization."  
*Nature methods* 9.10 (2012): 999-1003.

# マッピング戦略

1. R1, R2 個別にマッピングし、マッピング結果をパースして一対一の座標ペア情報にまとめる。  
R1, R2のマッピングのパターンは以下の3通り
  - I. R1, R2それぞれリード全体がマップされる  
それぞれのマッピング位置間でコンタクトがあった、とみなして座標ペア情報を記録する。
  - II. どちらかがキメラ
    - a. 一方がLocusA, LocusBのキメラ、もう一方がLocusB周辺の場合は、Locus A – B 間でコンタクトがあった、とみなして座標ペア情報を記録
    - b. 上記以外。破棄する。
  - III. 両方キメラ  
破棄する。
  
2. Iterative alignment method (今回はこっちの手法)

# Iterative alignment method

Imakaev, Maxim, et al.  
 "Iterative correction of Hi-C data reveals hallmarks of chromosome organization."  
*Nature methods* 9.10 (2012): 999-1003.



# \$less mapping.py

```
#!/usr/bin/env python

import os
import logging
from hiclib import mapping
from mirnylib import h5dict, genome

Documentation
logging.basicConfig(level=logging.DEBUG)

if not os.path.exists('../data/tmp'):
    os.mkdir('../data/tmp')

# Map the reads iteratively.
mapping.iterative_mapping(
    bowtie_path='/usr/bin/bowtie2',
    bowtie_index_path='../Index/hg19',
    fastq_path='../data/SRR1658595_10M_1.fastq',
    out_sam_path='../data/SRR1658595_10M_1.bam',
    min_seq_len=25,
    len_step=5,
    seq_start=0,
    seq_end=35,
    nthreads=2,
    temp_dir='../data/tmp',
    bowtie_flags='--very-sensitive')

mapping.iterative_mapping(
    bowtie_path='/usr/bin/bowtie2',
    bowtie_index_path='../Index/hg19',
    fastq_path='../data/SRR1658595_10M_2.fastq',
    out_sam_path='../data/SRR1658595_10M_2.bam',
    min_seq_len=25,
    len_step=5,
    seq_start=0,
    seq_end=35,
    nthreads=2,
    temp_dir='../data/tmp',
    bowtie_flags='--very-sensitive')
```

R1をマッピング

R2をマッピング

```
# Map the reads iteratively.
```

```
mapping.iterative_mapping(
```

```
    bowtie_path='/usr/bin/bowtie2',
```

```
    bowtie_index_path='../Index/hg19',
```

```
    fastq_path='../data/SRR1658595_10M_1.fastq',
```

```
    out_sam_path='../data/SRR1658595_10M_1.bam',
```

```
    min_seq_len=25,
```

```
    len_step=5,
```

```
    seq_start=0,
```

```
    seq_end=35,
```

```
    nthreads=2,
```

```
    temp_dir='../data/tmp',
```

```
    bowtie_flags='--very-sensitive')
```

初期ステップのトリミング長

次ステップで何bp延長するか

今回は、時間の関係上35bpまでで打ち切り。本当はリード全長に達するまでやる。

# \$python mapping.py

```
manager@bl8vbox[1_mapping_read_to_genome] python mapping.py [12:14AM]
hello from new mapping
INFO:hiclib.mapping:Using new argument: max_len = 9999
/usr/bin/samtools
INFO:hiclib.mapping:The length of whole sequences in the file: 101
INFO:hiclib.mapping:Reading command: cat /home/manager/HiC/data/SRR1658595_10M_
.fastq
INFO:hiclib.mapping:Mapping command: /usr/bin/bowtie2 -x /home/manager/HiC/Inde
/hg19 -q - -5 0 -3 76 -p 2 --very-sensitive
INFO:hiclib.mapping:Output editing command: awk {OFS="\t"; if ($1 ~ !/^@/) { $1
="A"; $11="g"; if ($3 ~ /\*/) $6="*"; else $6="1M"; } print}
INFO:hiclib.mapping:Output formatting command: samtools view -bS -
[samopen] SAM header is present: 25 sequences.
10000000 reads; of these:
  10000000 (100.00%) were unpaired; of these:
    454775 (4.55%) aligned 0 times
    6009135 (60.09%) aligned exactly 1 time
    3536090 (35.36%) aligned >1 times
95.45% overall alignment rate
INFO:hiclib.mapping:Save the unique alignments and send the non-unique ones to th
e next iteration
/home/manager/HiC/src/mirnylib-mirnylib-a7ba48a06b92/mirnylib/systemutils.py:45
UserWarning: Please install 'pigz' parallel gzip for faster speed
warnings.warn("Please install 'pigz' parallel gzip for faster speed")
INFO:mirnylib.systemutils:Writer created with command "[u'gzip', u'-c', u'-1']"
INFO:hiclib.mapping:4023426 non-unique reads out of 10000000 are sent the next
iteration.
INFO:hiclib.mapping:Using new argument: max_len = 9999
/usr/bin/samtools
/bin/gunzip
INFO:hiclib.mapping:The length of whole sequences in the file: 101
INFO:hiclib.mapping:Reading command: gunzip -c /home/manager/HiC/data/tmp/SRR16
8595_10M_1.fastq.25.fastq.gz
INFO:hiclib.mapping:Mapping command: /usr/bin/bowtie2 -x /home/manager/HiC/Inde
/hg19 -q - -5 0 -3 71 -p 2 --very-sensitive
INFO:hiclib.mapping:Output editing command: awk {OFS="\t"; if ($1 ~ !/^@/) { $1
="A"; $11="g"; if ($3 ~ /\*/) $6="*"; else $6="1M"; } print}
INFO:hiclib.mapping:Output formatting command: samtools view -bS -
[samopen] SAM header is present: 25 sequences.
```

第一ラウンドBowtie2結果

第二ラウンドBowtie2結果

# 結果

\$ls -l ../data

```
manager@bl8vbox[1_mapping_read_to_genome] ls -l ../data [ 1:17AM]
total 6383416
drwxrwxr-x 2 manager manager      4096 Aug 23 11:17 Results
-rw-rw-r-- 1 manager manager 187913831 Aug 30 00:27 SRR1658595_10M_1.bam.25
-rw-rw-r-- 1 manager manager  76492558 Aug 30 00:36 SRR1658595_10M_1.bam.30
-rw-rw-r-- 1 manager manager  71634155 Aug 30 00:45 SRR1658595_10M_1.bam.35
-rw-r--r-- 1 manager manager 2929472122 Aug 23 06:06 SRR1658595_10M_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 manager manager  186074628 Aug 30 00:57 SRR1658595_10M_2.bam.25
-rw-rw-r-- 1 manager manager   80347350 Aug 30 01:05 SRR1658595_10M_2.bam.30
-rw-rw-r-- 1 manager manager   75173151 Aug 30 01:15 SRR1658595_10M_2.bam.35
-rw-r--r-- 1 manager manager 2929472122 Aug 23 06:06 SRR1658595_10M_2.fastq
drwxr-xr-x 2 manager manager      4096 Aug 30 01:15 tmp
```

# 個別にマッピングした結果を統合する

## \$less parse\_results.py

```
#!/usr/bin/env python

import logging
from hiclib import mapping
from mirnylib import h5dict, genome
    Bio-Linux
logging.basicConfig(level=logging.DEBUG)

mapped_reads = h5dict.h5dict('./mapped_reads.hdf5')
genome_db = genome.Genome('./Ref/hg19', readChrms=['#', 'X'])

mapping.parse_sam(
    sam_basename1='./data/SRR1658595_10M_1.bam',
    sam_basename2='./data/SRR1658595_10M_2.bam',
    out_dict=mapped_reads,
    genome_db=genome_db,
    enzyme_name='MboI')
```

統合結果を出力するファイル  
(HDF5形式)

ゲノムオブジェクト  
のロード。どの染色体  
を使うかを指定。

ゲノムの制限酵素消化断片にマッピングされたリードを  
アサインするため、実験で用いた制限酵素を指定する。  
指定できる制限酵素は、BiopythonのRestrictionクラス

# 個別にマッピングした結果を統合する

```
$python parse_results.py
```

```
$ls -l
```

```
manager@bl8vbox[1_mapping_read_to_genome] ls -l [ 1:26AM]
total 425060
-rw-rw-r-- 1 manager manager 435249141 Aug 30 01:26 mapped_reads.hdf5
-rw-r--r-- 1 manager manager 951 Aug 23 06:18 mapping.py
-rw-r--r-- 1 manager manager 454 Aug 23 06:09 parse_results.py
drwxrwxr-x 2 manager manager 4096 Aug_23 11:16 Results
```

HDF5はバイナリファイルなので、中身を見たい場合はHDFViewなどのツールを使うか、pythonのHDF5モジュールなどで開く。  
少なくともどちらかのリードがマッピングされたペアについて、座標情報などが格納されている。

# Hi-C解析の流れ

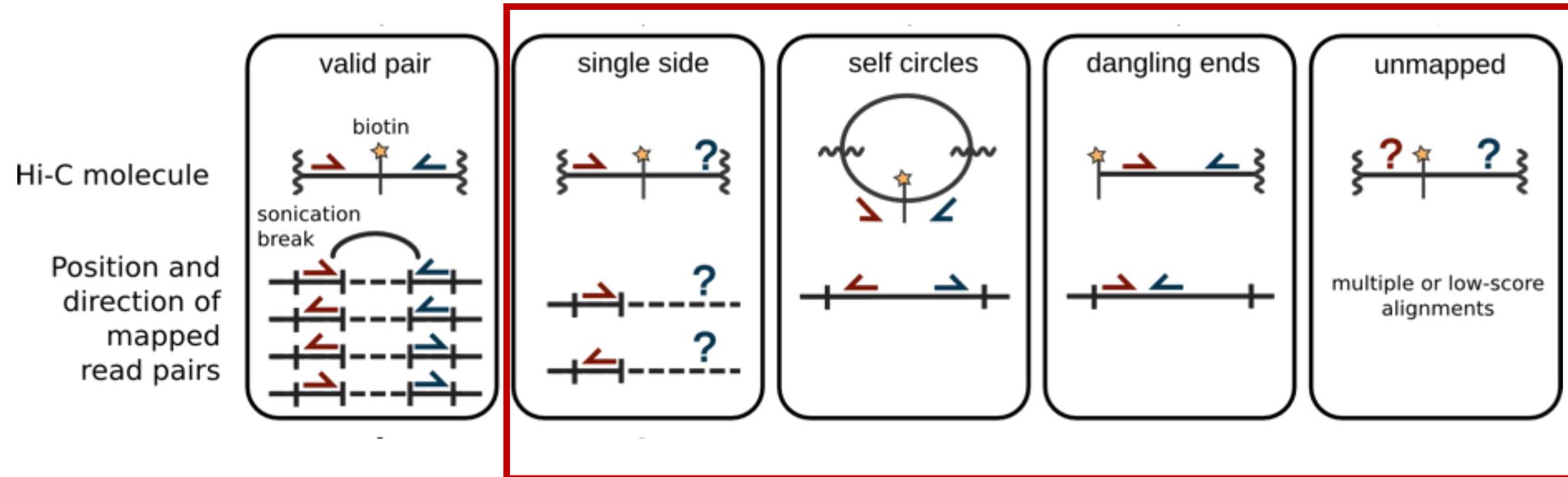


`$cd ~/HiC/2_filtering_reads`

# マッピングされたペア情報のフィルタリング

R1, R2 がマッピングされたすべてのペアが、Hi-Cとしての妥当な情報を持つわけではない。

以下のようなパターンでマッピングされたペアは「コンタクト」の情報を持たないため除去する。



Imakaev, Maxim, et al.

"Iterative correction of Hi-C data reveals hallmarks of chromosome organization."

*Nature methods* 9.10 (2012): 999-1003.

