

**Филогенетические реконструкции для древних и современных представителей псовых (Canidae) Юга Сибири на основе последовательностей мтДНК**

**Научный руководитель – Молодцева Анна Сергеевна**

**Самарина Снежана Алексеевна**

*Студент (магистр)*

Новосибирский национальный исследовательский государственный университет,  
Новосибирск, Россия

*E-mail: s.samarina@g.nsu.ru*

Самые многочисленные виды хищных животных с территории Юга Сибири входят в семейство псовые – всего 4 современных вида. В плейстоцене в Евразии был широко распространен и красный волк - *Canis alpinus*. Многие виды псовых редки в местах раскопок и генетически древние псовые Сибири охарактеризованы слабо. Целью исследования стало проведение сравнительного анализа и филогенетических реконструкций на основе данных о последовательностях мтДНК современных и древних представителей псовых.

Анализируемые древние образцы были собраны с территорий Омской области, Республики Хакасия, Алтайского края, Иркутской области, Красноярского края, Кемеровской области. Древняя ДНК была выделена по протоколу Янга [4] с модификациями [2], NGS-библиотеки были получены с помощью TruSeq® Nano DNA Sample Preparation Kit (Illumina). Библиотеки были дважды обогащены целевыми фрагментами при помощи зондов, прикрепленных на магнитных частицах (Dynabeads MyOne Streptavidin C1, Thermo Fisher Scientific) по протоколу Maricic и Paabo [1] с модификациями [3]. Современный материал был получен из палеонтологических мест раскопок Новосибирской области, Республики Саха, Дальнего Востока. Были определены последовательности мтДНК. Проведён биоинформатический анализ данных для древних и современных представителей псовых.

В ходе работы были разработаны зонды для обогащения библиотек для высокопроизводительного секвенирования из костных образцов. Определены последовательности мтДНК для уникальных представителей псовых; проведены филогенетические реконструкции для современных и древних представителей.

Работа выполнена при финансовой поддержке грантовых средств РФФИ (проект №23-74-10060).

**Источники и литература**

- 1) Maricic T., Whitten M., Pääbo S. Multiplexed DNA sequence capture of mitochondrial genomes using PCR products // PLoS ONE. 2010. № 11 (5).
- 2) Sanderson C., Radley K., Mayton L. Ethylenediaminetetraacetic acid in ammonium hydroxide for reducing decalcification time // Biotechnic and Histochemistry. 1995. № 1 (70).
- 3) Vorobieva N. V. et al. High genetic diversity of ancient horses from the Ukok Plateau // PLoS ONE. 2020. № 11 November (15).
- 4) Yang D. Y. et al. Technical note: Improved DNA extraction from ancient bones using silica- based spin columns // American Journal of Physical Anthropology. 1998. № 4 (105).