



СГУ ИМ. Н.Г. ЧЕРНЫШЕВСКОГО
14 - 19 ИЮНЯ 2024
САРАТОВ

СБОРНИК ТЕЗИСОВ МЕЖДУНАРОДНОГО КОНГРЕССА

**VIII СЪЕЗД ВАВИЛОВСКОГО ОБЩЕСТВА
ГЕНЕТИКОВ И СЕЛЕКЦИОНЕРОВ,**
ПОСВЯЩЕННЫЙ 300-ЛЕТИЮ
РОССИЙСКОЙ НАУКИ И
ВЫСШЕЙ ШКОЛЫ



congress.
vogis.
org



ВАВИЛОВСКОЕ
ОБЩЕСТВО
ГЕНЕТИКОВ
И СЕЛЕКЦИОНЕРОВ
(ВОГиС)

САРАТОВСКИЙ
НАЦИОНАЛЬНЫЙ
ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
ГОСУДАРСТВЕННЫЙ
УНИВЕРСИТЕТ
им. Н. Г. ЧЕРНЫШЕВСКОГО
(СГУ)



МЕЖДУНАРОДНЫЙ КОНГРЕСС

«VIII Съезд Вавиловского общества

генетиков и селекционеров, посвященный

300-летию российской науки и высшей школы»

Саратов

14-19 июня 2024 года

INTERNATIONAL CONGRESS

“VIII CONGRESS OF THE VAVILOV SOCIETY OF GENETICISTS AND BREEDERS,

DEDICATED TO THE 300TH ANNIVERSARY

OF RUSSIAN SCIENCE AND HIGHER EDUCATION”

SARATOV

JUNE 14-19, 2024

СБОРНИК ТЕЗИСОВ

BOOK OF ABSTRACTS

ББК 28/04
УДК 575.1/2

Международный Конгресс «VIII Съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, посвященный 300-летию российской науки и высшей школы». Саратов, 14–19 июня 2024 года | INTERNATIONAL CONGRESS “VIII Congress of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders, dedicated to the 300th anniversary of Russian science and higher education” Saratov, June 14–19, 2024 Издательский дом «Петрополис», Санкт-Петербург, 2024. — 804 с.

В сборнике тезисов Международного Конгресса «VIII Съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, посвященный 300-летию российской науки и высшей школы» (14-19 июня 2024 г., Саратов, Россия) представлены тезисы докладов участников Конгресса, одобренных программным комитетом. Тезисы опубликованы в авторской редакции.

Научное электронное издание

Статьи печатаются в авторской редакции.

ISBN 978-5-9676-1604-4

© Межрегиональная общественная организация
Вавиловское общество генетиков и селекционеров
(ВОГиС), 2024
© Коллектив авторов, 2024
© ИД «Петрополис», 2024



Идентификация последовательностей, входящих в конститутивный гетерохроматин генома японского перепела

М.М. Кулак¹, С.А. Галкина²

¹ БИН РАН, Научный Парк СПбГУ, РЦКП «Хромас», Санкт-Петербург

² Кафедра генетики и биотехнологии Санкт-Петербургского государственного университета, СПбГУ
ontica@mail.ru

Ключевые слова: гетерохроматин, повторяющаяся ДНК, рибосомные гены, рассеянные повторы, транспозоны.

Японский перепел *Coturnix japonica*, популярный модельный вид для большого круга биологических исследований. Характеризуется бимодальным кариотипом $2n = 78$, представленным восемью парами макрохромосом CJA1–8, половыми хромосомами CJAW и CJAZ и множеством субметацентрических микрохромосом. Размер генома перепела несколько больше, чем обычно у птиц: по сравнению с курицей в геноме перепела произошло заметное накопление гетерохроматина, что привело к его увеличению на 1/7 часть (1.41 пкг vs 1.25 пкг). Выраженные блоки гетерохроматина у перепела формируют преимущественно короткие плечи субметацентрических микрохромосом, а также перицентромерные и прителомерные области макро- и микрохромосом.

Ранее мы идентифицировали наиболее распространенные тандемные повторы в геноме перепела с содержанием > 1 млн п. н. В общем они составляют около 5% генома (Kulak et al., 2022). Охарактеризован тандемный повтор CjarSAT, который входит в состав прицентромерных районов макрохромосом CJA1–8. Тандемные повторы Cjar31B, вместе с ранее описанным *BglII*, формируют прицентромерные районы микрохромосом и W-хромосомы. Остальные повторы составляют гетерохроматин коротких плеч микрохромосом в неравных пропорциях, что выявлено методом флуоресценции гибридизации *in situ* (FISH). Последовательности повторов Cjar84A, Cjar408A и CjarSAT содержат фрагменты вырожденных ретротранспозонов.

Мы обнаружили, что фрагменты генов ядрышкового организатора тоже входят в состав гетерохроматина коротких плеч микрохромосом. С целью точной идентификации таких последовательностей мы клонировали последовательности из ПЦР-амплификата, который получили с использованием праймеров к гену 18S рРНК. Были выявлены химерные последовательности, состоящие из коротких фрагментов гена 18S рРНК, рассеянных повторов CR1-F2, CR1-Y2, CR1-Y4, а также мобильных элементов семейств Gypsy и ChrAsi. Локализация отдельных химерных последовательностей в составе коротких плеч микрохромосом была подтверждена с помощью FISH. Наши данные говорят о том, что, по всей видимости, ретроэлементы сыграли решающую роль в перераспределении тандемных повторов по геному японского перепела.

Авторы выражают благодарность Ресурсному центру «Хромас» научного парка СПбГУ.