

Разнообразие и эволюция повторённой ДНК в геноме стерляди (*Acipenser ruthenus*)

Научный руководитель – Трифонов Владимир Александрович

Прокопов Дмитрий Юрьевич

Аспирант

Институт молекулярной и клеточной биологии Сибирского отделения РАН,
Новосибирск, Россия

E-mail: dprokopov@mcb.nsc.ru

Осетрообразные являются крайне интересным отрядом позвоночных, благодаря палеополиплоидным геномам, базальному положению среди филогенетического дерева Actinopterygii и медленной скорости морфологической и геномной эволюции. Геном стерляди уникален тем, что его можно использовать в качестве референсного генома осетровых из-за самого низкого уровня пloidности в этой группе.

В данном проекте мы секвенировали ДНК самца и самки стерляди, после чего произвели сборку генома. Кроме того, мы произвели секвенирование транскриптома различных тканей стерляди. Поиск повторяющихся элементов *de novo* проводился непосредственно на прочтениях Illumina, а так же на готовой геномной сборке с использованием специализированных инструментов. В результате мы получили полную библиотеку повторяющихся элементов.

Были идентифицированы тандемные повторы, в том числе те, которые отличались по содержанию в геноме между самцом и самкой, однако FISH-анализ показал, что эти различия обусловлены внутривидовым полиморфизмом. Тем не менее, мы смогли определить хромосомоспецифичные повторённые последовательности, в том числе такие, которые позволяют различать паралогичные участки генома.

Анализ мобильной ДНК продемонстрировал преобладание ретроэлементов над ДНК-транспозонами. Были найдены новые потенциальные случаи горизонтального переноса мобильных генетических элементов. Анализ транскриптов показал активность исследуемых ДНК-транспозонов.

Наши результаты подчеркивают важность изучения повторяющихся элементов немодельных организмов и могут помочь выявить новые пути эволюции геномов. Работа поддержана грантом РФФ № 18-44-04007.