

Вавиловское общество генетиков и селекционеров
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова
Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова

при поддержке
Российской Академии Наук
Российской Академии Медицинских Наук
Российской Академии Сельскохозяйственных Наук
Российского Фонда Фундаментальных Исследований

ГЕНЕТИКА В XXI веке: современное состояние и перспективы развития

6-12 июня 2004

том II

Москва

МОРФОЛОГИЧЕСКАЯ И МОЛЕКУЛЯРНАЯ РЕОРГАНИЗАЦИЯ ХРОМОСОМ В ЭВОЛЮЦИИ МЛЕКОПИТАЮЩИХ

Рубцов Н.Б.¹, Рубцова Н.В.¹, Карамышева Т.В.¹, Андреенкова О.В.¹, Бочкарев М.Н.¹,
Картавецва И.В.², Рослик Г.В.²

¹Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, ²Биолого-почвенный институт ДВНЦ РАН

В эволюции млекопитающих достаточно четко выделяются два варианта реорганизации хромосом: 1 – перегруппировка консервативных элементов хромосом и формирование новых С-гетерохроматиновых районов, 2 – изменение консервативных хромосомных элементов. Сравнение кариотипов и геномов давно дивергировавших видов позволяет выявить результаты хромосомной реорганизации. Однако миллионы лет дивергенции привели к практически полному уничтожению особенностей организации существовавших в прошлом горячих точек хромосомных перестроек. Это сильно затрудняет выяснение молекулярных механизмов, определяющих эволюцию хромосом. Анализ морфологической и молекулярной изменчивости хромосом у представителей близкородственных видов, а также длительное время изолированных популяций одного вида является более перспективным в исследованиях, посвященных изучению механизмов реорганизации хромосомных районов, вовлеченных в процесс кариотипической эволюции. Таким характеристикам отвечают виды группы обыкновенных полевков из рода *Microtus*, один из которых состоит их двух хромосомных форм, а также популяции *Apodemus peninsulae* из Западной и Восточной Сибири, Хабаровского и Приморского краев, представители которых содержат В хромосомы, число и морфология которых сильно варьируют.

В ходе изучения кариотипического разнообразия у полевков четырех видов, входящих в группу *arvalis*, и у *Microtus agrestis*, было проведено исследование распределения повторенных последовательностей ДНК, входящих в состав прицентромерного и теломерного блоков структурного С-гетерохроматина, возникших *de novo* у двух особей *Microtus arvalis* хромосомной формы *obscurus*. Выявлена связь в распространении некоторых типов повторенных последовательностей и локализацией ядрышкообразующих районов. Показаны специфическая локализация определенных типов повторенных последовательностей в прицентромерных и теломерных районах и наличие кластеров повторенных последовательностей в горячих точках хромосомных перестроек в X хромосоме обыкновенных полевков.

Изучение молекулярной организации В хромосом *Apodemus peninsulae* выявило различия по составу ДНК их прицентромерных районов и плеч у образцов, отловленных в географически удаленных популяциях, показало связь между присутствием В хромосом определенного типа и распределением в А хромосомах некоторых типов повторенных последовательностей, а также между формированием в В хромосомах районов, обогащенных определенными типами повторов и формированием активных ЯО-районов.

В качестве основного подхода в настоящем исследовании был использован сравнительный цитогенетический и молекулярно-цитогенетический анализ различных видов и хромосомных рас. В ходе его выполнения были применены GTG-, C- и Ag-NOR дифференциальное окрашивание хромосом, получение районспецифичных ДНК-библиотек и ДНК-проб методом микродиссекции метафазных хромосом с последующей полимеразной цепной реакцией с частично вырожденным праймером, флуоресцентная *in situ* гибридизация с микродиссекционными ДНК-пробами и клонированными последовательностями ДНК.

В работе обсуждается роль распространения повторенных последовательностей и формирование кластеров повторов в процессе кариотипической эволюции и возникновении репродуктивной изоляции.

Получено в печать 15.05.2005 г.