

Применение метода single-cell Hi-C для анализа пространственной организации хромосом типа ламповых щеток

Научный руководитель – Фишман Вениамин Семёнович

Таскина А.К.¹, Нурисламов А.Р.²

1 - Новосибирский государственный университет, Факультет естественных наук, Новосибирск, Россия, *E-mail: taskina-alena@mail.ru*; 2 - Новосибирский государственный университет, Факультет естественных наук, Новосибирск, Россия, *E-mail: a.nurislamov@g.nsu.ru*

Хромосомы типа ламповых щеток - это хромосомы гигантского размера, встречающиеся в оогенезе на стадии диплотены у ряда позвоночных животных, включая амфибий, рептилий и птиц. Несмотря на то, что эти хромосомы были открыты еще в XIX веке, их хромомерно-петлевая организация до сегодняшнего времени остается малоизученной. Методы микроскопии и микродиссекционные исследования не позволяют с большой точностью изучить молекулярные механизмы, участвующие в формировании хромомерно-петлевых комплексов, а также точно картировать хромомеры и латеральные петли в масштабе всего генома.

С целью исследования пространственной организации хромосом типа ламповых щеток нами был разработан протокол single-cell Hi-C для ядер ооцитов *Gallus gallus domesticus*. Выделенные ядра были обработаны согласно разработанному протоколу, далее были приготовлены и секвенированы NGS-библиотеки Illumina. На основе полученных данных были построены Hi-C карты. На Hi-C картах были визуализированы домены с повышенной частотой внутренних контактов, предположительно соответствующие хромомерам на цитологических картах и микрофотографиях. Границы доменов обогащены генами, расположенными в конвергентном положении, что позволяет предположить механизм их формирования. Помимо этого, были обнаружены структуры, в ряде случаев совпадающие с латеральными петлями.

Таким образом, можно сделать вывод о том, что метод single-cell Hi-C может быть применим для исследования пространственной организации хромосом типа ламповых щеток. На основе полученных и существующих данных нам удалось выдвинуть гипотезу о паттернах трехмерных контактов, характеризующих хромомерно-петлевые комплексы. В дальнейшем необходимо проведение FISH-исследований для верификации полученных результатов.