

Тема работы: Исследование механизмов экстрюзии петель хроматина.

Данная работа является курсовой

Состав коллектива:

Фишман Вениамин Семенович, к. б. н., ведущий научный сотрудник, Институт цитологии и генетики СО РАН, руководитель

Шадский Артём Александрович, студент НГУ, ФЕН, биология, 3 курс, группа 20405, исполнитель

Научное содержание работы:

1. Постановка задачи.

Выявление видов, имеющих минимальное расхождение с человеком в белках, регулирующих экстрюзию. Визуализация трехмерной организации генома отобранных видов, для планирования дальнейших модификаций генома.

2. Современное состояние проблемы.

Комплексы структурной поддержки хромосом (SMC) являются важными белками, обнаруженными в геномах всех клеточных организмов. Основные функции этих белков, такие как митотическое образование хромосом и когезия сестринских хроматид, были обнаружены давно. Последние достижения в биологии хроматина показали, что белки SMC участвуют во многих других геномных процессах, действуя как активные моторы, выдавливающие ДНК, что приводит к образованию петель хроматина. Некоторые петли, образованные белками SMC, сильно специфичны для типа клеток и стадии развития, например, SMC-опосредованные петли ДНК, необходимые для рекомбинации VDJ у предшественников В-клеток или компенсации дозы у *Caenorhabditis elegans* и инактивации X-хромосомы у мышей.

Для более полного понимания механизмов работы SMC белков следует проследить их появление и эволюцию в отделе позвоночных.

3. Подробное описание работы, включая используемые алгоритмы.

Для прослеживания эволюции механизма экстрюзии петель хроматина было решено построить карты контактов Hi-C живых организмов с разным таксономическим положением относительно человека. Данные прочтений геномов были взяты из публичной базы данных NCBI и были обработаны с использованием Juicer (<https://github.com/aidenlab/juicer>).

4. Полученные результаты.

Были построены карты Hi-C. Для продолжения анализа эволюции SMC белков требуется постройка карт организмов, отсутствующих в публичных базах данных. Вследствие этого ожидается дальнейший биоинформатический анализ после предоставления данных секвенирования коллегами из лаборатории.

5. Иллюстрации, визуализация результатов.

Построенные Hi-C карты:

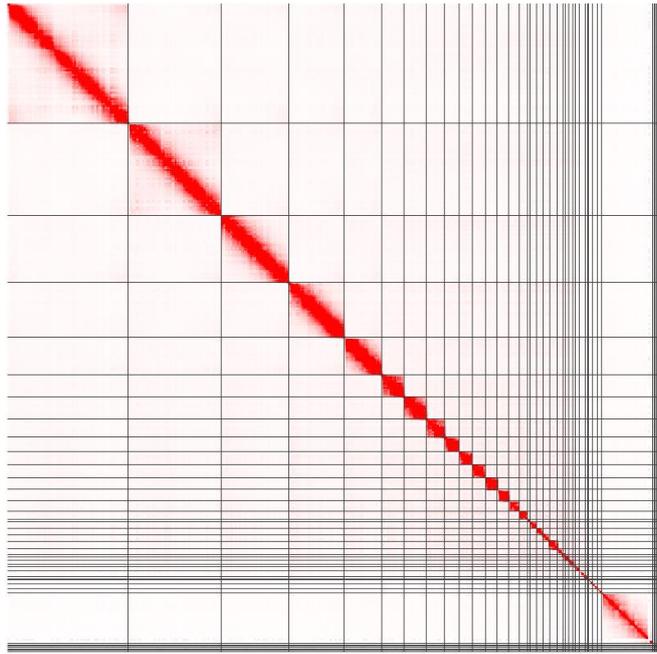


Рис. 1. Hi-C *Gallus gallus*.

