

**МЕЖДУНАРОДНАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ  
ХРОМОСОМА 2023  
МАТЕРИАЛЫ**



**INTERNATIONAL CONFERENCE  
CHROMOSOME 2023  
ABSTRACTS**

**5 - 10 сентября 2023, Новосибирск  
September 5 - 10, 2023, Novosibirsk, Russia**

ИНСТИТУТ МОЛЕКУЛЯРНОЙ И КЛЕТОЧНОЙ БИОЛОГИИ СО РАН  
СИБИРСКОЕ ОТДЕЛЕНИЕ РАН  
НОВОСИБИРСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

**МЕЖДУНАРОДНАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ  
ХРОМОСОМА 2023**

Материалы

5 – 10 сентября 2023 г.

Новосибирск

2023

УДК 57  
ББК 28  
Х 942

**Редакционная коллегия**

акад. РАН *И. Ф. Жимулев*, член-корр. РАН *А. С. Графодатский*,  
д-р биол. наук *И. Ю. Баклушинская*, д-р биол. наук *Ю. Ф. Богданов*,  
д-р биол. наук *А. В. Вершинин*, канд. биол. наук *Н. Е. Воробьева*,  
д-р биол. наук *Е. Р. Гагинская*, акад. РАН *П. Г. Георгиев*,  
акад. РАН *С. Г. Георгиева*, д-р биол. наук *А. И. Калмыкова*,  
д-р биол. наук *Т. Д. Колесникова*, акад. РАН *А. В. Кочетов*,  
д-р биол. наук *В. А. Лухтанов*, д-р биол. наук *С. А. Романенко*,  
д-р биол. наук *Н. Б. Рубцов*, д-р биол. наук *В. А. Трифонов*

**Х 942** Хромосома – 2023 : материалы Междунар. конф. 5–10 сентября 2023 г. / Ин-т молекулярной и клеточной биологии СО РАН ; Новосиб. гос. ун-т. — Новосибирск : ИПЦ НГУ, 2023. — 226 с.

ISBN 978-5-4437-1514-8

Сборник материалов содержит тезисы докладов и постеров, представленных на Международной конференции «Хромосома – 2023». Основные результаты, представленные на конференции, посвящены организации и эволюции хромосом и геномов, гетерохроматину, генетической организации интерфазных хромосом, структуре ядра и другим темам. Материалы представляют интерес для научных сотрудников, работающих в области генетики и молекулярной биологии.

УДК 57  
ББК 28

ISBN 978-5-4437-1514-8  
DOI 10.25205/978-5-4437-1514-8

© Новосибирский государственный  
университет, 2023  
© ИМКБ СО РАН, 2023

## Репродуктивные барьеры, размер генома и состав повторов у эндемичных видов байкальских амфипод (Crustacea: Amphipoda) рода *Eulimnogammarus*

Дроздова П.Б.<sup>1</sup>, Саранчина А.Е.<sup>1</sup>, Золотовская Е.Д.<sup>1</sup>, Такки О.Д.<sup>2</sup>, Галкина С.А.<sup>2</sup>, Тимофеев М.А.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Иркутский государственный университет, г. Иркутск