# \$less filtering.py

```
#!/usr/bin/env python

from mirnylib import genome
from hiclib import fragmentHiC

genome_db = genome.Genome('../Ref/hg19', readChrms=['#', 'X'])
genome_db.setEnzyme('MboI')

fragments = fragmentHiC.HiCdataset(
    filename='./fragment_dataset.hdf5',
    genome=genome_db,
    maximumMoleculeLength=500,
    mode='w')

fragments.parseInputData(
    dictLike='../1_mapping_read_to_genome/mapped_reads.ndfs')

fragments.filterRsiteStart(offset=5)
fragments.filterDuplicates()

fragments.filterLarge()
fragments.filterExtreme(cutH=0.005, cutL=0)

fragments.saveHeatmap('./heatmap-res-1M.hdf5', resolution=1000000)
fragments.printMetadata(saveTo='./statistics.txt')
```

ゲノムデータのロード

出力ファイルの指定  
maximumMoleculeLengthは、イ  
ミナライブラリの断片長の情報から  
設定（今回の実験では400bp）  
隣接した制限断片が再びライゲー  
ションした場合のペアを除去するた  
めに使う

さきほど作ったHDF5ファイ  
ルのロード

# \$less filtering.py

```
#!/usr/bin/env python

from mirnylib import genome
from hiclib import fragmentHiC

genome_db = genome.Genome('../Ref/hg38')
genome_db.setEnzyme('MboI')

fragments = fragmentHiC.HiCdataset(
    filename='./fragment_dataset.hdf5',
    genome=genome_db,
    maximumMoleculeLength=500,
    mode='w')

fragments.parseInputData(
    dictLike='../1_mapping_read_to_...')

fragments.filterRsiteStart(offset=5)
fragments.filterDuplicates()

fragments.filterLarge()
fragments.filterExtreme(cutH=0.005, cutL=0)

fragments.saveHeatmap('./heatmap-res-1M.hdf5', resolution=1000000)
fragments.printMetadata(saveTo='./statistics.txt')
```

追加で行うフィルタリング

filterRsiteStart():

おそらくライゲーションに失敗したDNA断片

filterDuplicates():

ペアのどちらも同一の座標にマッピングされる2つのペアはPCR duplicateの可能性が非常に高いため、除去する

filterLarge():

10<sup>5</sup>bp以上の制限断片にマップされるペアを除去。(リピート領域など、アセンブル精度が低い領域)

filterExtreme():

マップされるリード数がトップ0.5%の制限断片を除去。アーティファクトの可能性が高い(元論文参照)

# \$less filtering.py

```
#!/usr/bin/env python

from mirnylib import genome
from hiclib import fragmentHiC

genome_db = genome.Genome('../Ref
genome_db.setEnzyme('MboI')

fragments = fragmentHiC.HiCdataset(
    filename='./fragment_dataset.
    genome=genome_db,
    maximumMoleculeLength=500,
    mode='w')

fragments.parseInputData(
    dictLike='../1_mapping_read_t

fragments.filterRsiteStart(offset
fragments.filterDuplicates()

fragments.filterLarge()
fragments.filterExtreme(cutH=0.005, cutL=0)

fragments.saveHeatmap('./heatmap-res-1M.hdf5', resolution=1000000)
fragments.printMetadata(saveTo='./statistics.txt')
```

ゲノムを1MbpごとのBinに分割。  
各制限断片上のマッピングされたリード数の情報から、raw read countのコンタクトマップ（ゲノム対称行列）としてデータをまとめる。

1Mbpで分割する場合、ヒトゲノムなら約3,000 × 約3,000 のサイズのマップとなる。

Binサイズの決定に定量的な基準はない。引き出したい生物学的解釈によって適切に決めるしかない。

（「高品質」なコンタクトマップの基準としてたとえば：マトリックス内の90%以上の値が非ゼロであること、かつ、80%以上で1000以上のコンタクトがあること）

# フィルタリングを実行する

```
$python filtering.py
```

```
$ls -l
```

```
manager@bl8vbox[2_filtering_reads] ls -l [ 2:10AM]
total 71848
-rw-r--r-- 1 manager manager 661 Aug 23 07:32 filtering.py
-rw-rw-r-- 1 manager manager 68259820 Aug 30 01:37 fragment_dataset.hdf5
-rw-rw-r-- 1 manager manager 5298133 Aug 30 01:37 heatmap-res-1M.hdf5
drwxrwxr-x 2 manager manager 4096 Aug 23 11:15 Results
-rw-rw-r-- 1 manager manager 582 Aug 30 01:37 statistics.txt
```

# フィルタリングの結果を見る

```
$less ./statistics.txt
```

```
010_MappedSide1: 6465654
020_MappedSide2: 6157970
100_TotalReads: 8361390
    150_ReadsWithoutUnusedChromosomes: 8361390
        152_removedUnusedChromosomes: 0
200_totalDSReads: 4262234
    201_DS+SS: 8361390
    202_SSReadsRemoved: 4099156
    210_sameFragmentReadsRemoved: 282673
        212_Self-Circles: 2527
        214_DanglingEnds: 269690
        216_error: 10456
    220_extraDanglingEndsRemoved: 214820
300_ValidPairs: 3764741
    310_startNearRsiteRemoved: 330988
    320_duplicatesRemoved: 3521
    340_removedLargeSmallFragments: 166480
    350_removedFromExtremeFragments: 98211
```

# Hi-C解析の流れ



`$cd ~/HiC/3_normalization`

# データ正規化の必要性

1. サンプル間で比較する場合、サンプルごとにライブラリサイズが異なる。マッピングされたリードの数（サンプルのクオリティ）も異なる。

2. ゲノムの領域ごと、さらには領域間によっても、コンタクトが観測される確率が異なる

Hi-C実験は様々なバイアスの影響で、ある領域間のペアが観測されやすかったりされにくかったりする。

- I. 制限酵素断片の長さ。両方とも長い断片の場合、両方とも短い場合、あるいは長い断片と短い断片のペアはライゲーションが起きにくい。共に中間的な長さの場合にLigationされやすい。
- II. 制限酵素断片のGC含量。シーケンシングのバイアス（読み取られやすさ）にばらつきがある。
- III. Mappability. マッピングされるリードのゲノム中での「ユニークさ」。その領域がゲノム上でユニークな塩基配列であるかに依存する。

他の実験ではどうやって正規化しているか？

ChIP-seq: INPUTのデータで割り算

RNA-seq: そもそも1サンプル単独で評価しない。サンプル間の比較。

Hi-C実験にはコントロールがないことが問題。

# Hi-C正規化の方法

## 1. Explicitにバイアスを仮定する手法

制限酵素断片長、GC含量、マッピングリティなど、バイアスを列挙（それぞれゲノム配列のみから計算可能）、領域ペアの観測確率をそれらのバイアスすべてをパラメータとした確率モデル（ポアソン、負の二項分布など）で表現し、観測値からバイアスパラメータを学習する。

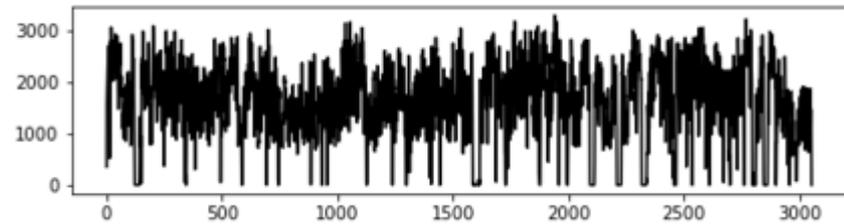
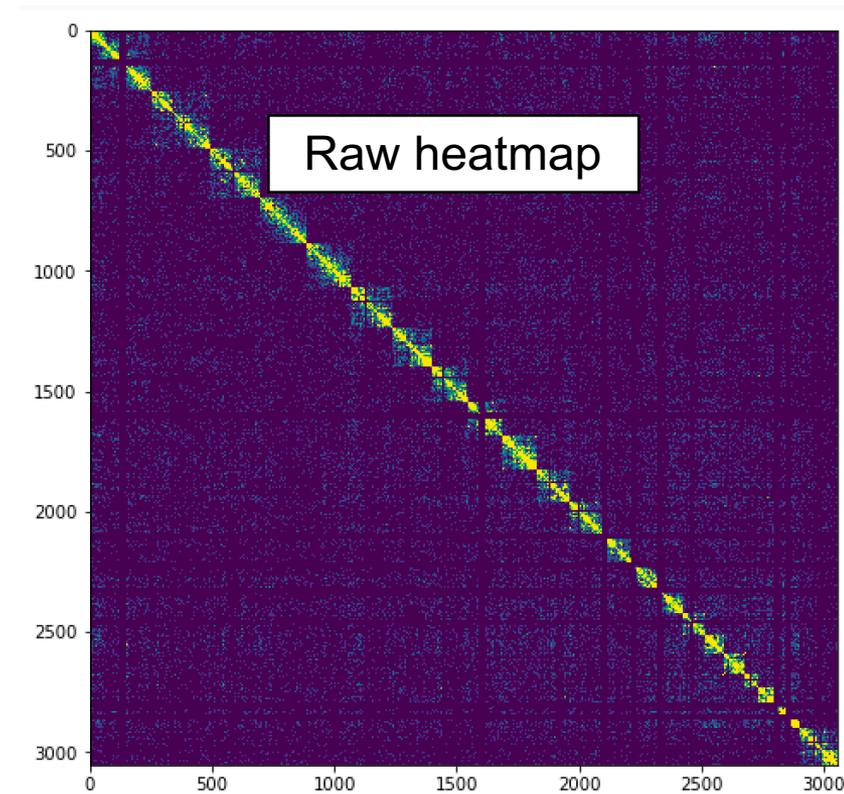
Yaffe and Tanay 2011、HiCNormなど