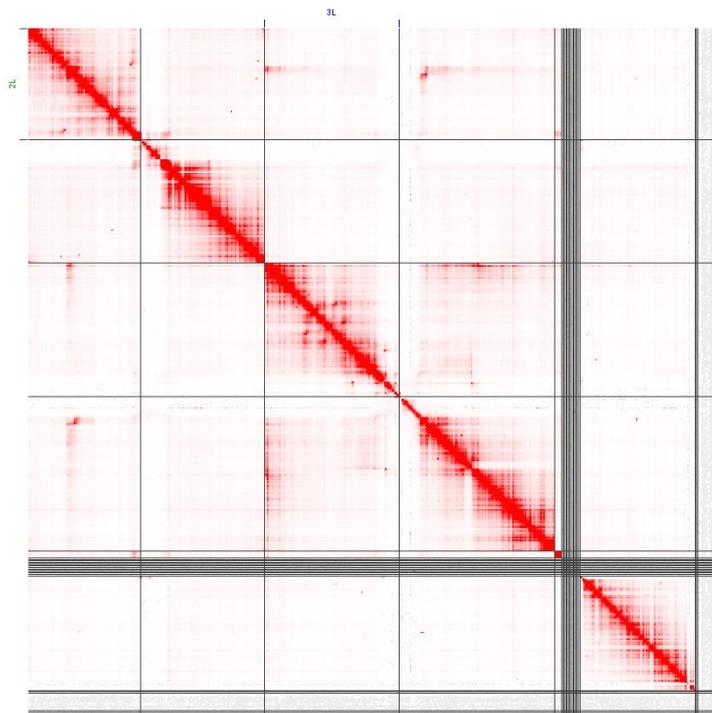


Рис. 2. Hi-C *Drosophila melanogaster*.

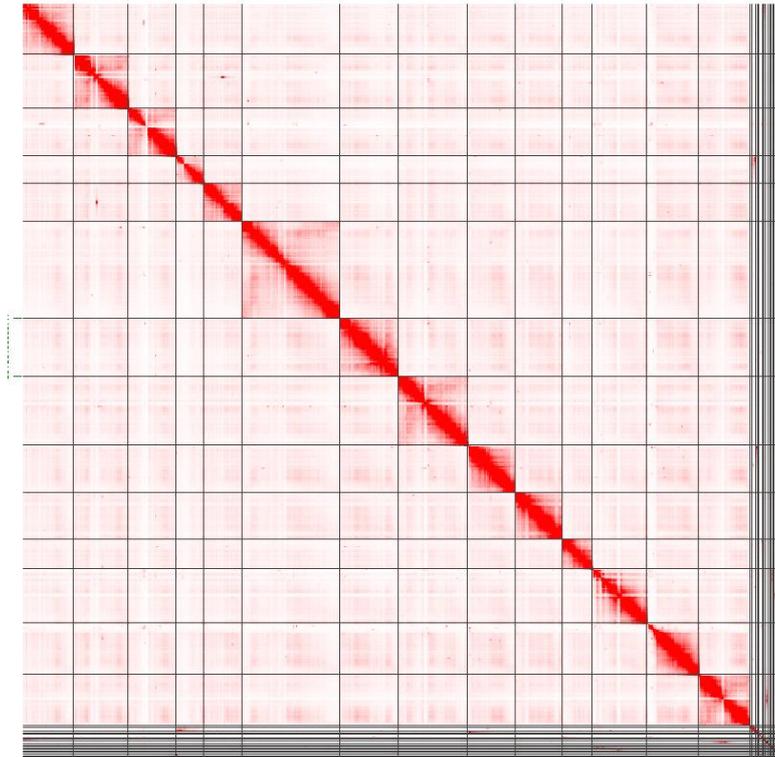


Рис. 3. Hi-C *Ciona intestinalis*.

