

Исследование топологии генома *Thermofilum adornatus*

Научный руководитель – Ульянов Сергей Владимирович

Соловьев Михаил Андреевич

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра молекулярной биологии, Москва, Россия

E-mail: mishasolovyev@yandex.ru

Долгое время исследование топологии генома проводилось только на модельных организмах, и лишь в последние годы спектр объектов начал расширяться. В частности, данные о пространственной организации генома архей опубликованы только для двух видов, относящихся к одному роду *Sulfolobus* [1]. Они указывают на ряд принципиальных сходств в топологии геномов данных видов архей и геномов эукариот. В то же время, были обнаружены значительные отличия от накопленных данных для бактерий. Однако имеющихся данных недостаточно, чтобы полагать, что эти особенности характерны для всех групп архей.

Нами было проведено исследование топологии генома археи *Thermofilum adornatus* методом 3C-seq. Полученные данные значительно отличаются от опубликованных в [1] по ряду параметров. Мы показали отсутствие А/В-компартиментализации хроматина, характерной для эукариот, и наличие на контактной карте побочной диагонали, прежде описанной у бактерий и указывающей на компактизацию кольцевой молекулы ДНК вдоль диаметра. В данном случае побочная диагональ нестрога ортогональна главной. У бактерий точка основания побочной диагонали колокализует с точкой начала репликации (ориджином), что связано с формированием соответствующей структуры по модели эктрузии петель SMC-белками, связывающимися с молекулой ДНК в районе ориджина. У исследуемого организма предполагаемый ориджин и основание побочной диагонали располагаются далеко друг от друга, что прежде не было описано в литературе. Алгоритмы поиска петель ДНК не дали положительного результата на полученных данных, таким образом, можно утверждать, что петли нами обнаружены не были. При визуальном анализе карты нам удалось обнаружить ряд структур, располагающихся вдоль главной диагонали карты, которые могут трактоваться как контактные домены, что подтверждается биоинформатическими методами.

Источники и литература

- 1) Takemata N. Physical and functional compartmentalization of archaeal chromosomes // Cell. 2019. No. 179(1). С. 165–179.