## 2. Implicitにバイアスを仮定する手法

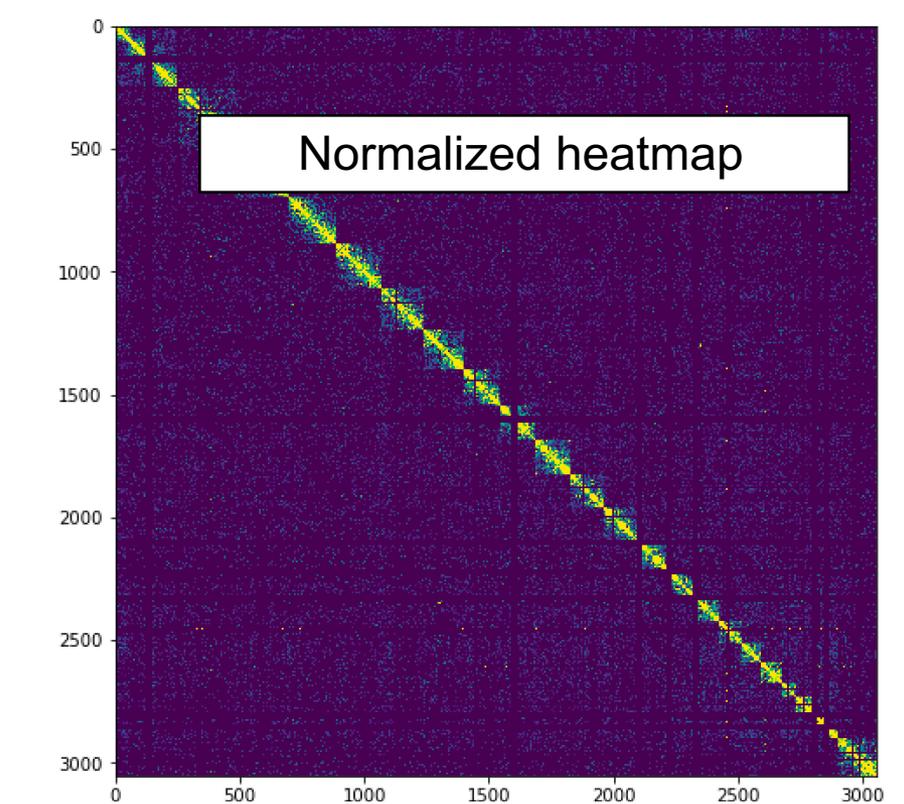
こちらの方が広く使われている。

Vanilla coverage, ICE, Knight and Ruiz 2012など

理想的な（正規化された）コンタクトマップでは、ゲノム上のカバレッジが一定

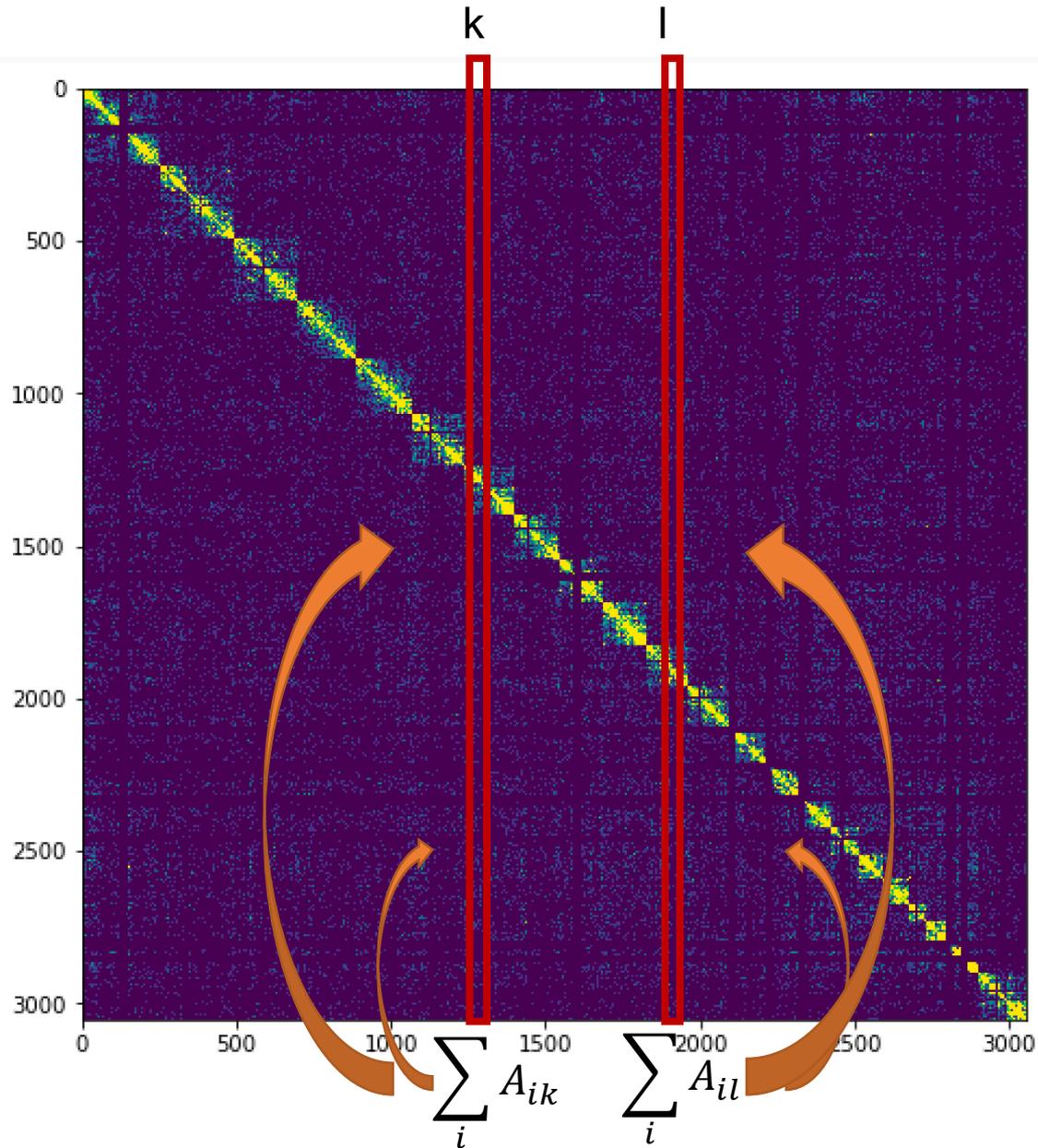


Raw coverage

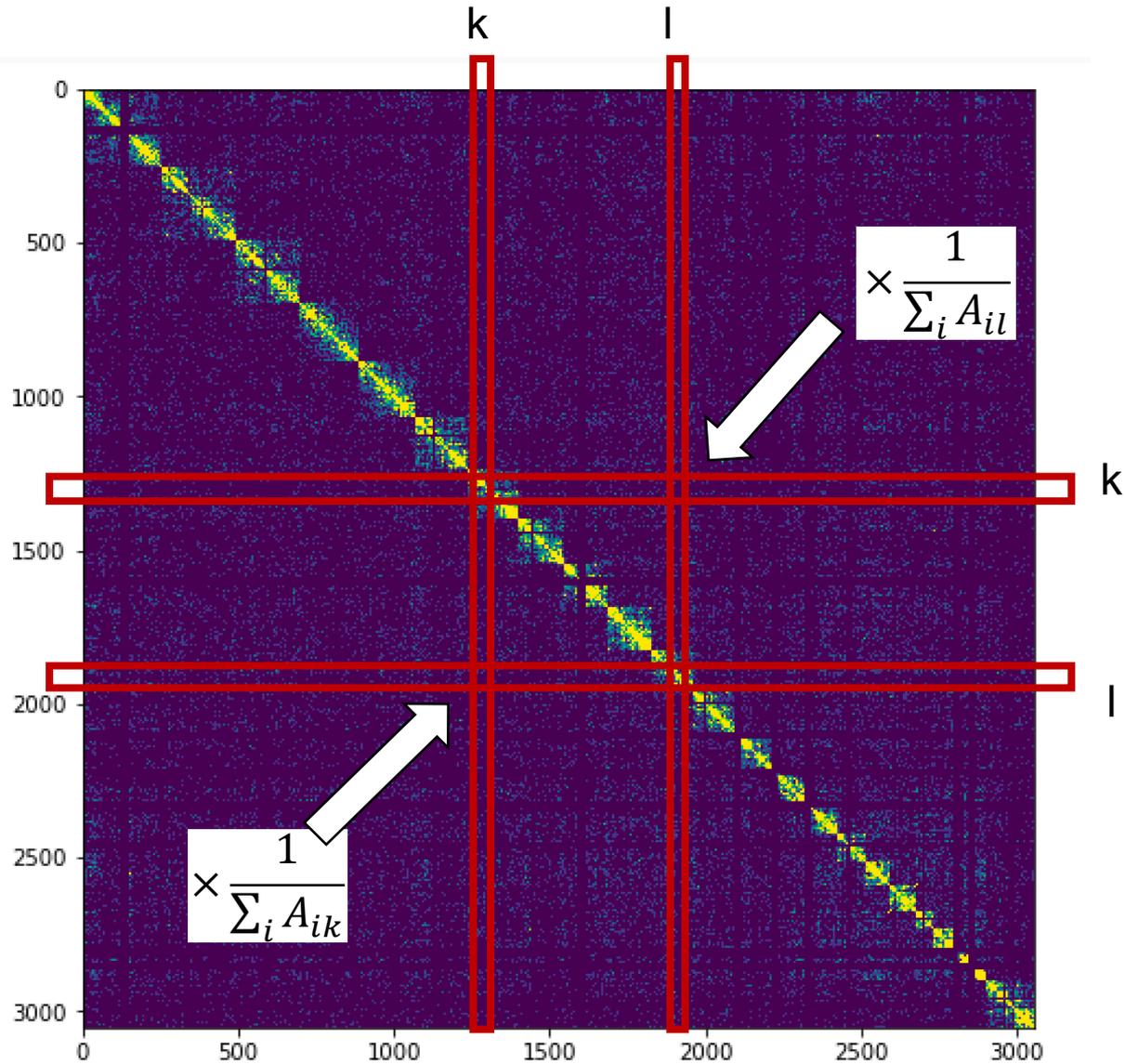


Corrected coverage

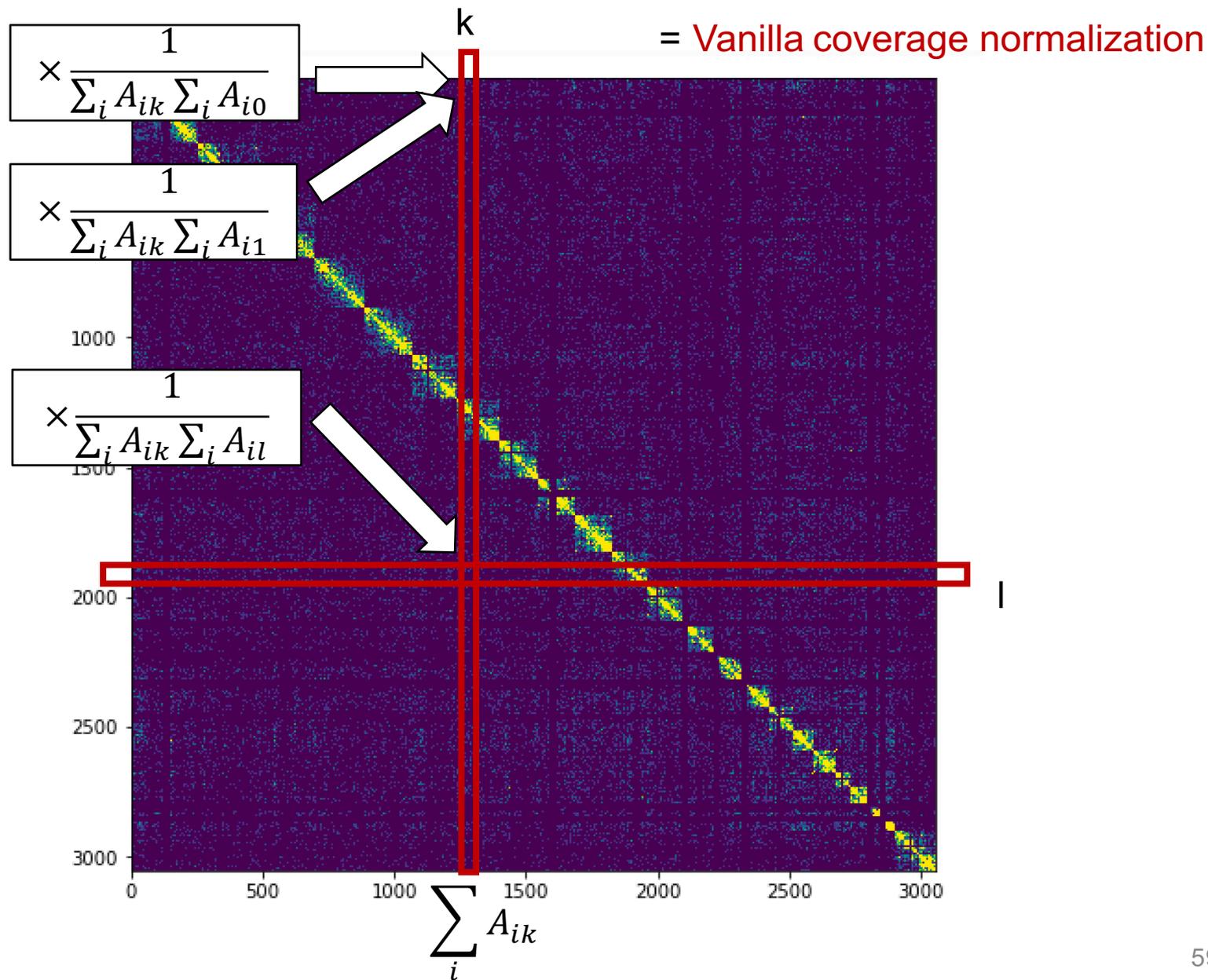
各列の和を計算して割り算すると...



