

**Взаимная локализация мобильных генетических элементов на примере генома крупного рогатого скота**

**Научный руководитель – Косовский Глеб Юрьевич**

*Скобель Ольга Игоревна*

*Выпускник (специалист)*

Московский авиационный институт (национальный исследовательский университет),  
Москва, Россия

*E-mail: skobelolga@gmail.com*

Наблюдения мобильных генетических элементов (MGE) в геномах млекопитающих имеют достаточно длинную историю. Накоплены данные, свидетельствующие о высокой скорости эволюции различных геномных элементов. Показано, что около 50% всех нуклеотидных последовательностей генома крупного рогатого скота (КРС) представлено диспергированными повторами [1]. Некоторые из них образуют консервативные совместные внутригеномные домены. Несмотря на важность выявления консервативных и переменных доменов геномов КРС для разработок методов контроля и управления генофондами пород, до сих пор особенности их распределения остаются недостаточно исследованными.

Проведенный анализ доменной организации MGE в нуклеотидных последовательностях хромосомы 1 КРС длиной в 13436028 пар нуклеотидов с использованием базы данных MGE программы RepeatMasker [3] показал, что в исследуемом участке встречаются трехчленные кластеры вида (LINE)/(LTR/ERVK)/(LINE). Повышенная плотность их локализации демонстрирует определенное смещение к дистальному концу исследованного участка хромосомы 1. Оценка позиционирования таких кластеров внутри структурных генов с использованием аналитической программы Integrated Genome Browser [2] показала, что 34 конструкции локализуются в 12-ти структурных генах (остальные - в межгенных пространствах), причем - по 10 и 12 копий в двух генах, тесно связанных с функцией центральной нервной системы у млекопитающих, *grik1* и *app*.

Специфические особенности распределения по исследованному участку хромосомы 1 продуктов рекомбинаций между LINE и LTR ERV, их локализация в структурных генах позволяет предполагать возможное присутствие в них структурно-функциональных элементов, участвующих в регуляторных процессах, что может объяснить их сохранение.

Выражаю благодарность д.б.н., профессору РАН Косовскому Г.Ю. и д.с.-х.н., академику РАН (иностранному члену) Глазко В.И. за консультации при выполнении данной работы.

**Источники и литература**

- 1) Elsik C.G., Tellam R.L., Worley K.C. The Genome Sequence of Taurine Cattle: A Window to Ruminant Biology and Evolution // Science.- 2009. - 324(5926).- P. 522-528. doi: 10.1126/science.1169588.
- 2) Nikol J.W., Helt G.A., Blanchard S.G. Jr., Raja A., Loraine A.E. The Integrated Genome Browser: free software for distribution and exploration of genome-scale datasets // Bioinformatics. – 2009. - 25(20).- P.2730-2731. doi: 10.1093/bioinformatics/btp472.
- 3) bosTau7.fa.out.gz - Oct 2011 - RepeatMasker open-4.0.5 - Repeat Library 20140131 ([www.repeatmasker.org/species/bosTau.html](http://www.repeatmasker.org/species/bosTau.html))