Секция «Генетика»

Разнообразие и эволюция повторенной ДНК в геномах осетрообразных

Научный руководитель – Трифонов Владимир Александрович

Прокопов Дмитрий Юрьевич
Аспирант
Институт молекулярной и клеточной биологии Сибирского отделения РАН,
Новосибирск, Россия
E-mail: dprokopov@mcb.nsc.ru

В ходе эволюции позвоночных происходило несколько событий полногеномной дупликации (ПГД). Осетрообразные являются группой полиплоидных рыб, где процессы ПГД все еще происходят в разных линиях. Известно, что повторенные элементы играют ключевую роль в эволюции геномов и что экспансия повторов может быть связана с полиплоидизацией. В этой мы сосредоточились на анализе геномов функционально диплоидного (≈120 хромосом) представителя осетрообразных — стерляди (*Acipenser ruthenus*) и на функционально тетраплоидном (≈240 хромосом) сибирском осетре (*Acipenser baerii*).

Анализ сырых ридов, полученных в ходе секвенирования генома стерляди позволил выявить основные типы сателлитной ДНК. Физическое картирование тандемноорганизованной ДНК на метафазных пластинках стерляди с помощью метода FISH позволило обнаружить хромосомоспецифичные маркёры для 18 пар хромосом и позволило различить некоторые паралогичные хромосомы по рисунку локализации. Кроме того, эти сателлитные последовательности были использованы для описания кариотипа сибирского осетра. Они также оказались полезны в роли хромосомоспецифичных маркеров, различающие паралогичные хромосомы и выявляющие предковые синтенные районы и, кроме того, была показана экспансия некоторых повторённых элементов.

Биоинформатический анализ геномной сборки стерляди позволил аннотировать повторённые элементы, которые занимают 40,36% генома, причем рассеянные элементы занимают 23,44% генома, сателлитная ДНК — 3,56%, простые повторы — 2,45%, некодирующая РНК — 0,27%, 0,25% занимают районы низкой сложности, а 10,39% генома занимают неклассифицированные повторённые элементы. С помощью этой библиотеки был произведен анализ экспрессии мобильных генетических элементов в 8 тканях. Оказалось, что некоторые мобильные генетические элементы активно экспрессируются в большинстве тканей, а некоторые показывают тканеспецифичную экспрессию, что свидетельствует о наличии копий активных мобильных генетических элементов и о сниженном контроле их экспрессии.

Работа поддержана грантом РНФ № 18-44-04007