

Секвенирование отдельных хромосом для анализа кариотипа копытного лемминга (*Dicrostonyx torquatus*)

Научный руководитель – Макунин Алексей Игоревич

Прокопов Дмитрий Юрьевич

Студент (магистр)

Новосибирский государственный университет, Факультет естественных наук,

Новосибирск, Россия

E-mail: dprokopov@mcb.nsc.ru

Методами цитогенетики было показано, что скорость хромосомной эволюции различается между ветвями филогенетического дерева млекопитающих. Выяснилось, что самыми высокими скоростями изменения кариотипов обладают мышевидные грызуны. Сравнительный анализ видов этой группы является перспективным для изучения механизмов хромосомных перестроек.

Копытный лемминг (*D. torquatus*) представляет интерес с точки зрения сравнительной геномики благодаря необычной и не до конца описанной системе половых хромосом, наличию большого числа добавочных хромосом и вариабельному диплоидному числу хромосом основного набора. Изучение кариотипа *D. torquatus* методами NGS позволит изучить происхождение, состав и эволюцию хромосом на более высоком уровне, нежели методами классической и молекулярной цитогенетики.

Целью научной работы является анализ полного кариотипа копытного лемминга (*D. torquatus*) путем секвенирования отдельных хромосом.

Суспензия хромосом *D. torquatus* была получена из фибробластов самца и было показано, что клеточная линия имеет кариотип с 45 А-хромосомами и 8-14 В-хромосомами. С помощью метода микродиссекции были изолированы 14 В-хромосом. Проведена амплификация и мечение ДНК отдельных хромосом, хромосомоспецифичность проверена с помощью FISH на метафазных хромосомах *D. torquatus*. В дальнейшем планируется провести секвенирование полученных библиотек на платформе Illumina MiSeq.

Ранее методом проточной цитометрии кариотип *D. torquatus* был разделен на отдельные пики. Прочтения, полученные в результате секвенирования 24 сортировочных пиков были очищены от адаптеров и выровнены на геном домового мыши (*Mus musculus*) и человека (для исключения контаминационной ДНК). Был проведен поиск районов, представленных на хромосомах и получены координаты хромосомных перестроек относительно генома *M. musculus*.

Проведен кластерный анализ состава повторенной ДНК с помощью RepeatExplorer с аннотацией по базе данных RepeatMasker для млекопитающих.

Таким образом, наша работа демонстрирует новые возможности для описания кариотипов методом NGS.

Работа поддержана грантом РФФИ 16-14-10009.