# 行列の対称性が崩れてしまう



そこで、行の和と列の和の積で割り算する

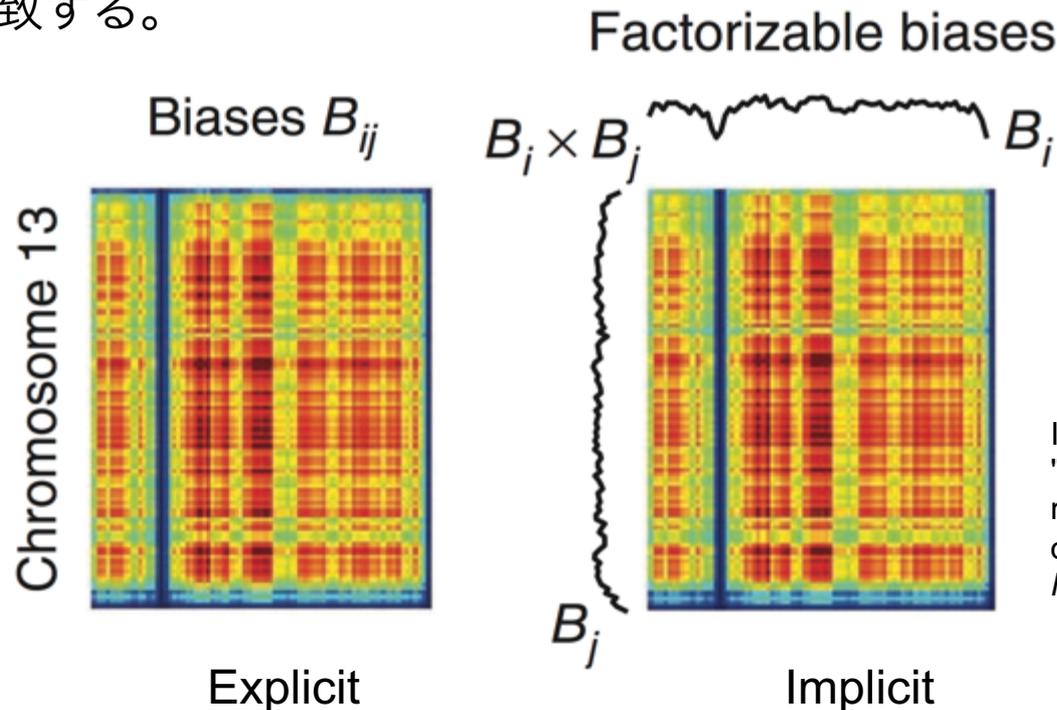


# Vanilla coverage normalizationの仮定

領域  $i$  と領域  $j$  のペアを観測する際のバイアスは、領域  $i$  のバイアスと、領域  $j$  のバイアスの積に比例する。つまり、それぞれのバイアスが観測に独立に影響する、と仮定している。

各領域のバイアスは、GC含量やマップビリティなど、様々な要因が重なった結果として生じる複合的なバイアス (implicit bias)

強い仮定であるが、Explicit バイアスを仮定して推定した結果ときわめてよく一致する。



Imakaev, Maxim, et al.  
"Iterative correction of Hi-C data reveals hallmarks of chromosome organization."  
*Nature methods* 9.10 (2012): 999-1003.

# Iterative correction (ICE method)

単独の Vanilla coverage normalizationは補正が強すぎる。  
(和が非常に小さい列では、割り算結果が爆発する)

⇒ Vanilla coverage normalization を何回も適用し、行列全体が収束するまで計算する

このような行列の補正手法は、“matrix balancing”と呼ばれ、歴史的に何度も再発明されてきた。

ICEと同様の matrix balancing 手法だが、より収束の早いKnight and Ruiz 2012もよく使われる。

# \$less normalize.py

```
#!/usr/bin/env python

import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np

from mirnylib import genome
from mirnylib import h5dict
from mirnylib import plotting
from hiclib import binnedData

genome_db = genome.Genome('../Ref/hg19')

raw_heatmap = h5dict.h5dict('../2_filtering_reads/heatmap-res-1M.hdf5', mode='r')
resolution = int(raw_heatmap['resolution'])

BD = binnedData.binnedData(resolution,
BD.simpleLoad('../2_filtering_reads/heatmap-res-1M.hdf5', 'Rao2014_10M')

#BD.removeDiagonal()
BD.removeBySequencedCount(0.5)
BD.removePoorRegions(cutoff=1)
BD.truncTrans(high=0.0005)
BD.iterativeCorrectWithoutSS()

BD.export('Rao2014_10M', './IC-heatmap-res-1M.hdf5')

fig = plt.figure()
plotting.plot_matrix(np.log(BD.dataDict['Rao2014_10M']+1.0))
fig.savefig('./heatmap.pdf')
```

ゲノムデータのロード

Raw read count コンタクトマップ  
のロード

正規化に悪影響を与える可能性の  
あるBinを除去する。

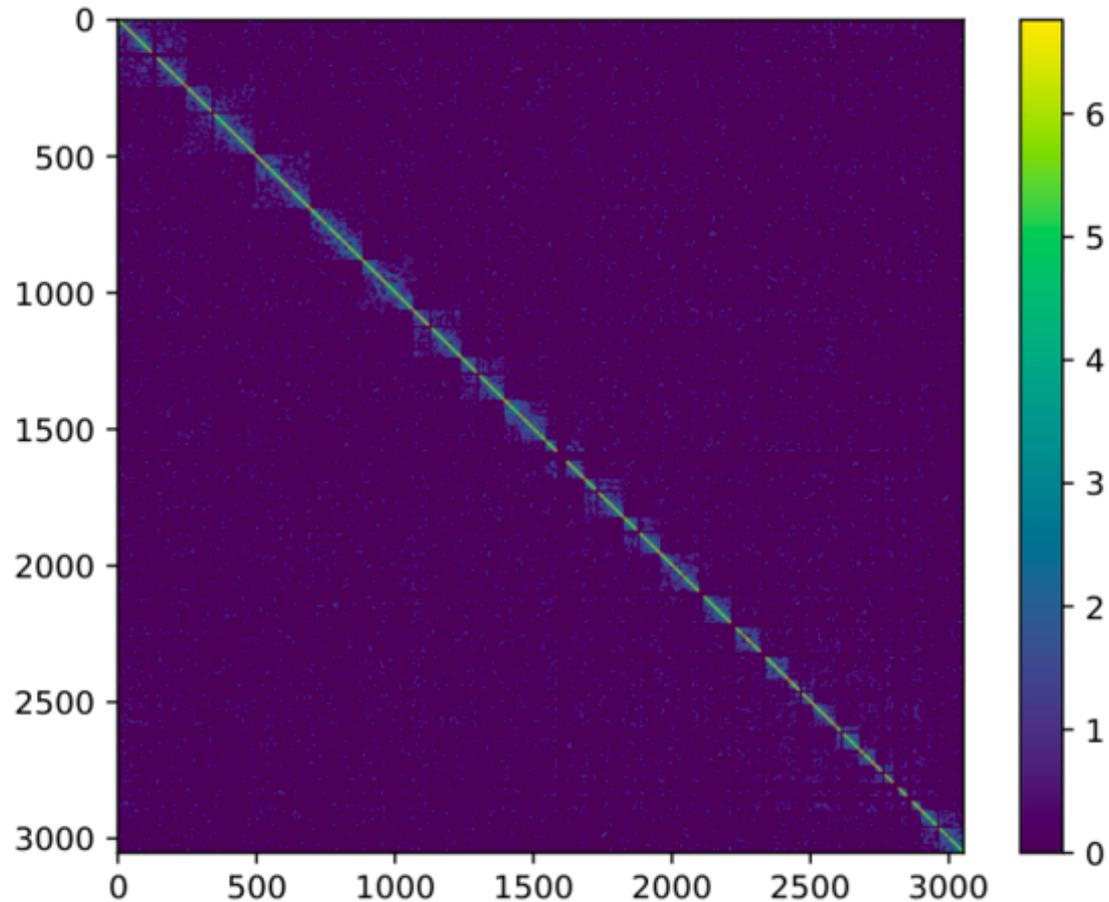
ICE正規化

正規化後のコンタクト  
マップを出力

正規化を実行

`$python normalize.py`

以下のような結果ファイル (heatmap.pdf) ができているはず。



あとでTAD検出、3Dモデリングに使用するため、  
19番染色体の領域だけ切り出しておく。

```
$python submatrix.py
```

```
$less norm_mat.txt
```

# JuiceBox で、コンタクトマップをインタラクティブに可視化して見る。

JuiceBoxは、独自形式で保存されたコンタクトマップデータを可視化するので、ここまでの実習で生成したデータをJuiceBoxの形式に変換する必要がある。

全ゲノムを見るのはメモリの的にきついで、ここでは一番染色体だけ見る

```
$cd ~/4_convert_Juice
```

```
$less convert_to_JuiceText.py
```

```
$python convert_to_JuiceText.py
```

```
$less ./forJuice.txt
```

```
$./convert_to_JuiceHiC.sh
```

