

**Филогенетический анализ варианта гистона H2A.J в организмах  
млекопитающих**

**Научный руководитель – Сингх-Пальчевская Лавприт**

***Куликов Владимир Вячеславович***

*Студент (бакалавр)*

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический  
факультет, Кафедра биоинженерии, Москва, Россия

*E-mail: kulikovvv@my.msu.ru*

Варианты гистонов являются важными эпигенетическими факторами, которые регулируют доступность генетической информации для регуляторных белков [n1]. Например, вариант H2A.J накапливается в стареющих клетках и приводит к активации воспалительных генов [n3]. Однако, данный вариант гистона малоизучен и охарактеризован только для двух видов млекопитающих: человека и мыши. Поэтому в данном исследовании была произведена характеристика аминокислотных последовательностей гистонов H2A.J в разных отрядах млекопитающих.

Для поиска гомологов использовались алгоритмы BLASTN и BLASTP и человеческая аминокислотная последовательность H2A.J в качестве запроса. Полученная выборка включала представителей плацентарных, сумчатых и однопроходных млекопитающих. В результате анализа множественных выравниваний аминокислотных последовательностей было выявлено, что только плацентарные организмы содержали специфичный для H2A.J мотив SQKTKSK, который играет важную роль в ослаблении компактизации хроматина [n2]. При этом, у сумчатых и однопроходных сохраняется мотив, характерный для канонических гистонов H2A. Филетическое распределение исследуемого варианта демонстрирует, что H2A.J присутствует у всех отрядов плацентарных млекопитающих. Кроме того, анализ синтении генов среди 12 отрядов подтвердил, что найденные последовательности гомологичны H2A.J человека.

Для оценки эволюционных взаимоотношений собранных аминокислотных последовательностей было построено филогенетическое дерево с помощью алгоритма PhyML 3.0, который реализует метод максимального правдоподобия. В качестве внешней группы для укоренения дерева использовались последовательности канонических гистонов H2A. Анализ результатов демонстрирует, что последовательности H2A.J плацентарных млекопитающих формируют обособленную (монофилетическую) кладу, в то время как последовательности сумчатых и однопроходных парафилетически распределены среди канонических H2A. Интересно отметить, что замена A11V, характерная для H2A.J человека по сравнению с каноническим H2A, вероятно, возникла в общем предковом стволе млекопитающих до разделения на плацентарных и неплацентарных. Таким образом, полученные результаты позволяют предположить, что H2A.J специфичен только для плацентарных организмов.

**Источники и литература**

- 1) Contrepois K. et al. Histone variant H2A.J accumulates in senescent cells and promotes inflammatory gene expression // Nature Communications. 2017. V. 8. Art. № 14995
- 2) Kosarim N. A. et al. Molecular Dynamics Simulations of Nucleosomes Containing Histone Variant H2A.J // International Journal of Molecular Sciences. 2024. V. 25. № 22. 12136
- 3) Talbert P. B., Henikoff S. Histone variants at a glance // Journal of Cell Science. 2021. V. 134. № 6. jcs244749