

Ретротранспозоны и "генофондный стандарт"**Научный руководитель – Попов Дмитрий Владимирович*****Колесник Елена Сергеевна****Выпускник (специалист)*

Воронежский государственный аграрный университет имени императора Петра I,

Воронеж, Россия

E-mail: Elena.rainis.lis@yandex.ru

Современная селекционная работа с животными сельскохозяйственных видов идет по направлению интенсификации получения новых форм - создания новых пород и синтетических кроссов. Это приводит к необходимости разработки методов выявления специфичности их популяционно генетических структур. Одним из таких подходов может служить разработка методов выявления «генофондного стандарта» породы, что приводит к потребности в поиске наиболее полиморфных геномных участков, к которым относятся ретротранспозоны. Ретротранспозоны в настоящее время рассматриваются как «драйверы» геномной эволюции [1], поэтому можно ожидать, что высокий их полиморфизм имеет преимущество для создания панели высоко полиморфных геномных элементов с целью формирования в дальнейшем «генофондного стандарта».

В настоящем исследовании для решения этой задачи рассмотрен полиморфизм геномных участков гомологичных фрагментам длинных концевых повторов 8 ретротранспозонов (Sabrina 111, Sabrina 1336, Bare 123A, Helitron, LTR IR, Sabrina, Gossy L, LTR OR), у трех базисных и часто используемых пород кроликов (советская шиншилла, калифорнийская и белый великан), а также, полученном на их основе, новом синтетическом трехпородном кроссе «Родник». На основании оценок полиморфизма суммарно 57 локусов, 17 из которых являются консервативными, а 40 полиморфными.

Анализ фореграмм выполнен на основе расчета доли полиморфных локусов, полиморфного информационного содержания (PIC-polymorphism information content), эффективного мультиплексного отношения (EMR-effective multiplex ratio) и маркерного индекса (MI-marker index). PIC рассчитывался по формуле: $PIC = 2f(1-f)$, где f - частота одного из двух аллелей. $EMR = pr/(p/n)$, где pr — число полиморфных локусов, n — общее число локусов. Расчет маркерного индекса проводился по формуле $MI = PIC \times EMR$.

На основании полученных данных можно сделать вывод, что транспозоны Sabrina111 и LTR IR можно применять для «генофондного стандарта» синтетического кросса, его дифференциации от исходных пород и направленной селекцией на основе высоких показателей полиморфизма ($PIC = 0.382$ и 0.384 , ДПЛ = 62,5% и 66,6%, $EMR = 3.125$ и 6.125 , $MI = 1.194$ и 0.780 соответственно), а по генетическим дистанциям М. Нея трехпородный кросс наиболее отдален от породы калифорнийская - 0,414, а наиболее приближен к советской шиншилле - 0,284. Выделяется праймер с наивысшими показателями полиморфизма у всех исследованных пород кроликов - Sabrina, который предположительно является наиболее эффективным маркером видовой дифференциации кроликов.

Выполненное полилокусное генотипирование свидетельствует о том, что оценки полиморфизма геномных фрагментов ДНК гомологичных к участкам ретротранспозона позволяют подойти к выявлению генофондного стандарта исследуемых групп животных, что может быть, по-видимому, эффективным и при исследовании других объектов.

Источники и литература

- 1) Sotero-Caio C.G., Platt R.N. 2nd, Suh A., Ray D.A. Evolution and Diversity of Transposable Elements in Vertebrate Genomes. *Genome Biol Evol.* 2017;9(1):161-177