

**Эволюция рекомбинации в геномах представителей инфраотряда
Гекконообразные (Gekkota, Squamata, Reptilia)****Научный руководитель – Лисачев Артем Павлович****Тишакова Катерина Валерьевна**

Студент (магистр)

Новосибирский государственный университет, Факультет естественных наук,
Новосибирск, Россия

E-mail: 95katerina95@mail.ru

Мейотическая рекомбинация (кроссинговер) способствует репарации ДНК, правильной сегрегации гомологичных хромосом, а также увеличивает генетическое разнообразие особей в популяции. Распределение кроссоверных обменов и интенсивность рекомбинации сильно варьируют между различными организмами. Предполагается, что эти различия могут иметь адаптивное значение, однако данный вопрос по-прежнему остается без окончательного решения.

Удачной моделью для изучения данной проблемы являются представители инфраотряда Гекконообразные (Gekkota, Squamata, Reptilia). В отличие от млекопитающих, которые обладают большим разнообразием кариотипов, и, как следствие, большой вариацией рекомбинации, гекконы характеризуются эволюционно стабильными кариотипами, со сравнительно малым количеством перестроек.

С помощью метода иммунолокализации ключевых белков мейоза (SYCP3, белок латеральных элементов синаптонемного комплекса (СК); MLH1, белок мисматч-репарации, ассоциированный с точками рекомбинации; и белки центромеры) мы провели сравнительный анализ интенсивности рекомбинации и распределения кроссоверов по длине хромосом для представителей двух крупных семейств: Gekkonidae (*Paroedura bastardi*, *Paroedura picta*, *Hemidactylus triedrurus* и *Hemidactylus platyurus*) и Diplodactylidae (*Rhacodactylus auriculatus*).

Сравнив общие характеристики синапсиса и рекомбинации, мы обнаружили, что наибольшим числом обменов на клетку обладает вид *R. auriculatus* ($29,6 \pm 2,9$ MLH1), который дивергировал раньше всех остальных. В то же время, наибольшая длина СК на клетку характерна для вида *H. platyurus* ($208,7 \pm 45,1$ мкм).

В исследованиях эволюции синтении хромосом гекконов в качестве референсного кариотипа используется кариотип вида *Gekko japonicus* [1]. Мы проанализировали синапсис и рекомбинацию у гомологов второй хромосомы *G. japonicus*, которые можно идентифицировать в кариотипах *H. triedrurus*, *P. bastardi* и *P. picta*. Результаты анализа не выявили достоверных различий в длине гомологов у видов *H. triedrurus* и *P. bastardi* ($20,3 \pm 2,4$ мкм и $20,8 \pm 3,8$ мкм) и уровне рекомбинации на данных хромосомах ($1,9 \pm 0,4$ MLH1 и $1,9 \pm 0,1$ MLH1). Однако у вида *P. picta* гомолог имел отличные значения по аналогичным параметрам ($23,2 \pm 5,1$ мкм и $2,1 \pm 0,5$ MLH1). Распределение кроссоверов на гомологичных хромосомах оказалось схожим у всех трех видов.

Таким образом, представители семейства Gekkonidae демонстрируют консервативные паттерны рекомбинации, которые вероятно поддерживаются стабилизирующим отбором. Различия в интенсивности рекомбинации между исследованными видами семейств Gekkonidae и Diplodactylidae могут быть обусловлены разной морфологией хромосом в кариотипе и разной экологией видов.

Источники и литература

- 1) Pokorná M. J. et al. Low rate of interchromosomal rearrangements during old radiation of gekkotan lizards (Squamata: Gekkota) //Chromosome Research. – 2015. – Т. 23. – №. 2. – С. 299-309.