以上で、test.hic というバイナリファイル（Juice形式のコンタクトマップを格納したファイル）ができています。

# JuiceBoxの実行

```
./execute_Juicebox.sh
```

File => Open => Local

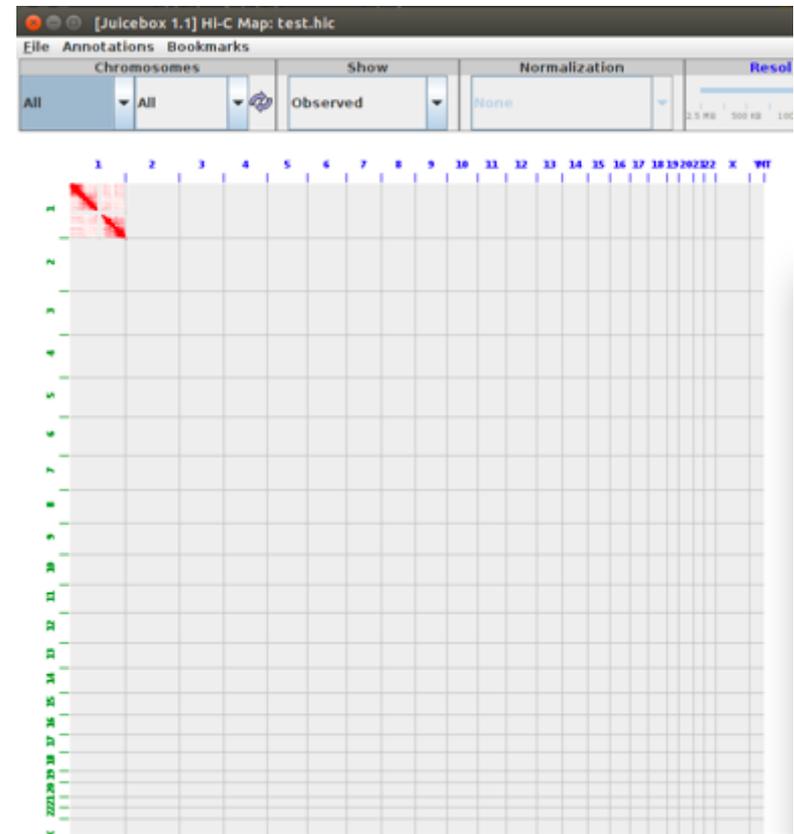
から、いま作成した test.hic を開く。

Chromosomesで拡大。

Annotationsから

ENCODEデータとの比較

なども可能。

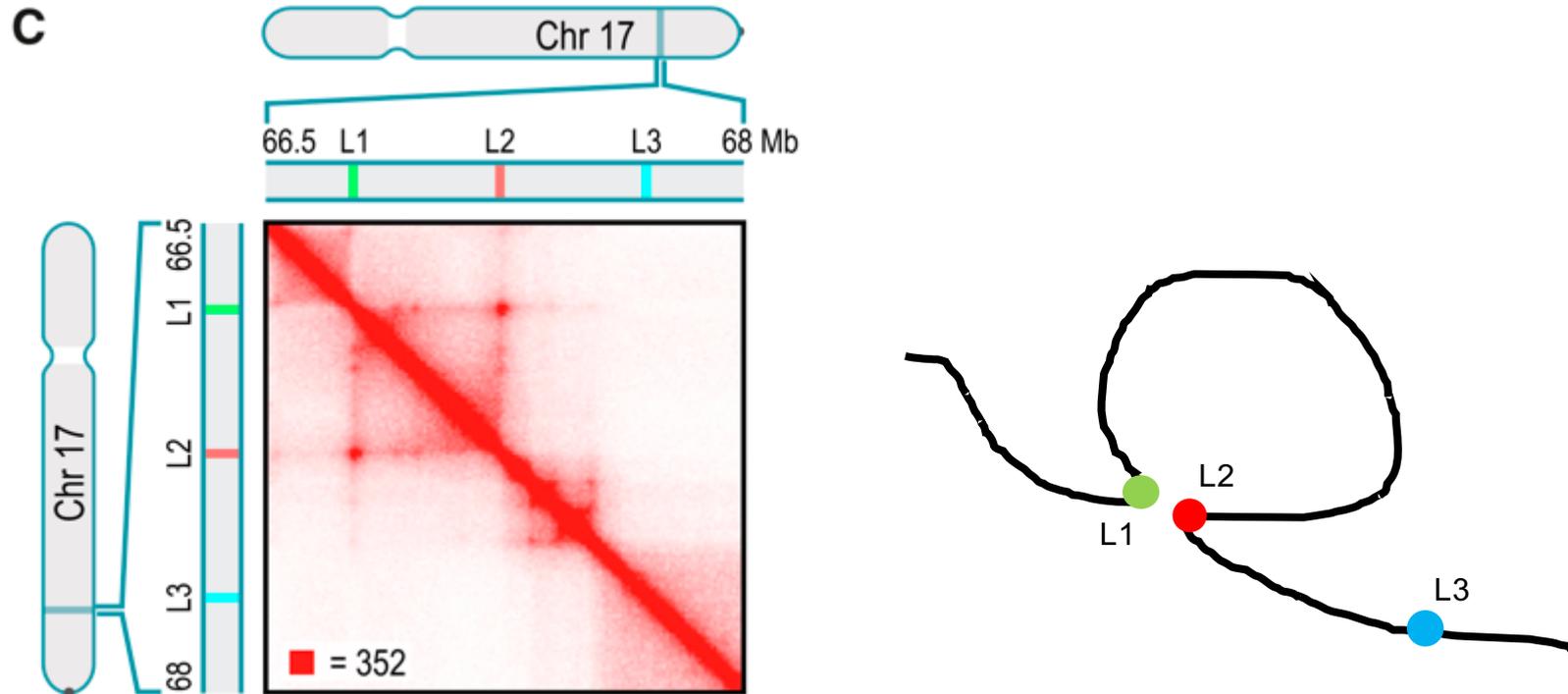


# Hi-C解析の流れ



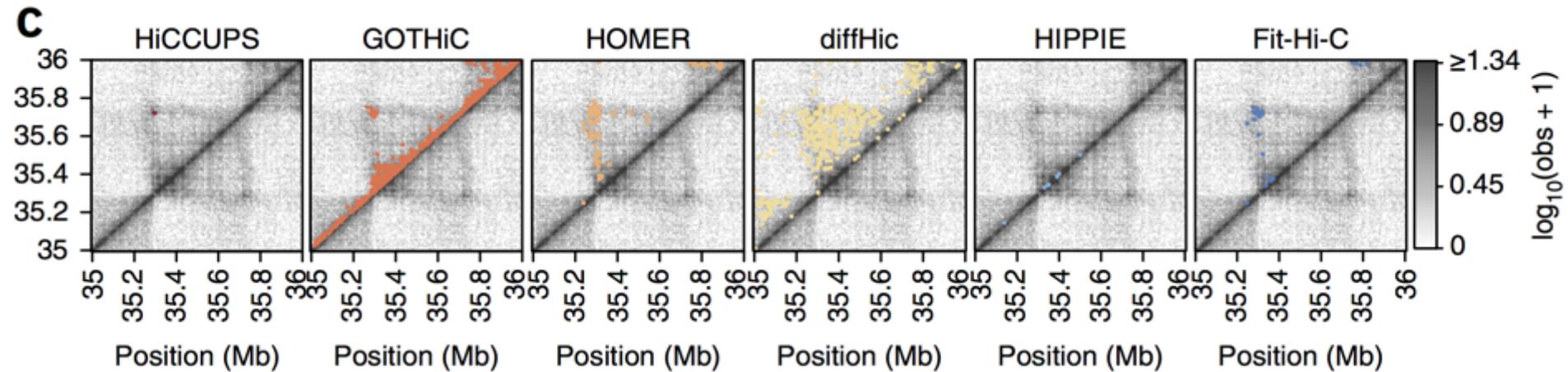
実習は省略。手法の紹介のみ。

# コンタクトマップ上のピーク検出 =特に相互作用の強い領域ペアを特定する



Rao, Suhas SP, et al.  
"A 3D map of the human genome at kilobase  
resolution reveals principles of chromatin looping"  
*Cell* 159.7 (2014): 1665-1680.

ピーク検出手法によって、  
得られるピークの数や位置は大きく異なる

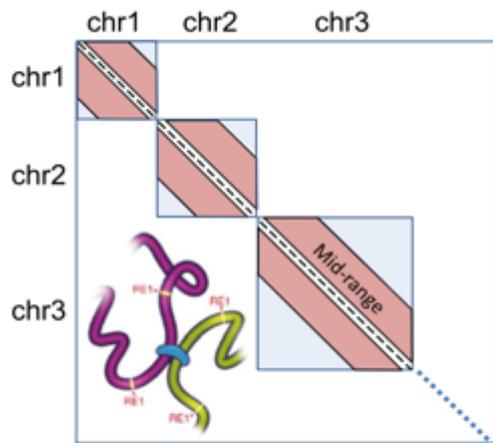


Forcato, Mattia, et al. "Comparison of computational methods for Hi-C data analysis." *Nature methods* 14.7 (2017): 679.

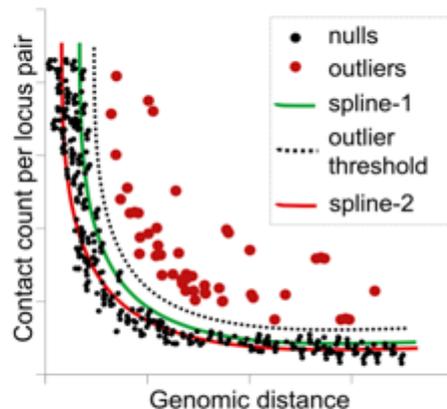
コンタクトマップの解像度も大きく影響する。  
それぞれのピーク検出ツールが、どのように「バックグラウンド」を仮定しているかをちゃんと理解することが重要。

# Fit-Hi-C (Global background)

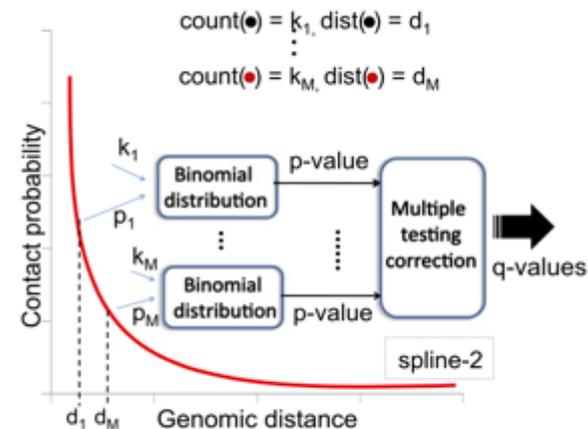
Ay, Ferhat, Timothy L. Bailey, and William Stafford Noble. "Statistical confidence estimation for Hi-C data reveals regulatory chromatin contacts." *Genome research* 24.6 (2014): 999-1011.



Genome-wide Hi-C contact map and mid-range contacts



Outlier removal and spline fit to the refined null



Statistical confidence estimation

ゲノム上の距離の関数として観測されたリードカウントをスプライン関数でモデリングする。

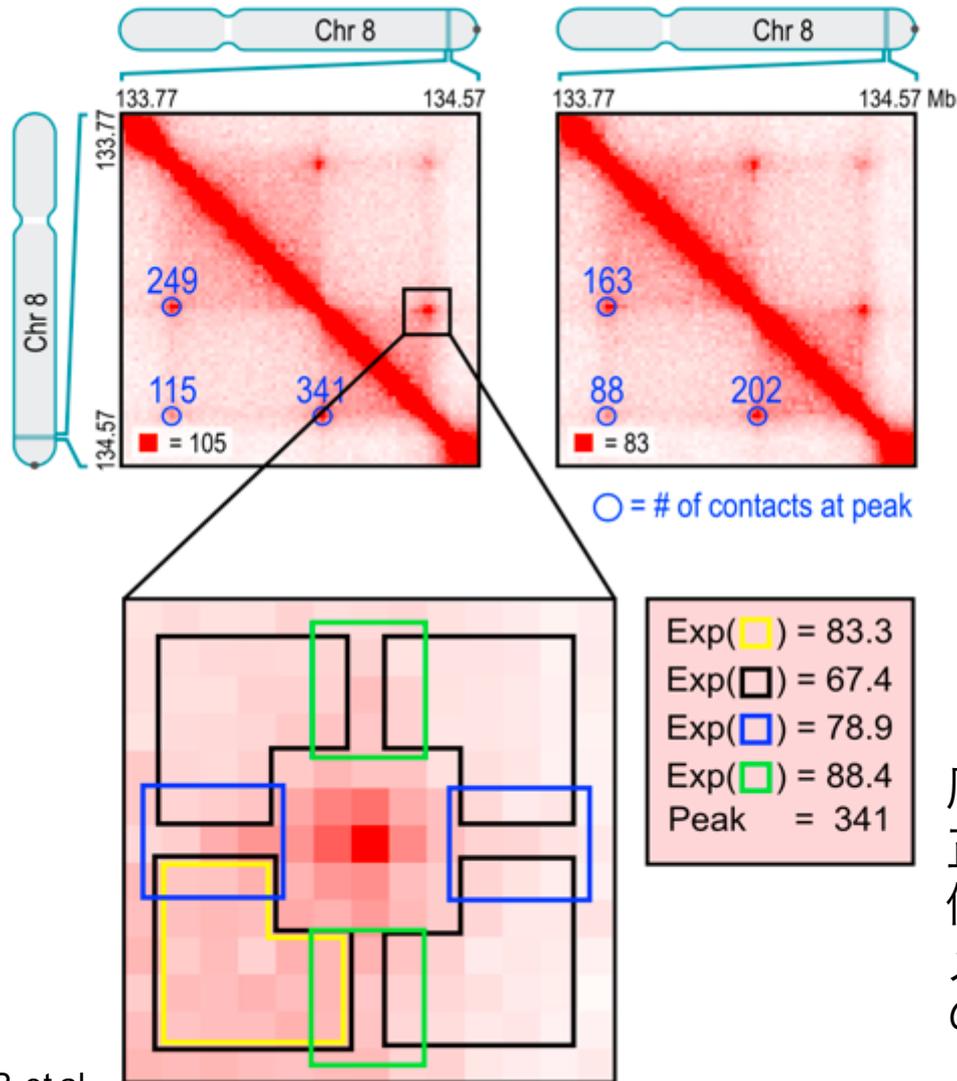
最初のスプラインは、外れ値を除去するために使われる。

その後、外れ値以外を使って、より洗練されたスプラインをモデリングする。これがヌルモデルとなる。

ヌルモデルの値（ある距離で期待されるリードカウント）を、ICE正規化手法で算出されたバイアスの値も加味して、ある距離のリードカウント観測期待値を計算する。

最後に、期待値と実際の観測値について、二項分布でp-valueを計算（多重検定補正）する。

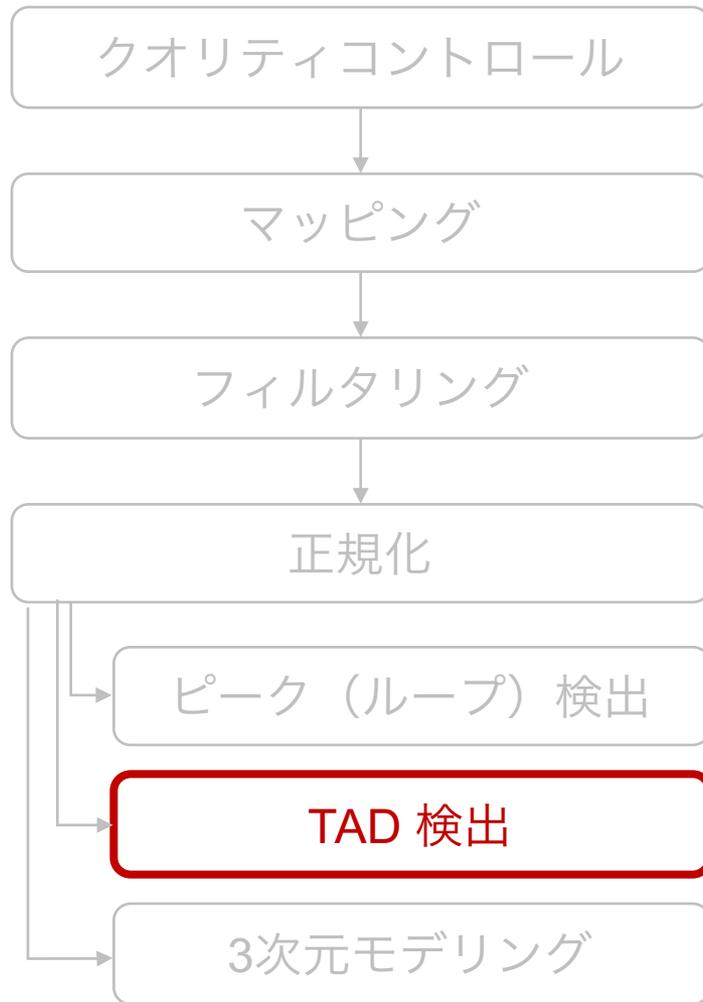
# HiCCUPS (Local background)



