

СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ ИССЛЕДОВАНИЙ КЛЕТОЧНОГО ЯДРА

Сборник тезисов докладов и сообщений,
представленных на XIX Всероссийском
симпозиуме «Структура и функции
клеточного ядра»

Санкт-Петербург
21 – 22 мая 2024 г.



BioVitrum

 **ХИММЕД**


**ФОНД
ГЕНЕТИЧЕСКИХ
ИННОВАЦИЙ**

STRUCTURE AND EVOLUTION OF NUCLEOLUS ORGANIZING REGIONS OF
INSECT CHROMOSOMES

V.G. Kuznetsova^{1}, V.E. Gokhman^{2**}*

¹Zoological Institute RAS, Saint Petersburg, *valentina.kuznetsova@zin.ru; ²Moscow
State University, **vegokhman@hotmail.com

Keywords: AgNOR, CMA₃, FISH, rDNA

**ХАРАКТЕРИСТИКА ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ, ВХОДЯЩИХ В
СОСТАВ КОНСТИТУТИВНОГО ГЕТЕРОХРОМАТИНА В ГЕНОМЕ
ЯПОНСКОГО ПЕРЕПЕЛА**

M.M. Kulak^{1}, C.A. Galkina²*

¹Ресурсный центр ЦКП «Хромас» научного парка Санкт-Петербургского
государственного университета; ²Кафедра генетики и биотехнологии Санкт-
Петербургского государственного университета, *m.kulak@spbu.ru

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

Перепел японский *Coturnix japonica* — это популярный модельный вид для многих биологических исследований. Он характеризуется бимодальным кариотипом $2n = 78$, представленным половыми хромосомами CJA_W и CJA_Z, восемью парами макрохромосом CJA1-8 и множеством субметацентрических микрохромосом. Размер генома перепела несколько больше, чем это 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 главным образом короткие плечи субметацентрических микрохромосом, а также перицентромерные и прителомерные области макро- и микрохромосом.

Ранее мы идентифицировали наиболее распространенные tandemные повторы в геноме перепела с содержанием > 1 млн п.н. В целом они составляют около 4.8—5% генома (Kulak et al., 2022). Охарактеризован tandemный повтор CjapSAT, который входит в состав прицентромерных районов макрохромосом CJA1-8. Тандемные повторы Cjap31B, вместе с ранее описанным *Bg*III, 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 Cјар84A, Cјар408A и CјарSAT содержат фрагменты вырожденных ретротранспозонов.

Кроме того, 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, полученного 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 tandemных повторов по геному японского перепела.

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

CHARACTERISTICS OF SEQUENCES INCLUDED IN CONSTITUTIONAL HETEROCHROMATIN IN THE JAPANESE QUAIL GENOME

M.M. Kulak^{1}, S.A. Galkina²*. ¹Chromas Core Facility at the Research Park of Saint Petersburg State University; ²Department of Genetics and Biotechnology, Saint Petersburg State University, ^{*}m.kulak@spbu.ru

Keywords: repetitive DNA, ribosomal DNA, transposable elements, heterochromatin