

Исследование продуктов рекомбинации элементов LINE и LTR в геноме *Bos taurus*.

Научный руководитель – Глазко Валерий Иванович

Куреев Николай Алексеевич

Студент (бакалавр)

Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева,
Агрономии и биотехнологии, Генетики и биотехнологии, Москва, Россия

E-mail: nikkureev@rambler.ru

К настоящему времени геном крупного рогатого скота полностью секвенирован [1]. В результате исследования было обнаружено, что порядка 46,5% всех нуклеотидных последовательностей заняты различными мобильными элементами [2]. Основные варианты мобильных элементов представлены длинными и короткими диспергированными ядерными элементами (600 000 копий, 328 млн. п.о. (11% генома) и около 3 млн, больше 500 млн. п.о. (17% генома) соответственно), содержащих длинные концевые повторы эндогенных ретровирусов. Однако до сих пор распределение таких последовательностей по геному, их взаимное позиционирование в геноме и участие в формировании видоспецифичного геномного ландшафта остается недостаточно исследованным. В этой связи, на модельном участке длиной в 14 миллионов пар оснований (п.о.) хромосомы 1 (длиной в 160 миллионов п.о.) крупного рогатого скота была рассмотрена колокализация участков гомологии к видоспецифичному *Bos taurus* (BT) LINE1 (BTL1) и BTLTR1J. Обнаружено, что некоторая их часть не разбросана по геному равномерно, а может группироваться. Некоторые элементы объединяются в трёхчленные кластеры. Они состоят из двух повторов L1 на флангах и одного участка BTLTR1J. Причём, повторы L1 обычно располагаются в одной цепи, а BTLTR1J в альтернативной. Между разными группами кластеров был замечен сходный характер гомологии. Таким образом они были разделены на группы согласно этим критериям. Был произведён поиск участков гомологии внутри таких групп. С помощью методов построения матриц, филогенетических деревьев и множественного выравнивания последовательностей удалось обнаружить 7 консервативных участков. Благодаря данным miRBase в данных последовательностях были обнаружены мотивы микроРНК, связанных в частности с процессом лактации у крупного рогатого скота. Таким образом среди продуктов рекомбинации между элементами LINE L1 и BTLTR1J в геноме *Bos taurus* обнаружены консервативные участки, имеющие высокое фенотипическое значение.

Источники и литература

- 1) The Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium, Christine G. Elsik, Ross L. Tellam, and Kim C. Worley; Published in final edited form as: Science. 2009 Apr 24; 324(5926): 522-528. doi: 10.1126/science.1169588
- 2) Elsik C.G., Tellam R.L., Worley K.C. The Genome Sequence of Taurine Cattle: A Window to Ruminant Biology and Evolution//Science, 2009, Vol. 324, Issue 5926, pp. 522-528 DOI: 10.1126/science.1169588