Lessons of studies of karyotypic and genomic evolution in animals, application of developed technique in the studies of karyotype and genome organization in plants

Rubtsov N.B.

The Federal Research Center Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences,
Russia, Novosibirsk; Novosibirsk State University, Russia, Novosibirsk
E-mail: rubt@bionet.nsc.ru

Key message. The present report is devoted to analysis of results obtained with modern molecular and molecular-cytogenetic methods in studies of karyotype and genome organization in various animal species. Perspectives of their application for the study of karyotype and genome organization in plants are considered and discussed.

Keywords: microdissected DNA libraries, FISH, DNA sequencing, 3D-microscopy

Development of methods used in chromosome and genome analysis in animals and plants differ significantly. Possibility of their application depends on many genome features including the genome size. Experimental approach earlier successfully applied for unusual examples of organization and evolution in animals belonged to the species from different phylogenetic lines characterized with contrast genome size should be considered for their application in studies of plant karyotypes and genomes.

In the report, our experience in generation of microdissected DNA libraries and DNA probes derived from metaphase chromosomes and their regions, 2D- and 3D-FISH, 3D microscopy, sequencing of microdissected DNA libraries in species differed according to their genome size was considered.

Molecular and molecular-cytogenetic analysis of genome organization and evolution in some species from *Macrostomum* genus revealed recent whole genome duplication followed with genome rediploidization accompanied with karyotypic and genome instability included high frequency of aneuploidy, structural chromosome rearrangements, repetitive DNA amplification, and B chromosome appearance. Genome size of these species is much smaller than in humans.

The study of genomes in songbirds discovered directed elimination of the large genome part in the majority of the cells. One of the large chromosomes is present only in the germline cells (Germline-Restricted Chromosome - GRC). In some songbirds, the GRC behavior in meiosis was described and microdissected DNA libraries derived from the GRCs were generated and sequenced. Genome size of the songbirds is a little smaller than in human.

DNA content of the B chromosomes and their location in 3D interphase nuclei was analyzed in two species of mice from *Apodemus* genus. Mechanisms of the B chromosome appearance, neo-sex chromosomes formation and their further evolution were investigated in some grasshopper species in which the genome size much large than human genome.

The possibility of application of the methods used in these studies in investigation of plant genomes is considered and discussed.

Опыт изучения эволюции кариотипа и генома животных, возможность использования апробированных подходов для изучения кариотипов и геномов растений

Рубцов Н.Б.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», Новосибирск, Россия; Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

Аннотация: В настоящая работа посвящена анализу результатов использования современных молекулярных и молекулярно-цитогенетических методов изучения кариотипов и геномов разных видов животных. Рассмотрены возможности их использования для изучения кариотипов и геномов разных видов растений.

Ключевые слова: микродиссекционные ДНК-библиотеки, FISH, ДНК секвенирование, 3D-микроскопия.

Развитие методов геномного и хромосомного анализ в исследованиях у растений и животных значительно отличается. Возможность их использования в значительной степени зависит от размера генома изучаемого вида. Представляется актуальным рассмотреть экспериментальные подходы, использованные для изучения необычных вариантов организации и эволюции геномов видов животных из разных филогенетических линий, геномы которых по размеру близки как небольшим геномам растений, так и геномам, размер которых близок к максимальному, оценить возможность их применения в исследования геномов растений.

В работе рассмотрен наш опыт получения и использования микродиссекционных ДНК-библиотек и ДНК-проб из хромосом и хромосомных районов разных видов, проведения 2-х и 3-х мерной FISH, 3D-микроскопии, секвенирования микродиссекционных ДНК-библиотек у видов, значительно отличающихся по размеру генома.

Анализ организации и эволюции генома нескольких видов макростомид, выявил недавно прошедшую полногеномную дупликацию с последующей редиплоидизацией генома, сопровождающейся различным уровнем геномной нестабильности, выраженном у разных видов в высокой частоте анеуплоидии, структурных хромосомных перестройках, амплификации повторенных последовательностей и возникновении В-хромосом. Размер генома этих видов в несколько раз меньше генома человека.

Изучение генома певчих птиц обнаружило направленную элиминацию части генома в большинстве клеток организма. Одна из самых крупных хромосом сохраняется только в клетках зародышевой линии. Проведен анализ поведения этой хромосомы в мейозе, у нескольких видов секвенированы микродиссекционные ДНК-библиотеки, полученные из таких хромосом. По размеру геном певчих птиц лишь незначительно уступает геному человека.

Проведен анализ состава ДНК и локализация в интерфазном ядре В-хромосом у двух видов мышей рода *Apodemus*. Проведено изучение механизма возникновения В-хромосом и новой системы половых хромосом у нескольких видов саранчовых, размер генома у которых в несколько раз превышает размер генома человека.

Рассмотрены возможности применения использованных методов при изучении организации и эволюции геномов у растений.