

Исследование гипервариабельного региона митохондриальной ДНК шерстистых мамонтов (*Mammuthus primigenius*) из республики Саха

Научный руководитель – Корниенко Игорь Валериевич

Тищенко Анна Александровна

Студент (бакалавр)

Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Дмитрия Иосифовича Ивановского, Научная лаборатория "Идентификация объектов биологического происхождения Ростов-на-Дону, Россия

E-mail: tischenko.anna.a@yandex.ru

Шерстистый мамонт (*Mammuthus primigenius*) - вымерший вид доисторических слонов, обитавший на территории Евразийского континента в эпоху плейстоцена. Благодаря научному прогрессу были разработаны палеогенетические методы исследования, сформировавшие основу для изучения генетических особенностей древних ископаемых видов. Кроме того, за счет данных методов стало возможным оценить эволюционные связи *Mammuthus primigenius* внутри семейства Хоботных. Значение этого исследования заключается в расширении генетической базы данных *M. primigenius* Евразии и предоставлении информации о генетической изменчивости северо-восточной популяции этих животных в период позднего плейстоцена. Целью данного исследования было изучение функционально-значимых участков митохондриальной ДНК (мтДНК) у четырех особей шерстистого мамонта *M. primigenius*, обнаруженных в северо-восточном районе Сибири в Республике Якутия, с предполагаемым возрастом 32 000 лет. Исходя из цели были сформированы следующие задачи: идентификация остатков животных, полученных для генетических исследований, подбор праймеров, характерных для *M. primigenius* и специфичных к участкам D-петли мтДНК и проведение ПЦР в реальном времени, секвенирование наработанных участков мтДНК и проведение биоинформатического анализа полученных нуклеотидных последовательностей. В ходе исследования было отмечено состояние малоактивной ДНК, в результате чего только для двух из четырех образцов были получены специфичные ПЦР-продукты, что затруднило дальнейший анализ и была поставлена дополнительная задача по разработке более чувствительных методов исследования. Данные молекулярно-генетического и биоинформатического анализов позволяют сделать вывод, что пара исследованных якутских остатков являются представителями вида *M. primigenius*. Последовательности D-петли мтДНК имели длину от 80 до 100 нуклеотидов в длину. Выявлены отличительные полиморфизмы в отношении генома Малоляховского мамонта [1]. Полученные результаты способствуют пониманию генетической изменчивости внутри вида и позволяют сформировать углубленные ряды эволюционных отношений вдоль линии *M. primigenius* [2]. Исследование выполнено в рамках реализации госзадания ЮНЦ РАН, № гр. проекта 01201363186.

Источники и литература

- 1) Kornienko I.V., Faleeva T.G., Oreshkova N.V., Grigoriev S.E., Grigoreva L.V., Simonov E.P., Kolesnikova A.I., Putintseva Yu.A., Krutovsky K.V. Complete mitochondrial genome of a woolly mammoth (*Mammuthus primigenius*) from MalyLyakhovsky Island (New Siberian Islands, Russia) and its phylogenetic assessment // *Mitochondrial DNA Part B*. 2018. V. 3, N. 2, P. 596-598. <https://doi.org/10.1080/23802359.2018.1473721>.

- 2) Корниенко И.В., Фалеева Т.Г., Орешкова Н.В., Григорьев С.Е., Григорьева Л.В., Путинцева Ю.А., Крутовский К.В. Структурно-функциональная организация контрольного района митохондриальной ДНК шерстистого мамонта (*Mammuthus primigenius*) // Молекулярная биология. 2019. Т. 53. № 4. С.627-637. Doi: 10.1134/S0026898419040062.