周辺の相互作用強度と、K&R正規化で算出されたバイアス値からポアソン分布のパラメータを計算し、ピーク位置のp-valueを求める。

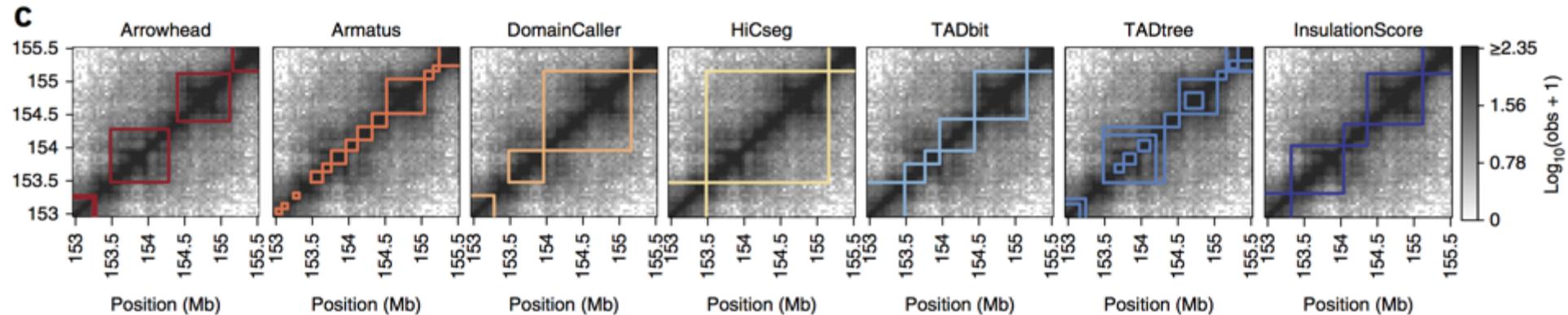
Rao, Suhas SP, et al.  
 "A 3D map of the human genome at kilobase resolution reveals principles of chromatin looping"  
*Cell* 159.7 (2014): 1665-1680.

# Hi-C解析の流れ



`$cd ~/HiC/5_detect_TADs`

# Topologically Associated Domains (TADs)の検出

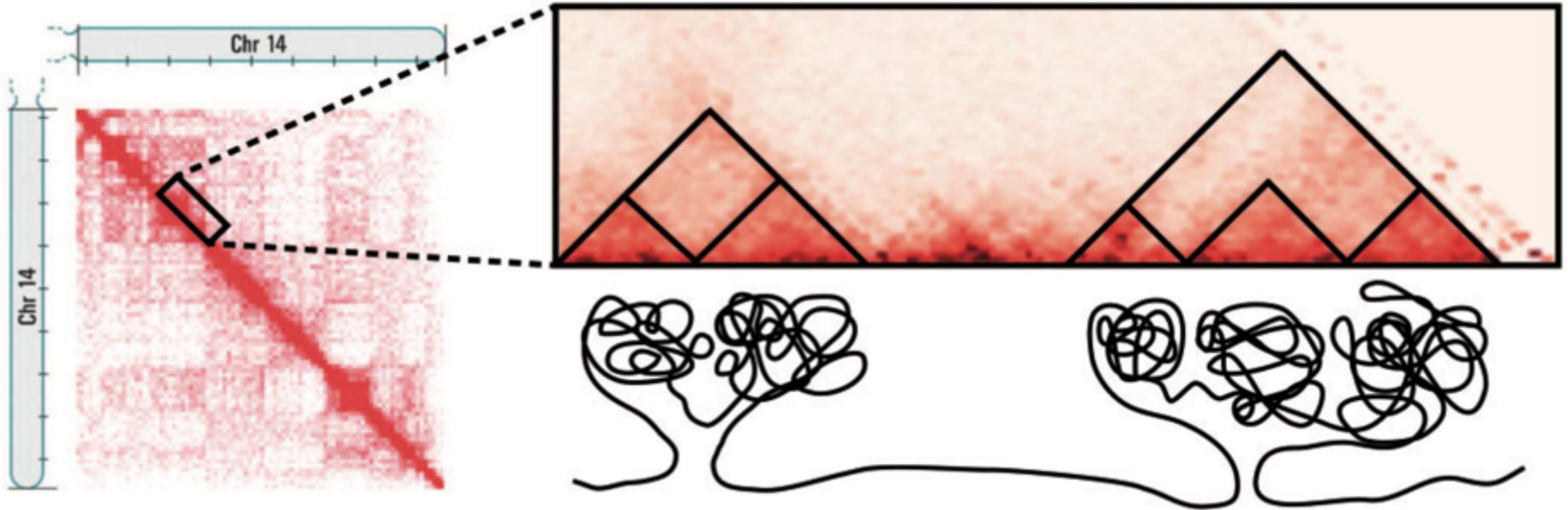


Forcato, Mattia, et al. "Comparison of computational methods for Hi-C data analysis." *Nature methods* 14.7 (2017): 679.

得られるTADのサイズや数はツールによってさまざま。  
異なる解像度のコンタクトマップでも安定して同様のTADが得られるか、などを検討することが大事。

# TADtree

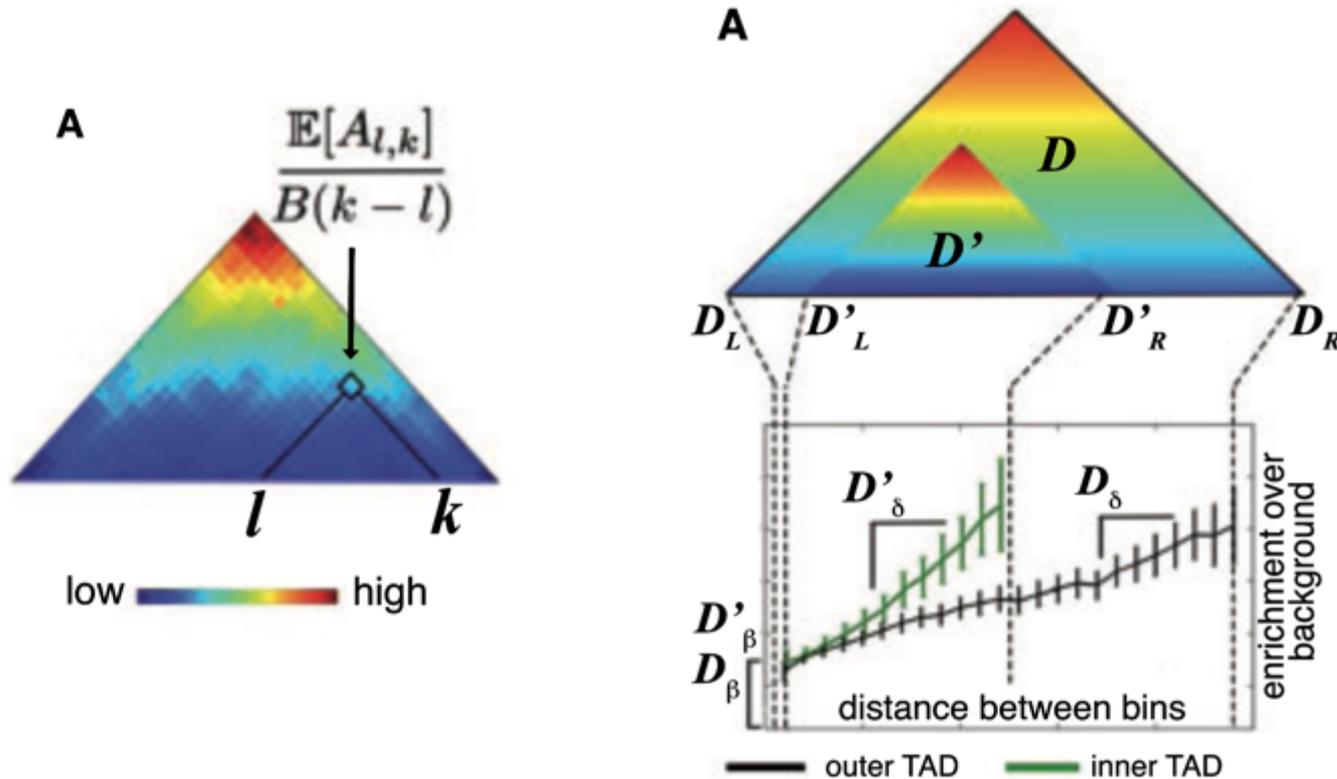
Caleb Weinreb, Benjamin J. Raphael; “Identification of hierarchical chromatin domains”, *Bioinformatics*, Volume 32, Issue 11, 1 June 2016, Pages 1601–1609



ネストしたTAD, sub-TADを検出するPythonスクリプト。  
インプットは正規化したコンタクトマップ。

# TADtree

Caleb Weinreb, Benjamin J. Raphael; "Identification of hierarchical chromatin domains", *Bioinformatics*, Volume 32, Issue 11, 1 June 2016, Pages 1601–1609



TAD内のコンタクトは距離に線形に増加していくが、他のTAD内部に含まれている場合、その増加率が大きくなる、という観察結果に基づいた手法。動的計画法でベストなTAD階層構造を特定する。

# \$less ./control\_file.txt

```
S = 50
M = 10
p = 3
q = 12
gamma = 500
BL
contact_map_path = ../3_normalization/norm_mat.txt
contact_map_name = chr19
N = 100
output_directory = ./output
```

TADの最大許容サイズ (Binいくつまでか)  
高解像度データでは当然大きくすべき。

いじらないことが奨励されてるパラメータ

TAD境界に関わるチューニングパラメータ。  
あまりに多くのTADが同一のポイントから  
生じている場合、おそらく値が大きすぎる。

検出するTADの最大数。

# TADtreeを実行する。

```
$python TADtree.py ./control_file.txt
```

結果が、./output/chr19 以下に出力される。

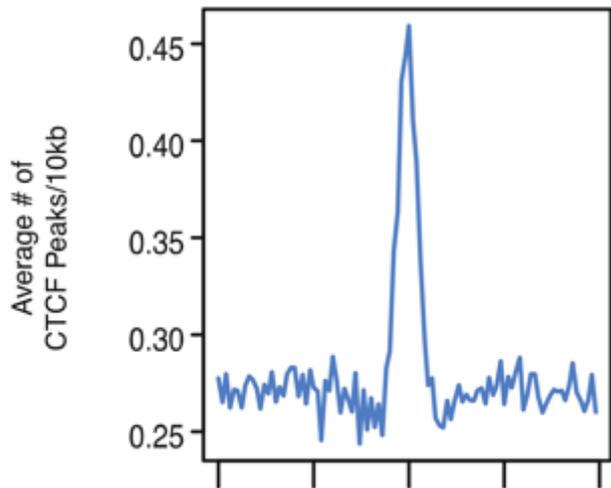
設定したN以下の検出結果がすべて出力されるが、十分な数のTADを検出している結果が適切なため、proportion\_duplicates.txt ファイルを参照して、重複したTADが検出され始めた時点の結果をチェックする。

結果はBED形式で出力される（ただしポジションの数字の単位は塩基ではなくBinの数であることに注意）。

```
manager@bl8vbox[chr19] cat N15.txt
chr      start  end
chr19    4      20
chr19    6      20
chr19    9      20
chr19    13     18
chr19    20     22
chr19    22     25
chr19    22     34
chr19    28     33
chr19    34     36
chr19    37     39
chr19    40     43
chr19    40     52
chr19    52     55%
```

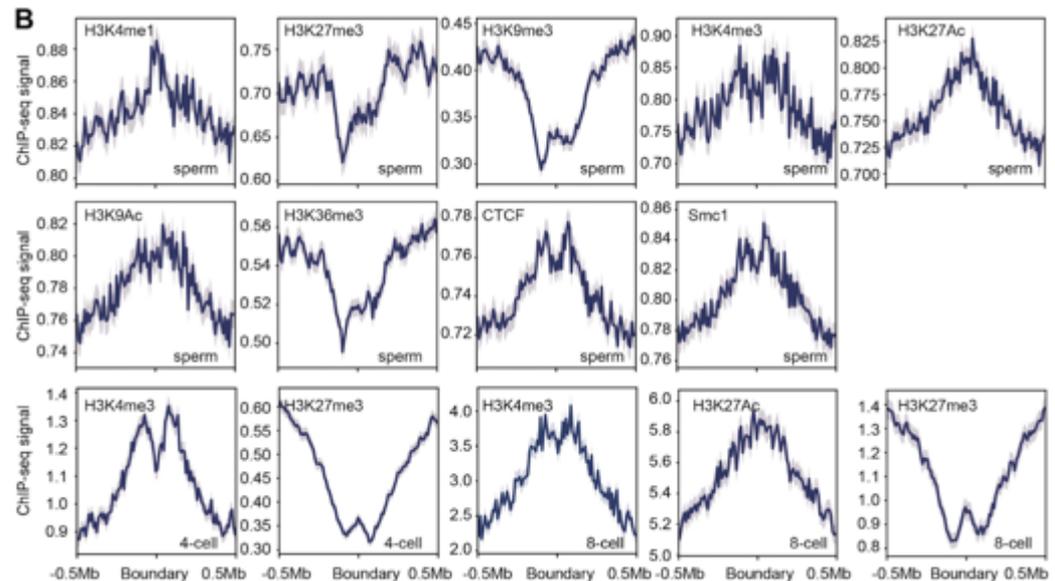
# TAD検出後の解析

検出されたTAD境界の位置で頻繁に見つかるモチーフや、特定のDNA結合タンパク質の結合パターンを見つける、など。  
サンプル間でそれぞれTADを検出し、TADの変化と周辺の遺伝子発現の変化を比較する、など。



Forcato, Mattia, et al.

