

## **Отчет об использовании кластера ИВЦ НГУ в научном исследовании**

### **Состав коллектива:**

Нурисламов Артем Рустамович, студент ФЕН НГУ, гр.18408

([a.nurislamov@g.nsu.ru](mailto:a.nurislamov@g.nsu.ru))

Лагунов Тимофей Аркадьевич, аспирант НГУ, м.н.с ФИЦ ИЦиГ СО РАН  
([t.lagunov@g.nsu.ru](mailto:t.lagunov@g.nsu.ru))

Фишман Вениамин Семенович, к.б.н., в.н.с. ФИЦ ИЦиГ СО РАН (научный  
руководитель) ([minja-f@yandex.ru](mailto:minja-f@yandex.ru))

**Тема работы:** Особенности метилирования ДНК хромосом типа ламповых щеток курицы (*Gallus gallus domesticus*)

Цель данной работы заключается в анализе профиля метилирования ДНК хромосом типа ламповых щеток в ооцитах курицы на разных стадиях развития.

Для выполнения этой цели были поставлены следующие задачи:

- 1) Оценить морфологию хромосом в ооцитах куриц размером 1-2 мм и 3.5-7 мм;
- 2) Собрать библиотеки для полногеномного бисульфитного секвенирования индивидуальных ооцитов курицы размером 1-2 мм и 3.5-7 мм;
- 3) Провести анализ данных секвенирования для сравнения профилей метилирования ДНК в ооцитах на разных стадиях развития, сравнить полученные данные с опубликованными для соматических клеток курицы и сперматозоидов;

### **Современное состояние проблемы:**

Хромосомы типа ламповых щеток – это уникальный объект исследования мейотических хромосом. Несмотря на то, что хромосомы типа ламповых щеток были открыты еще в конце XIX века, их пространственная организация и механизмы регуляции экспрессии генов на этой стадии, в том числе эпигенетические аспекты, все еще остаются малоизученными. Цитологические методы, используемые в последние несколько десятков лет, не позволяют в полной мере получить представление о том, какие принципы и механизмы заложены в основе хромомерно-петлевой организации хромосом типа ламповых щеток, а также процесса их конденсации.

Метилирование ДНК – одно из звеньев в сложной цепи механизмов, принимающих участие в пространственной организации генома эукариот и регуляции экспрессии генов. Считается, что именно транскрипция определяет организацию доменов хромосом типа ламповых щеток, в связи с чем анализ метилирования ДНК этих хромосом представляет большой интерес. Применение подходов, основанных на полногеномном секвенировании, позволит на глубоком уровне изучить молекулярные механизмы, поддерживающие архитектуру этого типа хромосом.

### **Описание работы, включая используемые алгоритмы:**

Работа включала в себя как экспериментальную часть, так и биоинформационную обработку данных бисульфитного секвенирования. Из выделенного биологического материала (ядер ооцитов курицы стадий SWF и LWF) были приготовлены библиотеки для бисульфитного секвенирования. Первичная обработка данных (оценка качества данных и удаление адаптеров секвенирования) осуществлялась при помощи ПО FastQC и cutadapt. Выравнивание прочтений на геном и вычисление параметров метилирования ДНК выполнялись в программе bismark совместно с bowtie2. Показатели эффективности бисульфитной конверсии вычислялись в программе BCREval. Картирование прочтений на функциональные районы генома производилось в bedtools. Статистическая обработка выполнялась с помощью пакета scipy, визуализация результатов статистического анализа и данных секвенирования выполнялась в matplotlib и seaborn.

При разработке и адаптации уже существующего программного обеспечения использовались языки программирования shell и Python 3 (пакет anaconda).

Полный список ПО, использованного в работе:

- cutadapt
- fastqc
- bismark
- bowtie2
- BCREval
- seaborn
- matplotlib
- samtools
- bedtools
- scipy
- numpy

### **Полученные результаты:**

1. Метод single-cell BS-seq применим для анализа метилома хромосом типа ламповых щеток курицы. Данный подход продемонстрировал высокие показатели эффективности выравнивания и покрытия CpG динуклеотидов, а также высокую воспроизводимость результатов.
2. Уровень метилирования ДНК снижается при переходе ооцитов курицы в стадию поздней диплотены. Деметилирование наиболее выражено в низкометилованных районах, таких как TSS.
3. Метилирование ДНК, вероятно, не задействовано в сайленсинге транскрипции и конденсации хромосом типа ламповых щеток при переходе ооцита в стадию поздней диплотены.

### **Эффект от использования кластера в достижении целей работы:**

Вычислительная мощность кластера ИВЦ НГУ позволила выполнить ряд ресурсоемких операций, таких как выравнивание прочтений бисульфитного секвенирования на геном (bismark и bowtie2), статистических анализ (scipy) и построение графических изображений на основе массива полученных данных (seaborn, matplotlib).