

**Происхождение и эволюция половых и добавочных хромосом копытного лемминга (*Dicrostonyx torquatus*)**

**Научный руководитель – Макунин Алексей Игоревич**

**Прокопов Дмитрий Юрьевич**

*Студент (магистр)*

Институт молекулярной и клеточной биологии Сибирского отделения РАН,  
Новосибирск, Россия

*E-mail: dprokopov@mcb.nsc.ru*

Молекулярно-цитогенетические методы позволили выявить гомологию хромосом и их сегментов у многих видов позвоночных, в результате чего выяснилось, что скорость хромосомной эволюции варьирует между ветвями филогенетического древа. Среди всех исследованных млекопитающих самыми высокими скоростями изменения кариотипов обладают мышевидные грызуны. Сравнительный анализ видов этой группы является перспективным для изучения механизмов хромосомных перестроек.

Кариотип копытного лемминга обладает несколькими интересными особенностями:

- 1) Необычной системой половых хромосом, характеризующейся транслокацией X хромосомы на аутосому, отсутствием Y хромосомы и наличием необычного варианта X-хромосомы, приводящего к существованию гетерогаметных самок
- 2) Рекордно высоким количеством переменных по размеру добавочных хромосом (B-хромосом)

Ранее нашей лабораторией была получена библиотека сортированных хромосом копытного лемминга и изучены гомологичные районы с другими видами грызунов путем хромосомного пэинтинга. В настоящей работе мы провели секвенирование и анализ хромосомспецифичных библиотек, полученных как методом сортирования, так и путем микродиссекции для исследования состава всех элементов кариотипа.

Для анализа переменности добавочных хромосом лемминга мы исследовали линию клеток, полученную из фибробластов самца *D. torquatus* и показали, что ее кариотип состоит из 45 A-хромосом и 8-14 переменных по размеру B-хромосом. С помощью метода микродиссекции с одной метафазной пластинки мы вырезали 14 B-хромосом, провели амплификацию и мечение ДНК отдельных хромосом, проверили хромосомспецифичность с помощью FISH на метафазных хромосомах *D. torquatus* и секвенировали полученные библиотеки на платформе Illumina MiSeq.

Прочтения, полученные в результате секвенирования 24 сортировочных пиков на платформе Illumina MiSeq, были очищены от адаптеров и выровнены на геном домового мыши (*M. musculus*) и человека (для исключения контаминационной ДНК). Был проведен поиск районов, представленных на хромосомах и получены координаты хромосомных перестроек относительно генома *M. musculus*. 13 синтенных районов были обнаружены впервые. Не было обнаружено Y-хромосомных районов ни в одной из библиотек хромосом копытного лемминга.

В результате анализа как сортированных так и микродиссекционных библиотек, в составе B-хромосом копытного лемминга обнаружено 8 геномных районов с 14 полными генами и 8 геными фрагментами, показано функциональное обогащение генами, связанных с цитоскелетом клетки.

Проведен кластерный анализ состава повторенной ДНК копытного лемминга с аннотацией по базе данных RepBase для млекопитающих, в ходе которого выяснилось, что В-хромосомы обогащены ERV3 и обеднены SINE ретроэлементами.

Таким образом, наша работа демонстрирует новые возможности описания геномов методами высокопроизводительного секвенирования.

Работа поддержана грантом РФФИ 17-00-00146 КОМФИ.