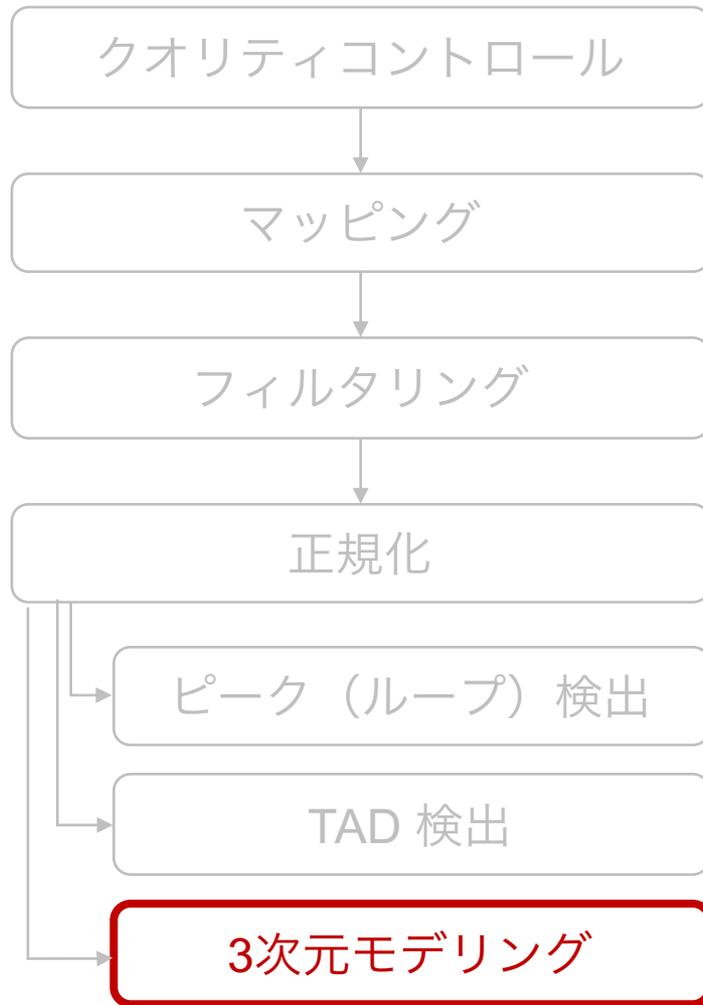
"Comparison of computational methods for Hi-C data analysis."  
*Nature methods* 14.7 (2017): 679.



Ke, Yuwen, et al.

"3D chromatin structures of mature gametes and structural reprogramming during mammalian embryogenesis."  
*Cell* 170.2 (2017): 367-381.

# Hi-C解析の流れ



\$cd ~/HiC/6\_modeling\_3D

# 染色体3Dモデルの構築

Hi-C実験で得られたコンタクトマップのデータを、「空間制約」として3次元構造のモデリングに組み込む。

大きく分類して2つのアプローチがある。(Serra, *et al.* 2015)

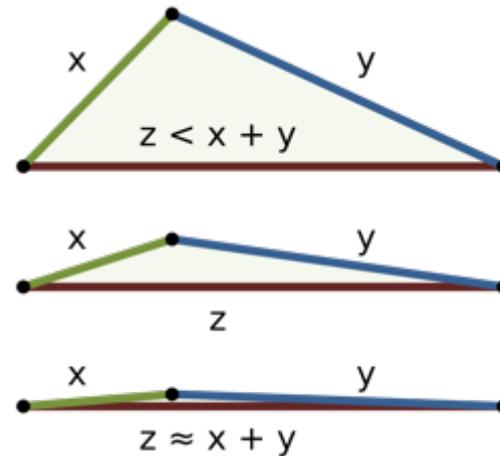
1. コンタクトマップを直接3次元構造に変換する解析的アプローチ。コンタクトマップが単一のコンセンサス的な構造を表現していると仮定する。したがって、実際はシングルセル実験のデータによりふさわしい。
2. コンタクトマップを制約として、モンテカルロサンプリングやベイズ法でそれを満たす構造を探す最適化アプローチ。これはさらに2つのカテゴリに分類でき、
  - a. シミュレーションがそれぞれ独立に、構造の「集合」を生成する方法。得られた構造の集合が集団内多様性を表現する。
  - b. アンサンブルベースの方法。多くの構造を同時にシミュレートして、コンタクトマップ制約を満たす構造集合を探索する。

# 染色体3Dモデルの構築

解析的アプローチは次の2つのステップからなる。

1. コンタクトマップをユークリッド距離行列など、「距離の性質」を満たした行列データに変換する。

コンタクトマップで表現されているデータは、多くの異なる構造の「平均」であるため、必ずしも距離の性質のひとつ「三角不等式」が満たされない。

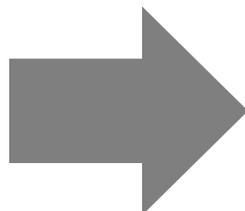
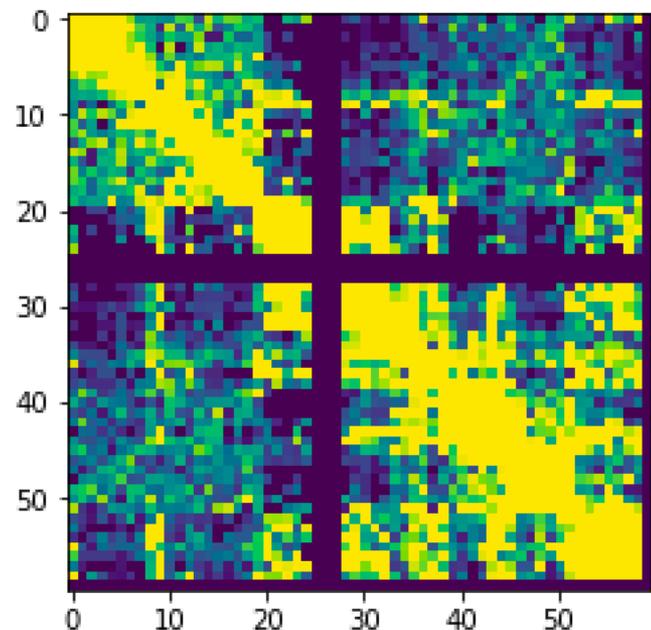


<https://ja.wikipedia.org/wiki/三角不等式>

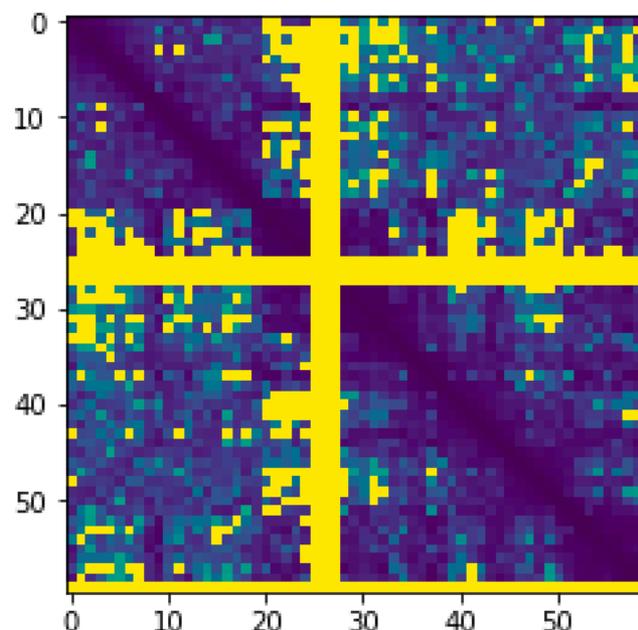
2. 距離行列を満たす直交座標系上の3次元構造をなんらかの最適化手法などで見つける。

# コンタクトマップから距離行列への変換

コンタクトマップ  
(値が大きいほど接触頻度が高い)



距離行列  
(値が大きいほど距離が離れている)



# コンタクトマップから距離行列への変換

コンタクトから距離へいかに変換するか？  
単純なやり方は、単に逆数をとる。

$$D_{i,j} = \frac{1}{(A_{i,j})^\alpha}$$

$\alpha=1$ とする場合が多い（が、それは自明ではない）

しかし、この変換だと  $A_{i,j} = 0$ （コンタクトが観測されなかった）場合、距離  $D_{i,j}$  が無限大になってしまう。

スパースなコンタクトマップでは致命的。

コンタクトマップのすべての要素に適当に小さな値を足して嵩上げるか？ => ほとんどの領域間で適当に足した値の逆数が支配的になってしまう

⇒ **Shortest-path reconstruction**

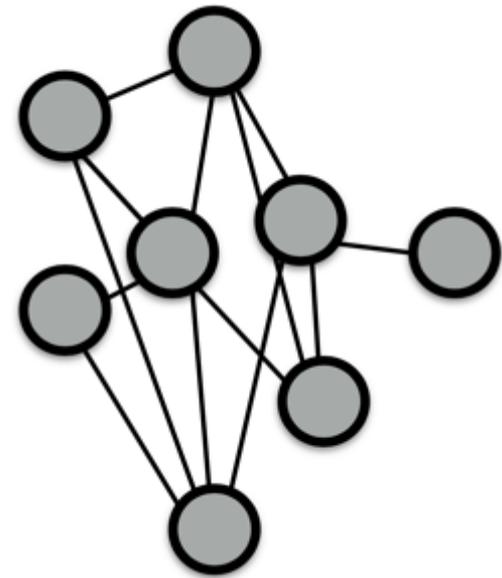
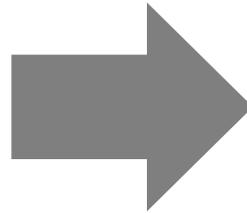
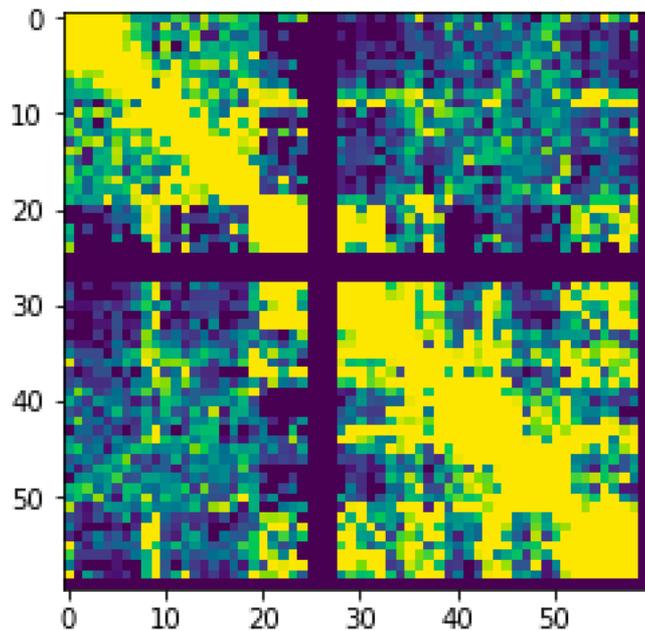
ShRec3Dの手法（Lesne, *et al.* 2014）。

