

Частоты пространственных контактов в хроматине *Mus musculus* и *Homo sapiens*

Научный руководитель – Храмеева Екатерина Евгеньевна

Самборская Маргарита Дмитриевна

Студент (специалист)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Москва, Россия

E-mail: margarita.samborskaya@gmail.com

Разработанный в последние годы метод изучения пространственной организации генома эукариотической клетки HiC позволяет создать карту частот контактов между участками хромосом. Показано, что частота контактов коррелирует с ко-экспрессией генов и содержанием некоторых эпигенетических маркеров на соответствующих участках хромосом [1].

В настоящей работе для установления зависимости между частотой контактов и активностью экспрессии генов были использованы данные Hi-C по частоте контактов в *M. musculus* и *H. sapiens* [2,3], а также данные о состояниях хроматина - определенных комбинациях модификаций гистонов и других эпигенетических маркеров, характеризующих паттерны экспрессии [4,5]. Для генома *H. sapiens* были выявлены паттерны корреляций между состояниями хроматина и частотами контактов.

Оказалось, что паттерны корреляций между частотой контактов и содержанием эпигенетических маркеров имеют существенные различия для длинных и коротких хромосом *H. sapiens*. Эти различия могут быть объяснены тем, что синтенные блоки - участки, имеющие одинаковое расположение в геномах двух различных организмов - отличны по частоте контактов для коротких и длинных хромосом. Синтенные блоки взаимодействуют друг с другом сходным образом в геномах *H. sapiens* и *M. Musculus*. Для синтенных блоков, находящихся в длинных хромосомах у *H. sapiens* и коротких у *M. Musculus*, показано, что при переходе из длинной хромосомы в короткую (либо наоборот) синтенные блоки сохраняют частоту контактов с другими областями генома.

Таким образом, частота контактов синтенного блока является его собственным наследуемым свойством и не зависит от его положения в геноме. Короткие хромосомы обладают уникальными паттернами корреляций благодаря сочетанию в них синтенных блоков, отличных по внутрисинтенной частоте контактов от синтенных областей длинных хромосом, в то время как межсинтенные области демонстрируют сходные свойства по всему геному.

Источники и литература

- 1) Khrameeva, E.E., et al. "Spatial proximity and similarity of the epigenetic state of genome domains." PloS ONE 7.4 (2012): e33947.
- 2) Ulianov, S.V., et al. "Active chromatin and transcription play a key role in chromosome partitioning into topologically associating domains." Genome research 26.1 (2016): 70-84.
- 3) Rao, S.P., et al. "A 3D map of the human genome at kilobase resolution reveals principles of chromatin looping." Cell 159.7 (2014): 1665-1680.
- 4) Kharchenko, P.V., et al. "Comprehensive analysis of the chromatin landscape in *Drosophila melanogaster*." Nature 471.7339 (2011): 480-485.
- 5) Ernst, J., et al. "Mapping and analysis of chromatin state dynamics in nine human cell types." Nature 473.7345 (2011): 43-49.