

Изучение генетического состава половых и добавочных хромосом чешуйчатых (Squamata, Reptilia) с помощью секвенирования изолированных хромосом

Научный руководитель – Трифонов Владимир Александрович

Кичигин Илья Геннадьевич

Сотрудник

Институт молекулярной и клеточной биологии Сибирского отделения РАН,
Новосибирск, Россия
E-mail: kig@mcb.nsc.ru

У ящериц зафиксировано удивительное разнообразие систем определения пола, встречается как генетическое определение пола (XY и ZW системы), так и температурное [1]. Даже у близкородственных видов отмечались переходы от одной системы к другой, что делает этот таксон перспективным модельным объектом для изучения эволюции систем определения пола. Ещё одной интересной особенностью этого таксона являются частые случаи слияния аутосом с половыми хромосомами в некоторых семействах [2]. Стоит отметить, что чешуйчатые с точки зрения геномов изучены недостаточно хорошо: геномы только 22 видов были секвенированы (15 змей и 7 ящериц), а отчасти собран только один (*Anolis carolinensis*) [3]. Добавочные хромосомы чешуйчатых, до недавнего времени, были изучены только цитогенетически [4].

В этой работе мы обнаружили основные тенденции эволюции половых хромосом трех семейств чешуйчатых — анолисовых, гекконовых и варановых. С помощью проточного сортирования мы получили хромосом-специфические библиотеки для следующих видов - *A. carolinensis*, *A. sagrei*, *Hemidactylus platyurus* и *Varanus komodoensis*. Также для *A. carolinensis* удалось отсортировать библиотеку специфичную для добавочной хромосомы. С помощью секвенирования нового поколения хромосом-специфических библиотек мы охарактеризовали содержание и структуру микрохромосом исследуемых видов. Это позволило нам провести картирование незаякоренных скэффолдов *A. carolinensis* на микрохромосомы этого вида, тем самым дополнив сборку генома каролинского анолиса.

Для биоинформатического анализа данных секвенирования изолированных хромосом нами был разработан набор инструментов [5]. Анализ показал, что половые хромосомы *A. sagrei* претерпели слияние с тремя микроаутосомами; добавочная хромосома *A. carolinensis* состоит как минимум из 10 дуплицированных аутосомных участков; в изученных семействах чешуйчатых наблюдается тенденция использования одних и тех же групп сцепления в формировании половых хромосом.

Источники и литература

- 1) Ezaz T, Sarre SD, O'Meally D, et al (2009) Sex Chromosome Evolution in Lizards: Independent Origins and Rapid Transitions. *CGR* 127:249–260.
- 2) Pennell MW, Kirkpatrick M, Otto SP, et al (2015) Y Fuse? Sex Chromosome Fusions in Fishes and Reptiles. *PLOS Genetics* 11:e1005237.
- 3) Alföldi J, Di Palma F, Grabherr M, et al (2011) The genome of the green anole lizard and a comparative analysis with birds and mammals. *Nature* 477:587–591.
- 4) Bertolotto CEV, Pellegrino KCM, Yonenaga-Yassuda Y (2004) Occurrence of B chromosomes in lizards: a review. *CGR* 106:243–246.
- 5) <https://github.com/lca-imcb/dopseq> (Isolated chromosome sequencing analysis)