本実習で再現（公開ツールはMATLAB）。

# Shortest-path reconstruction

グラフ理論を応用した距離行列構成手法。

まず、コンタクトマップを構成するBinそれぞれをノードとし、コンタクトマップの値の逆数を重みとしたエッジを持つグラフを構成する。コンタクトマップの値がゼロの場合は、それらのノード間にエッジはひかれない。



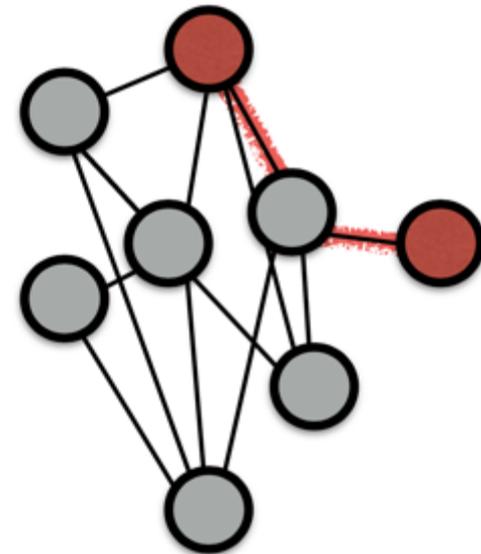
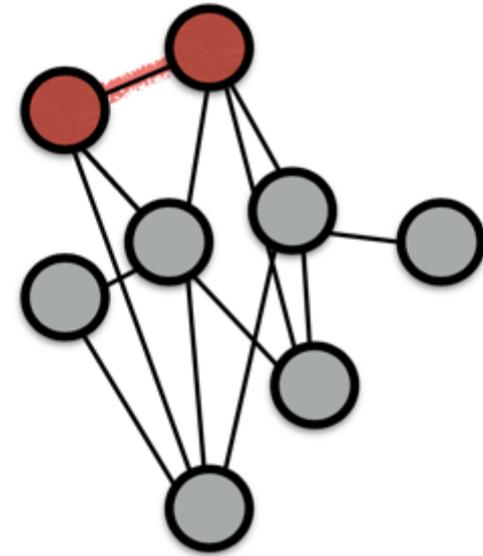
# Shortest-path reconstruction

エッジが直接ひかかれているノード間の距離は、単純にそのエッジの重みとする。

エッジが直接ひかれていないノード間の距離は、そのノード間の「最短パス」を構成するエッジ群の重みの和として定義する。

ノード間の最短パスはFloyd-Warshallアルゴリズム（動的計画法）で高速に検索できる。

都合のいいことに、こうして計算した「距離」は三角不等式を満たす。



# コンタクトマップから距離行列への変換

```
$less ./convert_contact_to_distance.py
```

Python の NetworkXを使用してグラフ構築、最短パス検索をしている。

今回は、正規化のセクションで生成した19番染色体のコンタクトマップを使って、19番染色体の距離行列を構築してみる。

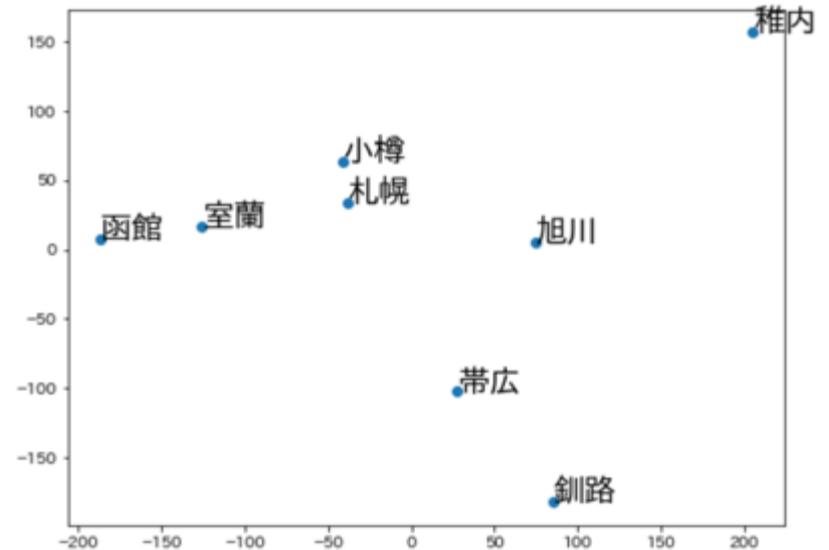
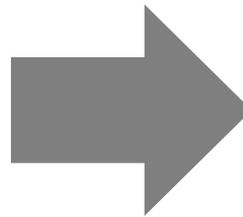
```
$python ./convert_contact_to_distance.py ../3_normalization/norm_mat.txt
```

ディレクトリ内に、dist.npy という距離行列を格納したバイナリファイルができるはず。

# 距離行列から3次元構造への変換

距離行列から空間構造への変換は、もっとも簡単なやり方としては、多次元尺度構成法（Multi-dimensional scaling; MDS）を使う。

	札幌	旭川	稚内	釧路	帯広	室蘭	函館	小樽
札幌	0.0	115.0	274.0	249.0	152.0	88.0	152.0	30.0
旭川	115.0	0.0	202.0	188.0	118.0	200.0	263.0	130.0
稚内	274.0	202.0	0.0	358.0	313.0	360.0	413.0	266.0
釧路	249.0	188.0	358.0	0.0	98.0	290.0	330.0	277.0
帯広	152.0	118.0	313.0	98.0	0.0	195.0	240.0	180.0
室蘭	88.0	200.0	360.0	290.0	195.0	0.0	64.0	98.0
函館	152.0	263.0	413.0	330.0	240.0	64.0	0.0	159.0
小樽	30.0	130.0	266.0	277.0	180.0	98.0	159.0	0.0



メタ16Sの論文で頻繁に出てくるPCoAもMDSの一種。

上図やメタ16S論文では距離行列から二次元平面上の配置への変換にMDSを用いているが、本来は変換先の空間は何次元でもOK。

今回の実習では3次元。

# 距離行列から3次元構造への変換

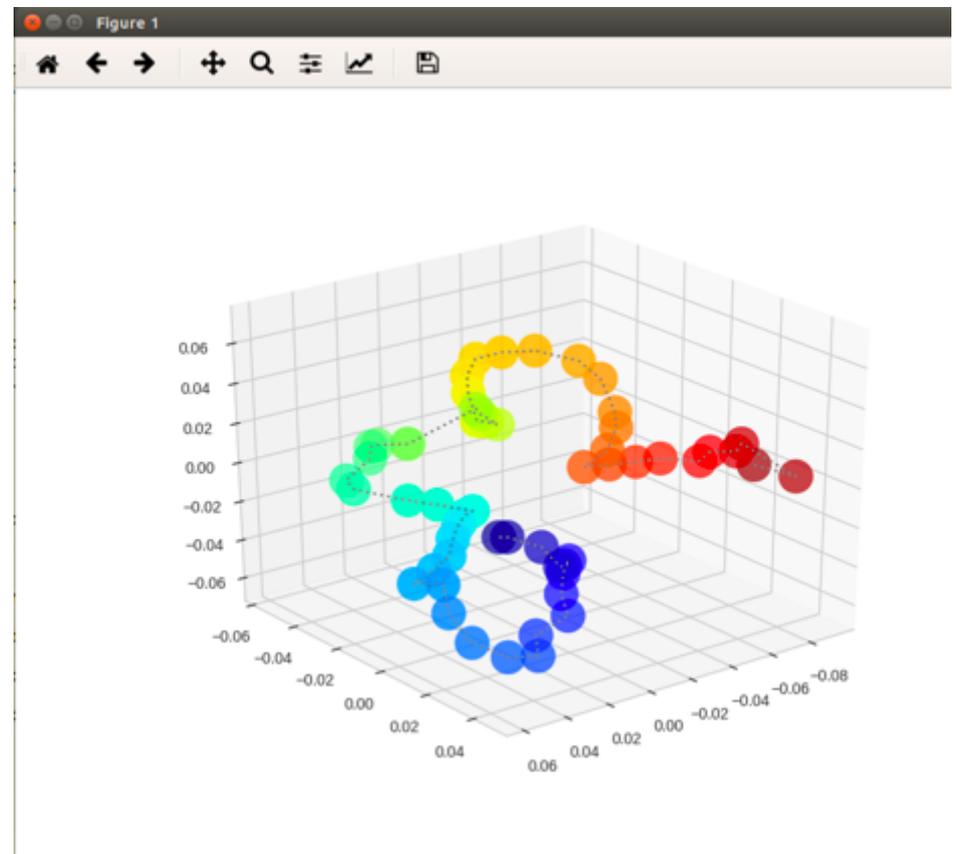
```
$less ./modeling_3d.py
```

さっき作ったdist.npy（距離行列データ）を内部でロードして、MDS計算、得られた3次元座標に基づく染色体の可視化までを行なっている。

実行方法は以下。

```
$python modeling_3d.py
```

マウสดラッグで  
ぐりぐり動かすことができる。



# 参考文献

- Dekker, Job, et al. "Capturing chromosome conformation." *science* 295.5558 (2002): 1306-1311.
- de Wit, Elzo, and Wouter de Laat. "A decade of 3C technologies: insights into nuclear organization." *Genes & development* 26.1 (2012): 11-24.
- Ke, Yuwen, et al. "3D chromatin structures of mature gametes and structural reprogramming during mammalian embryogenesis." *Cell* 170.2 (2017): 367-381.
- Lieberman-Aiden, Erez, et al. "Comprehensive mapping of long-range interactions reveals folding principles of the human genome." *science* 326.5950 (2009): 289-293.
- Rao, Suhas SP, et al. "A 3D map of the human genome at kilobase resolution reveals principles of chromatin looping." *Cell* 159.7 (2014): 1665-1680.
- Akdemir, Kadir Caner, and Lynda Chin. "HiCPlotter integrates genomic data with interaction matrices." *Genome biology* 16.1 (2015): 198.
- Fudenberg, Geoffrey, et al. "Formation of chromosomal domains by loop extrusion." *Cell reports* 15.9 (2016): 2038-2049.
- Nagano, Takashi, et al. "Cell-cycle dynamics of chromosomal organization at single-cell resolution." *Nature* 547 (2017): 61-67
- Marbouty, Martial, et al. "Metagenomic chromosome conformation capture (meta3C) unveils the diversity of chromosome organization in microorganisms." *Elife* 3 (2014): e03318.
- O'sullivan, Justin M., et al. "The statistical-mechanics of chromosome conformation capture." *Nucleus* 4.5 (2013): 390-398.
- Beagrie, Robert A., et al. "Complex multi-enhancer contacts captured by genome architecture mapping." *Nature* 543.7646 (2017): 519-524.

- Imakaev, Maxim, et al. "Iterative correction of Hi-C data reveals hallmarks of chromosome organization." *Nature methods* 9.10 (2012): 999-1003.
- Yaffe, Eitan, and Amos Tanay. "Probabilistic modeling of Hi-C contact maps eliminates systematic biases to characterize global chromosomal architecture." *Nature genetics* 43.11 (2011): 1059-1065.
- Hu, Ming, et al. "HiCNorm: removing biases in Hi-C data via Poisson regression." *Bioinformatics* 28.23 (2012): 3131-3133.
- Knight, Philip A., and Daniel Ruiz. "A fast algorithm for matrix balancing." *IMA Journal of Numerical Analysis* 33.3 (2013): 1029-1047.
- Forcato, Mattia, et al. "Comparison of computational methods for Hi-C data analysis." *Nature methods* 14.7 (2017): 679.
- Ay, Ferhat, Timothy L. Bailey, and William Stafford Noble. "Statistical confidence estimation for Hi-C data reveals regulatory chromatin contacts." *Genome research* 24.6 (2014): 999-1011.
- Caleb Weinreb, Benjamin J. Raphael; Identification of hierarchical chromatin domains, *Bioinformatics*, Volume 32, Issue 11, 1 June 2016, Pages 1601–1609
- Serra, François, et al. "Restraint-based three-dimensional modeling of genomes and genomic domains." *FEBS letters* 589.20PartA(2015): 2987-2995.
- Lesne, Annick, et al. "3D genome reconstruction from chromosomal contacts." *Nature methods* 11.11 (2014): 1141-1143.