

## Architecture du génome chez le ver à soie *Bombyx mori*, un modèle holocentrique

En plus de leur rôle essentiel dans la ségrégation des chromosomes, les centromères ont un impact important sur l'organisation linéaire et spatiale des génomes. En particulier, les expériences de Hi-C chez de nombreux organismes modèles montrent que le regroupement des centromères est la caractéristique la plus frappante des contacts inter-chromosomiques et qu'ils forment un sous-compartiment spécifique à l'intérieur du noyau. De plus, les centromères forment une barrière à l'intérieur de chaque chromosome et réduisent ou même empêchent certains types de contacts entre les deux bras chromosomiques adjacents. Par conséquent, dans la plupart des expériences de capture de la conformation des chromosomes, ce sont les bras de chromosomes qui constituent les unités de base, et non les chromosomes entiers.

Dans ce tableau, peu de données ont été rapportés sur l'architecture des génomes d'espèces qui ont des centromères multiples et tout le long de chaque chromosome qui sont appelés holocentriques. Nous essayons de combler cette lacune en étudiant le ver à soie *Bombyx mori*, un insecte (lépidoptère) représentatif de cette catégorie et disposant d'un assemblage du génome de bonne qualité pour pouvoir effectuer des analyses NGS. En commençant par une analyse génomique de base en combinaison avec des expériences ChIP-seq et Hi-C, nous montrons que le génome de *Bombyx* partage certaines caractéristiques avec l'autre représentant connu du mode de vie holocentrique : *Caenorhabditis elegans*. En outre, l'étude des cartes Hi-C d'embryons tardifs (post-diapauses) de *B. mori* nous a permis de décrire des caractéristiques architecturales courantes, telles que des compartiments A et B, des TAD et des boucles, mais également des régions présentant un profil de contact particulier et non décrit précédemment. Ces régions présentent des interactions à courte distance, formant une structure de type TAD assez forte, mais très peu ou pas d'interactions à plus longue distance, avec d'autres régions génomiques ou entre elles. Dans l'ensemble, l'intégration des diverses données génomiques qui sont maintenant entre nos mains nous conduira à une meilleure caractérisation et compréhension de l'architecture du génome de *B. mori*.

**Auteur principal:** MULLER, Heloise (CNRS UMR3664 - Institut Curie)

**Co-auteurs:** M. GIL JR., José (IC); Dr DRINNENBERG, Ines (IC)

**Orateur:** MULLER, Heloise (CNRS UMR3664 - Institut Curie)