

ОТЗЫВ НА АВТОРЕФЕРАТ ДИССЕРТАЦИОННОЙ РАБОТЫ
ЛУКЪЯНЧИКОВОЙ ВАРВАРЫ АЛЕКСЕЕВНЫ
«ОСОБЕННОСТИ ТРЕХМЕРНОЙ ОРГАНИЗАЦИИ ХРОМАТИНА У
ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ КОМАРОВ РОДА *ANOPHELES*»

представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук
по специальности 1.5.22. – Клеточная биология.

Диссертационная работа Варвары Алексеевны Лукьянчиковой посвящена исследованию пространственной организации генома малярийных комаров. Эта тематика является крайне актуальной не только с позиций фундаментального знания, но и с практической точки зрения, поскольку геномная пластичность, проявляющаяся в том числе и на уровне трехмерной организации генома комаров, позволяет этим животным легче адаптироваться к изменяющимся условиям существования.

Для решения поставленной задачи В.А. Лукьянчикова провела процедуру Hi-C на эмбрионах 5 родственных видов малярийных комаров. Это позволило уточнить имеющиеся сборки геномов для двух видов комаров, а для трех видов собрать геномы заново. Помимо этого, это позволило идентифицировать большое число геномных инверсий, некоторые из которых предположительно могут иметь отношение к смене питания комаров с животных на человека. Детальный анализ карт Hi-C контактов позволил описать все известные уровни организации хроматина у комаров – от компартментов, до топологически-ассоциированных доменов (ТАДов) и до петлевых контактов. Деление на активный (А) и неактивный (В) компартменты было подтверждено методом ChIP-seq, который показал прекрасное соответствие между модификациями гистонов, характерных для активного или неактивного хроматина, и соответствующим типом компартментов, выявленным по данным Hi-C. Наконец, В.А. Лукьянчикова обнаружила множество петель в геноме комаров, часть которых имели очень значительную (до нескольких млн.п.н.) протяженность. Интересно, что многие петли не содержали в своем основании сайты связывания репрессивных или активационных комплексов, вовлеченных в формирование аналогичных структур у других организмов. Пространственная сближенность оснований петель была подтверждена с помощью метода двуцветной FISH.

В связи с этой частью работы у меня возник вопрос, как В.А. Лукьянчикова с коллегами отличали протяженные петли от геномных инверсий, которые выглядят на Hi-C картах довольно похоже и дают сходную картину при анализе методом FISH?

