

Сателлитные повторы в геномах трематод

Научный руководитель – Соловьева Анна Ивановна

Исаков Сергей Дмитриевич

Аспирант

Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: seregaisacov2001@gmail.com

Для геномов всех эукариот характерно наличие тандемно повторяющихся последовательностей ДНК, называемых сателлитными ДНК (сатДНК). СатДНК часто локализируются в центромерах и теломерах хромосом и выполняют структурную и регуляторную роль [1,3]. СатДНК описана для многих живых организмов, но комплексных работ, посвященных сатДНК трематод до сих пор нет. На данный момент подробно изучены только W-элементы шистосом [5] и тандемные повторы в составе ITS1 регионов у некоторых видов [4].

Цель настоящей работы — поиск потенциальных сатДНК в геномах нескольких видов трематод: *Fasciola gigantica*, *F. hepatica*, *Himasthla elongata*, *Opisthorchis felineus*, *O. viverrini* и *Paragonimus westermani*. Обработку данных проводили на сервере Galaxy [2]. Использовали наборы сырых прочтений секвенирования геномов выбранных видов трематод, качество которых проверяли с помощью FastQC. После предобработки прочтения кластеризовали с помощью RepeatExplorer2 (выборка – 1000000 пар прочтений) и сравнивали найденные последовательности сателлитов с помощью blastn.

В результате анализа для *F. gigantica* выявили 22 кластера, аннотированных программой как сатДНК, для *F. hepatica* – 18 кластеров, для *H. elongata* – 8 кластеров, для *O. felineus* – 11 кластеров, для *O. viverrini* – 16 кластеров, для *P. westermani* – 25 кластеров. При сравнении blastn обнаружили многочисленные сходства между сатДНК разных видов, однако покрытие выравниваний, как правило, было небольшим, что может свидетельствовать о развитии сателлитов разных видов из общих мономерных единиц, но для подтверждения требуются дальнейшие исследования. Исключения составили выравнивания между кластерами трематод рода *Fasciola* и рода *Opisthorchis*, для некоторых из которых выявили высокое покрытие и идентичность последовательностей (причем для видов *Fasciola* значение обоих показателей оказались выше). Таким образом, даже на уровне поиска в сырых прочтениях геномов трематод обнаруживается разнообразный и видоспецифичный набор сатДНК. Полученные результаты требуют подтверждения на уровне собранных геномов и могут служить основой для дальнейших сравнительно-эволюционных исследований сатДНК у трематод.

Источники и литература

- 1) Хемблен В. Сателлитные ДНК // Успехи биологической химии. 2003. Т. 43. С. 267-306
- 2) Afgan E. The Galaxy platform for accessible, reproducible and collaborative biomedical analyses // Nucleic Acids Research. 2022. Vol. 50. №W1. P. 345-351
- 3) Dobrynin M.A. Human pericentromeric tandemly repeated DNA is transcribed at the end of oocyte maturation and is associated with membraneless mitochondria-associated structures // Scientific Reports. 2020. Vol. 10. №1. Art.19634

- 4) Heneberg P. Active chi-like sequences are present in the ITS1 region of polyembryonic adult *Collyriclum faba* trematodes encysted in pairs // *Parasitology Research*. 2014. №113. P. 3211-3220
- 5) Stitz M. Satellite-Like W-Elements: Repetitive, Transcribed, and Putative Mobile Genetic Factors with Potential Roles for Biology and Evolution of *Schistosoma mansoni* // *Genome Biology and Evolution*. 2021. Vol. 13. №10. Art. 204