

Популяционно - генетическая структура восточной прыткой ящерицы (*Lacerta agilis exigua*), оцененная по участкам гомологии к мобильному генетическому элементу *Sabrina*.

Научный руководитель – Глазко Валерий Иванович

Блохин Иван Геннадьевич

Студент (магистр)

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

E-mail: blokhin.ivan96@gmail.com

Мобильные генетические элементы и их фрагменты у большинства видов занимают около половины геномов, в последние годы во множестве работ описываются примеры их участия в горизонтальных переносах генетического материала даже между царствами животных и растений [1], и существенная роль в геномных реорганизациях. Организация геномов рептилий представляет особый интерес в связи с известными данными о сложности изменчивости у них цитогенетического аппарата и элементов, предшествующих формированию цитогенетических особенностей половых хромосом млекопитающих. Популяционно-генетическую структуру прыткой ящерицы ранее исследовали в основном по некоторым микросателлитам и митохондриальной ДНК, в настоящей работе предпринята попытка выявления особенностей генетической структуры прыткой ящерицы с использованием оценок полиморфизма фрагментов геномной ДНК, фланкированных инвертированным повтором участка мобильного генетического элемента *Sabrina*. Исследованы две группы ящериц, отловленных в Ставропольском крае и в Волгоградской области. В качестве праймеров были использованы фрагменты длинных концевых повторов эндогенного ретровируса *Sabrina* (5'- AAA-CAA-GAA-CTG-ACA-CTT-GGC-ACT - 3') [2].

Полимеразная цепная реакция (PCR) проводилась на амплификаторе «Терцик» со следующими параметрами: первичная денатурация ($t = 94\text{ }^{\circ}\text{C}$, 2 мин), денатурация ($t = 94\text{ }^{\circ}\text{C}$, 30 сек), отжиг ($t = 58\text{ }^{\circ}\text{C}$, 30 сек), элонгация ($t = 72\text{ }^{\circ}\text{C}$, 2 мин) - 40 циклов, финальная элонгация ($t = 72\text{ }^{\circ}\text{C}$, 10 мин). Продукты амплификации разделяли в 1,5 % агарозном геле в ТАЕ-буфере. Визуализация производилась при помощи УФ трансиллюминатора УВТ-1 («Биоком» Россия). Размеры фрагментов ДНК определяли при помощи маркера молекулярных масс 100 bp+1.5 Kb+3 Kb (12 фрагментов от 100 до 3000 bp) M27 (СибЭнзим, Россия). Рассчитывали долю полиморфных локусов и ожидаемую гетерозиготность (полиморфное информационное содержание спектра - Polymorphic Information Content, PIC).

В результате получены следующие данные. Геном прыткой ящерицы содержит участки гомологии к длинному концевому повтору ретротранспозона *Sabrina*, расположенные в альтернативных цепях ДНК на расстояниях, не больше 2 тыс. пар нуклеотидов, что свидетельствует о его множественных геномных интеграциях.

Таким образом, данные свидетельствуют о возможности использования в качестве геномного «якоря» участка длинного концевой повтора эндогенного ретровируса *Sabrina* для получения полиморфных полилокусных спектров (геномного сканирования) в целях выявления специфических особенностей генетических структур популяций восточной прыткой ящерицы и контроля их изменчивости, а в дальнейшем - для проведения межвидовых сравнений.

Источники и литература

- 1) Atma M. Ivancevic, R. Daniel Kortschak, Terry Bertozzi, and David L. Adelson. Horizontal transfer of BovB and L1 retrotransposons in eukaryotes. *Genome Biology*, 2018. – doi:10.1186/s13059-018-1456-7.
- 2) Shirasu K., Schulman A.H., Lahaye T., Schulze-Lefert P. A Contiguous 66-kb Barley DNA Sequence Provides Evidence for Reversible Genome Expansion. *Genome Research*, 2000. – Vol. 10(7). – P. 908-915. doi:10.1101/gr.10.7.908.