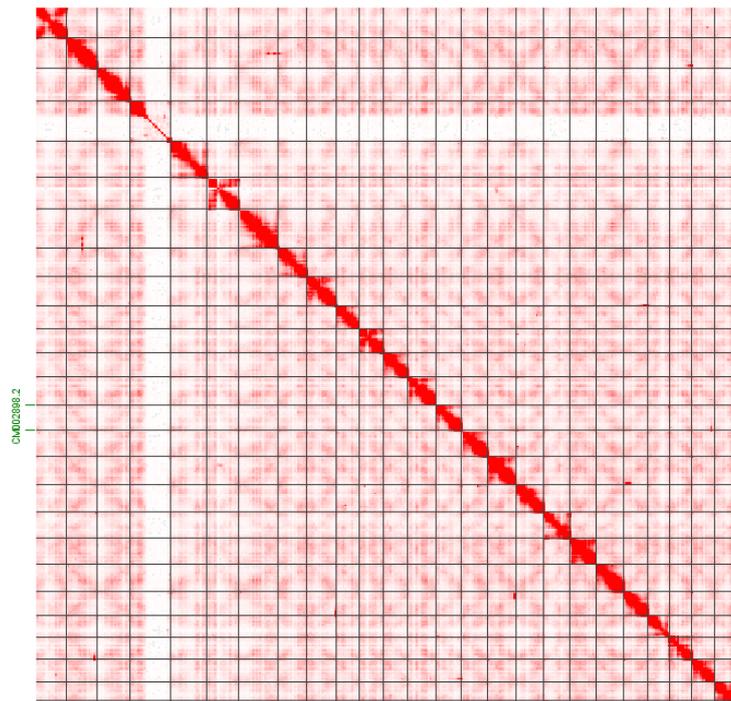


Рис. 4. Hi-C *Danio rerio*.

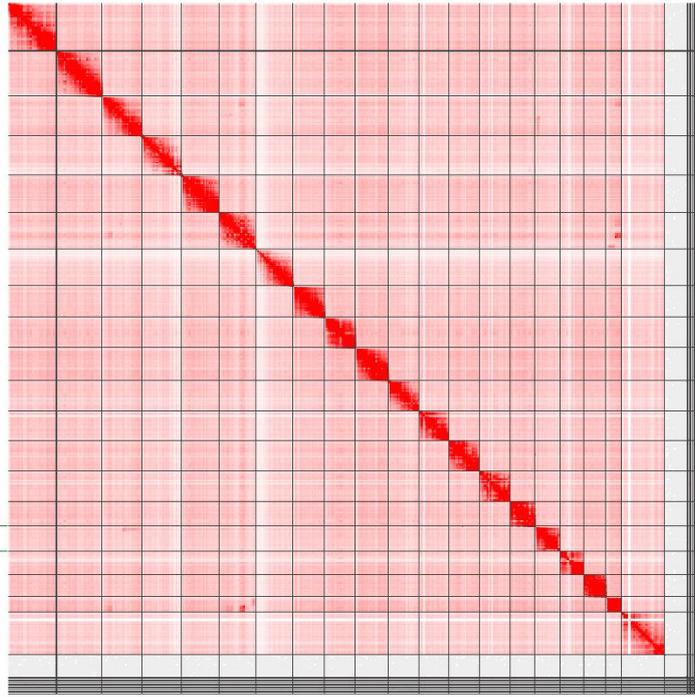


Рис. 5. Hi-C *Mus musculus*.

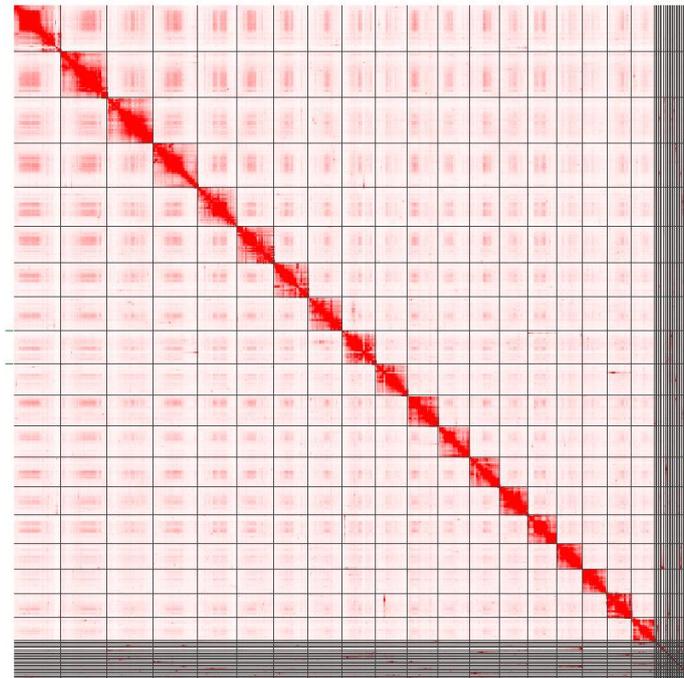


Рис. 6. Hi-C *Branchiostoma floridae*.

6. Эффект от использования кластера в достижении целей работы.

Построение Hi-C карт невозможно без соответствующих вычислительных ресурсов для работы Juicer. Именно поэтому использование кластера является необходимым условием выполнения работы.