

Особенности митоза, мейоза и видового разнообразия гадюк рода *Vipera***Научный руководитель – Спангенберг Виктор Евгеньевич*****Редекон Илья Викторович****Аспирант*

Московский государственный областной университет, Москва, Россия

E-mail: redekopila@gmail.com

В России по разным оценкам обитает от пяти до девяти видов гадюк рода *Vipera*. Несмотря на исследования их морфологии, экологии, молекулярно-цитогенетические вопросы практически не изучались. Молекулярно-биологические методы не позволяют определить видовой статус многих форм, возможно гибридного происхождения. Выяснение особенностей мейоза, белковых и ДНК-маркеров синаптонемных комплексов у разных видов гадюк рода *Vipera* может помочь в решении данных проблем. Исследования данной группы ранее не проводились из-за сложностей работы с ядовитыми животными, несовместимости антител для исследований рептилий. Детальный анализ мейотических кариотипов позволяет значительно повысить информативность исследования по сравнению с молекулярными методами¹.

Наше исследование вида *Vipera berus*, самой распространенной змеи на Земле, позволили детально сравнить соматический и мейотический кариотипы с особым вниманием к ДНК- и белковым маркерам синаптонемных комплексов. Кариотип *V. berus* представляет собой ярко выраженный бимодальный кариотип, содержащий как 16 крупных макрохромосом, так и 20 очень мелких — микрохромосом². Было определено количество сайтов кроссинговера в пахитенных ядрах: среднее число сайтов белка MLH1 составляет 49,5, до 11 сайтов кроссинговера на один бивалент. Была установлена локализация ядрышкового организатора и важный маркер - уникальный блок гетерохроматина на аутосомном биваленте 6 (HR6), который не удавалось обнаружить на митотических хромосомах (Рисунок 1).

Сравнительное исследование двух видов *V. berus* и *V. renardi* показало, что у второго вида присутствует дополнительный блок гетерохроматина на биваленте 2 - HR2 (Рисунок 2). По-видимому, данные блоки гетерохроматина - результат хромосомных перестроек и ранее не выявлялись цитогенетическими методами. Обнаруженные маркеры, очевидно, могут быть важными видоспецифичными признаками, которые помогут разобраться в структуре рода *Vipera*.

Работа поддержана грантом РНФ 22-14-00227

Источники и литература

- 1) Spangenberg, V. FISH—and the Characterization of Synaptonemal Complex // Cytogenetics and Molecular Cytogenetics.: CRC Press. 2022, p. 297-305.
- 2) 2. Spangenberg, V., Redekop, I., Simanovsky, S. A., Kolomiets, O. Cytogenetic Analysis of the Bimodal Karyotype of the Common European Adder, *Vipera berus* (Viperidae) // Animals, 12(24), 3563.

Иллюстрации

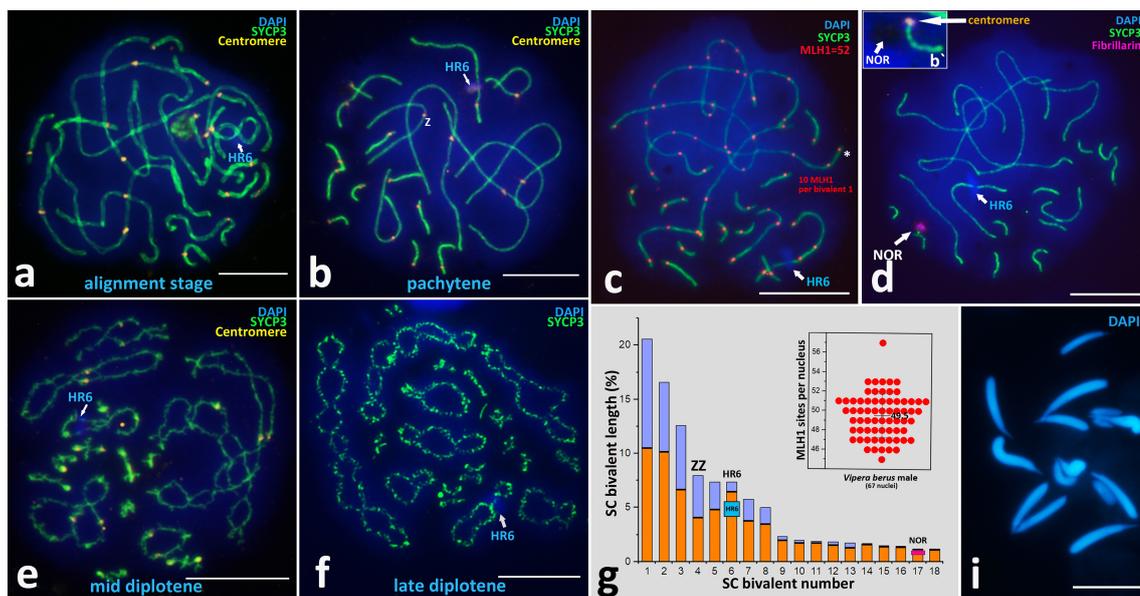


Рис. Рисунок 1. Иммуноцитохимическое исследование стадий профазы I мейоза в бимодальном кариотипе *V. berus*.

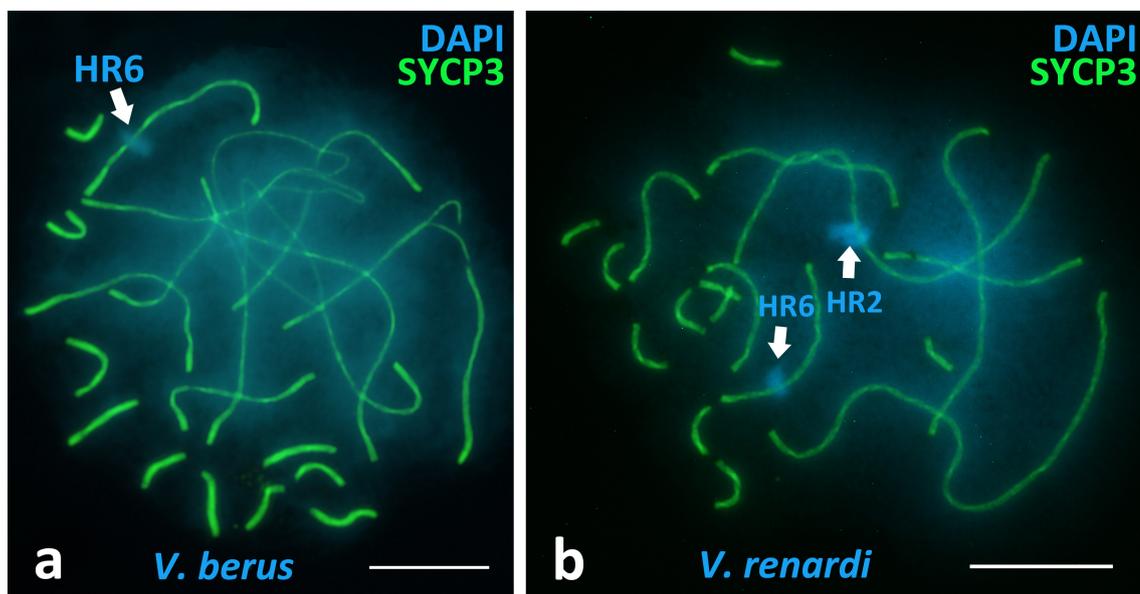


Рис. Рисунок 2. Сравнительное иммуноцитохимическое исследование профазы I мейоза *V. berus* и *V. renardi*.