

Ассоциация полиморфизма ISSR и IRAP маркеров с особенностями геномной локализации на примере представителей млекопитающих и пресмыкающихся*Блохин И.Г.¹, Апашикин П.С.²*

1 - Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева, Зоотехнии и биологии, Зоологии, Москва, Россия, *E-mail: blokhin.ivan96@gmail.com*; 2 - Московский финансово-промышленный университет «Синергия», Москва, Россия, *E-mail: pavel.ap.97@gmail.com*

Микросателлиты и ретротранспозоны являются наиболее полиморфными участками генома и удобными инструментами для описания популяционно-генетической структур разных видов (Блохин, Глазко, 2021; Календарь, Глазко, 2002). Одной из проблем использования таких маркеров в популяционно-генетических исследованиях являются отличия в полиморфизмах спектров продуктов амплификации, полученных в полимеразной цепной реакции, с использованием в качестве праймеров различных нуклеотидных последовательностей. Можно ожидать, что один из подходов к подбору наиболее полиморфных маркеров может быть выяснение локализации в геномах участков гомологии к праймерам и нуклеотидных последовательностей, способствующих повышенной изменчивости таких районов. К последним могут относиться, в частности, транспозоны и G4 квадруплексы (Capra et al., 2010). В данном исследовании проведен сравнительный анализ полиморфизма спектров продуктов амплификации у разных таксонов, таких как домашняя собака *Canis familiaris* (Linnaeus, 1758) и прыткая ящерица *Lacerta agilis* (Linnaeus, 1758), а также локализация участков гомологии праймеров вблизи транспозонов, квадруплексов G4, микроРНК в референтных геномах.

Геномную ДНК выделяли из биообразцов стандартным набором ДНК Экстран II («Синтол»). Полимеразная цепная реакция (PCR) проводилась на амплификаторе «Терцик» со следующими параметрами: первичная денатурация ($t=94^{\circ}\text{C}$, 2 мин), денатурация ($t=94^{\circ}\text{C}$, 30 сек), отжиг ($t=58^{\circ}\text{C}$, 30 сек), элонгация ($t=72^{\circ}\text{C}$, 2 мин) - 40 циклов, финальная элонгация ($t=72^{\circ}\text{C}$, 10 мин). В качестве праймеров были использованы тринуклеотидные микросателлиты (ACC)6T, (TGC)6C, (GAG)6C и участки длинных концевых повторов эндогенных ретровирусов LTR-SIRE1 (5' - GCAGTTATGCAAGTGGGATCAGCA - 3') и Sabrina 111 (5' - AAACAAGAACTGACACTTGGCACT- 3'). Поиск участков гомологии с идентичностью не менее 90% к используемым праймерам в референтных геномах домашней собаки и прыткой ящерицы производился с помощью алгоритмов NCBI BLAST+ Standalone, языка программирования Python и библиотеки Biopython. Наличие и количество мобильных генетических элементов, квадруплексов и микроРНК в найденных участках оценивали с помощью CENSOR, QGRS Search Options.

Изученные виды имеют тенденцию к снижению полиморфизма фрагментов геномной ДНК, фланкированных инвертированными микросателлитными повторами, и к повышенной плотности локализации в этих фрагментах квадруплексов G4. Эта тенденция реализуется у обоих видов, несмотря на наблюдаемые межвидовые различия.

Источники и литература

- 1) Блохин И.Г., Глазко В.И. Генетические и фенотипические характеристики в оценках популяционной дифференциации прыткой ящерицы // Юг России: экология, развитие. 2021, Т.16, №3, С. 47-58, DOI: 10.18470/1992-1098-2021-3-47-58
- 2) Календарь, Р.В., Глазко В.И. Типы молекулярно-генетических маркеров и их применение / Р.В. Календарь, В.И. Глазко // Физиология и биохимия культ. растений. - 2002. - Т.34. - №4. - С. 279-295;

- 3) Capra J. A., Paeschke K., Singh M., Zakian V. A. G-Quadruplex DNA Sequences Are Evolutionarily Conserved and Associated with Distinct Genomic Features in *Saccharomyces cerevisiae* // PLoS Comput Biol. 2010. No. 6(7). P. 1-13. e1000861 <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1000861>