

Последовательность гена 5S рРНК в межгенном спейсере IGS рибосомных повторов у черепах и крокодилов

Научный руководитель – Гагинская Елена Романовна

Давидьян Ася Генриковна

Аспирант

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,

Санкт-Петербург, Россия

E-mail: asya.davidian@gmail.com

На генетических картах позвоночных животных остается все меньше «белых пятен». Тем не менее, до сих пор на удивление мало известно о молекулярной организации и функционировании некоторых важных элементов генома. Один из таких элементов - совокупность генов, кодирующих все четыре типа рибосомных РНК (рРНК), которые в геноме эукариот представлены многочисленными повторами рДНК и некоторыми авторами рассматриваются как субгеном (DNAome) ввиду особой организации и важной функциональной значимости (1). Множественные кластеры консервативных генов 28S, 5.8S и 28S рРНК, считываемых РНК-полимеразой I в единой транскрипционной единице (пре-рРНК ТЕ), разделены переменными межгенными спейсерами (IGS) и локализируются в районах ядрышкового организатора (ЯОР) на одной или нескольких хромосомах кариоти-па. Четвертый тип рРНК - это 5S рРНК длиной 120 п.н., гены которой транскрибируются РНК-полимеразой III. У высших эукариот, за небольшим исключением (некоторые рако-образные, нематоды и растения сем. Asteraceae), гены 5S рРНК локализируются вне ЯОР в виде кластера повторяющихся последовательностей 5S рДНК, разделенных спейсерами NTS.

При анализе баз данных NCBI (США), среди «сырых ридов» был обнаружен фрагмент генома черепахи *Malaclemys terrapin* (сем. Emydidae), содержащий три кластера рДНК и две полные последовательности IGS. В обоих IGS мы неожиданно выявили последовательность, подобную гену 5S рРНК. Секвенирование IGS родственного вида черепахи (*Trachemys scripta*) показало наличие в нем такой же вставки 5S рДНК. С целью выяснить распространенность такого феномена среди позвоночных, мы провели анализ баз данных NCBI всех доступных геномных сборок рептилий, млекопитающих, птиц, амфибий и рыб. Последовательности, высоко гомологичные 5S рДНК, были обнаружены в IGS всех черепах (15 видов) и крокодилов (3 вида). У представителей Squamata (кл. Reptilia) и у позвоночных других проанализированных классов позвоночных, 5S рДНК в последовательности IGS отсутствует. Последовательность 5S рДНК в IGS (5S-IGS) у черепах и крокодилов находится в антисмысловой нити ДНК по сравнению с направлением транскрипционной единицы пре-45S рРНК, имеет длину 119 нуклеотидов и содержит регуляторные элементы, типичные для канонических последовательностей 5S рДНК (5S-NTS). Используя в качестве экспериментальной модели гены 5S рРНК красноухой черепахи *T. scripta*, мы продемонстрировали избирательно высокую активность гена 5S-IGS в растущих ооцитах. Обсуждается уникальный механизм создания равного числа копий всех рРНК при амплификации рибосомных генов в оогенезе.

В работе использовано оборудование Научного парка СПбГУ (РЦ «ЦКП Хромас»).

Источники и литература

- 1) Symonová, R. Integrative rDNAomics—Importance of the Oldest Repetitive Fraction of the Eukaryote Genome // Genes. 2019. 10 (5) P. 345. <https://doi.org/10.3390/genes10050345>