

**18 апреля 2022** года приглашаем на заседание Междисциплинарного семинара **«БИОЛОГИЯ РАЗВИТИЯ»**:

Д.б.н. **Николай Борисович РУБЦОВ** (Институт цитологии и генетики СО РАН)

**«Экспансия повторяющихся последовательностей в геноме животных: ее значение для эволюции и онтогенеза»**

Семинар будет проходить в **14.00** в конференц-зале Института биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН

(ул. Вавилова, 26, М. Ленинский проспект).

Информация на сайте: <http://idbras.ru>, телефон для справок: 8-499-135-63-37.

Возможно удаленное участие. Ссылка на видеовстречу: <https://telemost.yandex.ru/j/69679807591568>

МЕЖДИСЦИПЛИНАРНЫЙ СЕМИНАР  
**БИОЛОГИЯ РАЗВИТИЯ**

Информация на сайте:  
<http://idbras.ru>  
телефон: 8-499-135-63-37

Институт биологии развития им. Н.К.Кольцова РАН Научный совет РАН по биологии развития

**ПОНЕДЕЛЬНИК, 18 апреля в 14.00**

**Экспансия повторяющихся последовательностей в геноме животных: ее значение для эволюции и онтогенеза**



**Рубцов Николай Борисович**  
Институт цитологии и генетики  
СО РАН

СЕМИНАР проходит в 14 часов в конференц-зале Института биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН ул. Вавилова, 26. М. Ленинский проспект

Возможно удаленное участие

Ссылка на видеовстречу:

<https://telemost.yandex.ru/j/69679807591568>

На основании данных изучения районов хромосом, обогащенных повторяющимися последовательностями ДНК, у видов лесных мышей, видов полевок рода *Microtus*, ряда видов саранчовых и палочников, а также молекулярной организации хромосомы певчих птиц (GRC), присутствующей только в клетках зародышевой линии, организации генома нескольких видов свободноживущих плоских червей, недавно прошедших через дубликацию генома, рассмотрен вопрос о значении экспансии повторяющихся

последовательностей для геномной эволюции и оттогенеза. Предложены механизмы повышения частоты внутривромосомных перестроек, возникновения нео-половых хромосом, GRC, формирования генетической изоляции копий хромосом. Также описаны примеры неканонического изменения пloidности в процессе видообразования, примеры видовой кариотипической нестабильности как в поколениях, так и в ходе онтогенеза.

Рассмотрены проблемы секвенирования и сборки геномов видов, недавно прошедших полногеномную дупликацию и значительную реорганизацию одного из предковых геномов.