

## Streszczenie

Trójwymiarowa struktura genomu odgrywa kluczową rolę w regulacji genów i funkcjach komórkowych, wpływając na przestrzenną organizację chromatyny oraz interakcje między elementami genomowymi. Ostatnie postępy w dziedzinie genomiki 3D znacząco wzbogaciły wiedzę na temat wpływu struktury chromatyny na ekspresję genów i procesy biologiczne. Pętle chromatynowe umożliwiają długozasięgowe interakcje chromatynowe, mediowane przez specyficzne czynniki białkowe, takie jak kompleksy kohezyny i CTCF.

W pracy opisane zostało zaimplementowane narzędzie ChromoLooping (<https://github.com/SFGLab/ChromoLooping>) służące do modelowania struktury trójwymiarowej chromatyny z danych mikroskopii super rozdzielczej oraz wykorzystanie narzędzia do odzyskania kształtu pętli chromatynowej ze zdjęć mikroskopowych technologii iPALM. W projekcie uzyskać precyzję lokalizacji aż do 2 nm, co dało symulowaną rozdzielczość genomyczną 10 pb. Dodatkowo przedstawiono zastosowanie ChromoLooping do modelowania struktury chromatyny z publicznie dostępnych wielodomenowych zdjęć mikroskopii świetlnej oraz pracę nad dostosowaniem ChromoLooping do zdjęć mikroskopii konfokalnej.

W drugiej części pracy opisano implementację narzędzia nf-HiChIP (<https://github.com/SFGLab/hichip-nf-pipeline>) do automatycznej analizy danych HiChIP. Narzędzie to pozwala na równoległe przetwarzanie wielu próbek danych HiChIP oraz CHIP-seq i wspiera automatyczną analizę wielu replikatów, ich łączenie, oraz analizę połączonej próbki. Przedstawiono także projekty, w których narzędzie jest wykorzystywane oraz zaproponowaną kompleksową analizę porównawczą wielu próbek danych genomiki trójwymiarowej pochodzących z sekwencjonowania nowej generacji (NGS).

W pracy przedstawione zostały dwa podejścia do badania struktury trójwymiarowej, jedno wywodzące się z technik mikroskopowych i obserwacji konformacji DNA w pojedynczych komórkach i drugie skupiające się na populacyjnych danych genomicznych. Te dwie dziedziny w połączeniu stanowią kompleksowe narzędzie do badania architektury chromatyny. Niniejsza praca nie tylko pogłębia zrozumienie trójwymiarowej struktury chromatyny, ale także oferuje innowacyjne metody badania dynamicznych interakcji w obrębie genomu.

**słowa kluczowe:** struktura trójwymiarowa, przetwarzanie obrazu, chromatyna, sekwencjonowanie nowej generacji