

Картирование топологически ассоциированных доменов на хромосомах типа ламповых щеток домашней курицы**Научный руководитель – Красикова Алла Валерьевна***Старшова П.А.¹, Маслова А.В.²*

1 - Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет, Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: pstrsh@gmail.com*; 2 - Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет, Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: antonia.maslova@gmail.com*

Благодаря появлению метода Hi-C (genome-wide chromosome conformation capture), в составе хромосомных территорий в интерфазном ядре были выявлены топологически-ассоциированные домены (ТАД) - домены хроматина, в составе которых участки генома преимущественно контактируют друг с другом. ТАД состоят из выпетливаний хроматина, обеспечивающих локальную активацию или репрессию участков генома. С помощью цитологических методов было установлено соответствие ТАД бэндам политенных хромосом *Drosophila melanogaster*. Однако ТАД существенно отличаются у представителей различных таксонов. В связи с этим особый интерес представляет сопоставление топологически ассоциированных доменов с другой цитогенетической структурой - хромомерно-петлевыми комплексами. Таким образом, перспективным объектом для цитогенетического картирования ТАД являются гигантские хромосомы типа ламповых щеток. Хромосомы типа ламповых щеток имеют характерную хромомерно-петлевою организацию: они организованы в виде серии хромомеров и парных транскрипционно-активных латеральных петель.

Цель настоящей работы состояла в сопоставлении топологически ассоциированных доменов (ТАД) и хромомерно-петлевых комплексов гигантских хромосом типа ламповых щеток домашней курицы (*Gallus gallus domesticus*). Была проведена флуоресцентная гибридизация *in situ* (FISH) на метафазных хромосомах и хромосомах типа ламповых щеток домашней курицы. В качестве зондов были использованы меченые ВАС-клоны из геномной библиотеки курицы CHORI261, содержащие фрагменты ДНК ТАД (всего 24 зонда). ТАД интерфазных ядер фибробластов курицы были определены с помощью метода Hi-C в работе В.Фишмана и соавторов (Fishman et al., 2018). Расстояние между последовательностями ДНК зондов составляло не менее 500 т.п.н. Анализ микрофотографий метафазных хромосом показал, что гибридизация всех ДНК-зондов, кроме 22K7 и 139J13, происходит к заявленным хромосомам. ДНК-зонды 139J13 и 22K7 гибридизуются на микрохромосомы, вместо ожидаемой четвертой хромосомы.

Анализ микрофотографий макрохромосомы 2 на препаратах хромосом типа ламповых щеток показал, что гибридизация ДНК-зондов 182I12, 179E9 и 133G24, подобранных к трем соседним ТАД, происходит в области трех близлежащих хромомеров. FISH ДНК-зондов 49F17, 96N10, 2P8, подобранных к 3 соседним ТАД, с макрохромосомой 4 показала, что ДНК-зонд 49F17 гибридизуется в области исходящей из хромомера латеральной петли, 96N10 - частично гибридизуется в области той же петле, а также в области моста. Гибридизация ДНК-зонда 2P8 происходила в область близлежащего к мосту хромомера. Гибридизация ДНК-зонда 31C6 к одному ТАД происходила в область одного хромомера микрохромосомы 14. ДНК-зонды 22J21 и 119E18, подобранные к соседнему ТАД, гибридизовались в область исходящей из хромомера латеральной петли. Таким образом,

ТАД интерфазных ядер в гигантских хромосомах типа ламповых щеток могут соответствовать как небольшим хромомерам, так и исходящим из хромомеров петлям.
Работа выполнена при поддержке гранта РФФ № "19-74- 20075.