

Топология генома *Thermofilum adornatum* в экспоненциальной и стационарной фазах роста**Научный руководитель – Ульянов Сергей Владимирович***Соловьев М.А.¹, Соболев А.М.², Тяхт А.В.³*

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра молекулярной биологии, Москва, Россия, *E-mail: mishasolovyev@yandex.ru*;

2 - Институт биологии гена РАН, Москва, Россия, *E-mail: chorzoww@gmail.com*; 3 - Институт биологии гена РАН, Москва, Россия, *E-mail: a.tyakht@gmail.com*

Долгое время исследование топологии генома проводилось только на модельных организмах, и лишь в последние годы спектр объектов начал расширяться. В частности, первые экспериментальные работы, посвященные пространственной организации генома архей [1, 4], продемонстрировали наличие компарментализации хромосом в доменные структуры, в той или иной степени связанные с транскрипцией. Доменные структуры формируют более или менее выраженный клетчатый паттерн на контактной карте генома. Ранее такой паттерн, свидетельствующий об А/В-компарментализации, был неоднократно показан для эукариот [3].

Нами было проведено исследование топологии генома археи *Thermofilum adornatum* методами 3С-seq и Hi-C [3] на экспоненциальной и стационарной фазах роста с дальнейшей биоинформатической обработкой. Полученные данные резко отличаются от опубликованных в [1, 4] по ряду параметров. Мы показали отсутствие классической А/В-компарментализации хроматина, характерной для эукариот, и наличие на контактной карте побочной диагонали, прежде описанной у бактерий и указывающей на компактизацию кольцевой молекулы ДНК в вытянутую структуру. В данном случае побочная диагональ нестрого ортогональна главной, что говорит об ассиметричной компактизации. У бактерий точка основания побочной диагонали локализуется с ориджином репликации, что связано с механизмом компактизации по модели экструзии петель [2]. У исследуемого организма все картированные ориджины располагаются внутри одного из двух плеч, разделяемых вершинами вытянутой компактизованной структуры. Кроме того, в этом же плече располагаются все гены репликации, транскрипции и трансляции. Обнаруженные нами крупные контактные домены тоже преимущественно локализуются в этом плече. Такая асимметрия может свидетельствовать о функционировании двух плеч хромосомы *T. adornatum* как аналогов А/В-компарментов эукариот и некоторых других архей. Сравнение полученных контактных карт для экспоненциальной и стационарной фаз позволило выявить связь между транскрипционной активностью генома и его доменной организацией.

Источники и литература

- 1) Cockram C. et al. Euryarchaeal genomes are folded into SMC-dependent loops and domains, but lack transcription-mediated compartmentalization // *Mol. Cell*. 2021. V. 81. No. 3. P. 459- 472.e10.
- 2) Le T. B. K. et al. High-resolution mapping of the spatial organization of a bacterial chromosome // *Science*. 2013. V. 342. № 6159. P. 731–734.
- 3) Lieberman-Aiden E. et al. Comprehensive mapping of long-range interactions reveals folding principles of the human genome // *Science*. 2009. V. 326. № 5950. P. 289–293.
- 4) Takemata N. et al. Physical and functional compartmentalization of archaeal chromosomes // *Cell*. 2019. No. 179(1). P. 165–179.