<sup>2</sup> Санкт-Петербургский государственный университет, г. Санкт-Петербург

Древние озёра являются известными точками взрывного видообразования, но даже среди них Байкал, возраст которого составляет 25-30 млн лет, выделяется по видовому разнообразию (Cristescu *et al.*, 2010, doi: 10.1111/j.1365-294X.2010.04832.x). Одной из наиболее крупных групп близкородственных видов в Байкале являются рачки-амфиподы (Crustacea: Amphipoda: Gammaroidea). Морфологических видов амфипод в Байкале насчитывается более 350 (Takhteev, 2000, doi: 10.1016/S0065-2504(00)31013-3), а с учётом видов-двойников существенно больше (Väinölä and Kamaltynov, 1999, <https://www.jstor.org/stable/20106211>). Частично разнообразие амфипод в Байкале можно объяснить широким спектром местообитаний и экологических ниш: виды этой группы различаются по глубине обитания (0–1642 м), способу питания, периоду размножения. Тем не менее, многие виды обитают совместно, обладая при этом сходными размерами, спектрами питания и периодом размножения, что вызывает вопрос о барьерах, обеспечивших их видообразование. Согласно данным для 36 видов, размер геномов байкальских амфипод варьирует почти на порядок (от 2 до 17 пг); найдена слабая положительная корреляция размера генома с максимальной длиной тела особей и глубиной обитания вида (Jeffery *et al.*, 2017, doi:10.1139/gen-2016-0128). При этом число хромосом в кариотипах идентично ( $2n = 52$ ) для 33 из 34 изученных видов (Salemaa and Kamaltynov, 1994, <https://eurekamag.com/research/009/548/009548816.php>; Natyaganova and Sitnikova, 2012, doi: 10.11352/scr.15.43). Стабильность кариотипа при изменчивости размера генома указывает на вклад повторяющихся последовательностей.

В данной работе мы сконцентрировались на изучении организации геномов у массовых литоральных видов байкальских амфипод из рода *Eulimnogammarus*. Виды *E. verrucosus*, *E. vittatus* и *E. cyaneus* часто встречаются совместно, но отличаются по таким параметрам, как размер тела и размер генома (около 6,1, 4 и 3,8 пг по данным денситометрии ядер, окрашенных по Фельгену, соответственно; Jeffery *et al.*, 2017). Кроме того, в Байкале *E. verrucosus* составляют по крайней мере три географически разделённые криптические генетические линии (Gurkov *et al.*, 2019, doi: 10.1186/s12862-019-1470-8; Drozdova *et al.*,

2022, doi: 10.3390/ijms231810858). В этой работе мы нашли статистически значимые различия между размером геномов в трёх известных генетических линиях байкальских *E. verrucosus*: наибольшим (8,0 пг) оказался размер генома представителей южной линии (S), средним (6,9 пг) — западной (W) и самым маленьким (6,1 пг) — восточной (E). Что важно, мы обнаружили существование как презиготического, так и постзиготического межвидового барьера между этими линиями, что позволяет нам говорить о трёх биологических видах. Оценки размера геномов для *E. vittatus* (4,7 пг) и *E. cyaneus* (4,1 пг) согласуются с опубликованными данными (Jeffery *et al.*, 2017) при учёте известной разницы между значениями, получаемыми методами денситометрии и проточной цитометрии. Для выявления причин обнаруженной разницы в размерах геномов мы изучили спектр повторов у пяти изучаемых видов с помощью секвенирования в низком покрытии и обнаружили, что большинство повторов является сателлитами, а обилие повторов в каждом изученном геноме имеет положительную корреляцию с размером. Состав повторов внутри видов, входящих в морфологический вид *E. verrucosus*, принципиально схож, в то время как различия повторов в геномах этих видов и в геномах *E. vittatus* и *E. cyaneus* гораздо более значительны. Дополнительно мы оценили предполагаемое время расхождения видов на основе восстановленных полных митохондриальных геномов. Согласно этой оценке, общий предок трёх изученных *E. verrucosus* существовал около 4,6 млн. лет назад, а общий предок *E. verrucosus* и *E. vittatus* — около 6,5 млн. лет назад. Можно предположить, что разделение этих морфологических видов было связано с отбором, затронувшим в том числе и повторяющиеся последовательности. Наконец, на основе полученных последовательностей наиболее распространённых классов повторов были подобраны зонды для флуоресцентной гибридизации *in situ*, и мы выяснили, что повторы двух наиболее частых классов распределены по большинству хромосом у *E. verrucosus*. Таким образом, полученные данные позволяют говорить о существенном вкладе повторяющихся последовательностей в эволюцию геномов байкальских амфипод.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда No 22-14-00128, <https://rscf.ru/project/22-14-00128/>.