

Структура локуса WBSCR17 у домашней собаки
Научный руководитель – Глазко Валерий Иванович

Жиркова Анастасия Андреевна

Студент (магистр)

Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева,
Зоотехнии и биологии, Зоологии, Москва, Россия

E-mail: an.zhirkova@yandex.ru

Собака является одним из первых domesticiрованных видов. Предполагается, что в этот процесс существенный вклад вносит социальная активность животных, позволяющая сформировать общую нишу с человеком [3]. Анализ генома собак позволил выявить участок, ортологичный району WBSCR17 (Williams-Beuren Syndrome Chromosome Region 17) генома человека, делеции/дупликации в котором (7q11.23) отвечают за проявление гиперсоциальности [3]. В изменчивость этого участка вовлечены транспозиции мобильных генетических элементов.

При анализе фрагмента гена WBSCR17[1] величиной 509 пар оснований, выявляемой в геноме домашней собаки (ROS_Cfam_1.0) на хромосоме 6 при помощи фланкирующей пары праймеров Cfa6.7 (forward: 5' - TGGAGCCATGATTAGGAAGG - 3'; reverse: 5' - TAAGGAAGGACCCCATTTCC- 3' [3]) с использованием программы Gini Repbase и программного обеспечения SENSOR [2] обнаружено, что в последовательности локуса WBSCR17 домашней собаки присутствуют высоко гомологичные (>80%) участки к эндогенному ретровирусу человека (ERV3, MER21C_BT) и видоспецифичному неавтономному транспозону домашней собаки SINEC2A1_CF.

Полученные нами данные подтверждают наличие последовательностей, гомологичных мобильным генетическим элементам, в области WBSCR17 у собак и человека, что может подтверждать не только идею о длительном и направленном отборе собак по признаку заинтересованности в контакте с человеком с самых ранних этапов доместикации собак, но и свидетельствовать о горизонтальном переносе фрагментов ретровирусов у двух различных видов, объединённых единой экологической нишей и продолжительной историей одомашнивания, в одну из ключевых консервативных областей, отвечающую за развитие нервной системы и проведение нервных импульсов.

Источники и литература

- 1) 1. Жиркова А.А., Кахнович Б.В., Глазко В.И. Полиморфизм геномного участка в хромосоме 6 собак (*Canis familiaris*), ассоциированного с поведенческими характеристиками // Материалы Всероссийской (национальной) научно – практической конференции. 11-13 декабря 2019 г., Т. 2. С. 122-125.
- 2) 2. Kohany O. et. al (2006) Annotation, submission and screening of repetitive elements in Repbase: RepbaseSubmitter and Censor // BMC. Bioinformatics. 2006. Vol. 7. DOI: 10.1186/1471-2105-7-474
- 3) 3. vonHoldt B.M. et. al (2018). Activity of Genes with Functions in Human Williams–Beuren Syndrome Is Impacted by Mobile Element Insertions in the Gray Wolf Genome // Genome Biology and Evolution, 10(6):1546–1553, doi:10.1093/gbe/evy112
- 4) 4. Zanella M. et. al Dosage analysis of the 7q11.23 Williams region identifies BAZ1B as a major human gene patterning the modern human face and underlying self-domestication. Sci Adv. 2019 Dec 4;5(12).