

**Тандемный повтор Tgut716A локализован в центромерных районах
хромосом в кариотипе зебровой амадины**

Научный руководитель – Галкина Светлана Анатольевна

Такки Ольга Дмитриевна

Студент (бакалавр)

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,

Санкт-Петербург, Россия

E-mail: olga-takki@yandex.ru

Зебровая амадина (*Taeniopygia guttata*) - вид певчих птиц из семейства вьюрковых ткачиков (Aves, Passeriformes, Estrildidae), служащий модельным объектом биологии поведения, эндокринологии и нейробиологии. Геном *T.guttata* секвенирован, но, как и для геномов других видов, все ещё остаются несобранными участки, обогащённые GC-нуклеотидами и повторяющимися последовательностями. Если состав и распределение рассеянных повторов транспозонного происхождения (ERV) подробно описано [2], то сателлитные тандемные повторы амадины не охарактеризованы.

С целью такой характеристики мы биоинформатически идентифицировали тандемные повторы, используя черновые данные секвенирования генома амадины. Мы обнаружили 9 повторов, каждый из которых по оценкам занимает в геноме >1 млн.п.н. Один из наиболее копийных — это повтор Tgut716A длиной 716 п.н. Для его локализации на хромосомах с помощью флуоресцентной *гибридизации in situ* (FISH), мы разработали праймеры Tgut716F ATGGATTTGCTGAACACTCC и Tgut716R TCTGAGATGCAGAGAАСТСG и получили ПЦР-амплифицированный фрагмент длиной 270 п.н., который использовали в качестве зонда. Оказалось, что на нескольких макро-, микро- и половых хромосомах повтор Tgut716A локализуется в центромерных районах. На хромосомах стадии ламповых щеток с этим районом могут быть ассоциированы внутриядерные структуры. Поиск последовательностей, гомологичных Tgut716A, в базах Repbase-GIRI и NCBI Nucleotide collection не дал никаких результатов. Были найдены единичные копии повтора на нескольких хромосомах собранного генома зебровой амадины bTaeGut2.pat.W.v2, а также на хромосомах острохвостой бронзовой амадины (*Lonchura striata domestica*) (гомология 85%), что предполагает наличие этого повтора у представителей всего подсемейства Lonchurinae. Для певчих птиц ранее был охарактеризован только центромерный повтор у зяблика [1], так что идентификация новых центромерных сателлитных повторов дополняет наше представление о разнообразии повторяющихся последовательностей в геномах птиц.

Благодарю Комисарова А.С., Кулак М.М., Галкину С.А. за помощь на всех этапах данного исследования, а также сотрудников РЦ «ЦКП Хромас» СПбГУ. Работа поддержана грантом РФФИ 20-04-00967а.

Источники и литература

- 1) Boman J., Frankl-Vilches C., da Silva dos Santos M., de Oliveira E., Gahr M., Suh A. The genome of blue-capped cordon-bleu uncovers hidden diversity of LTR retrotransposons in zebra finch // Genes. 2019. V. 10. 301
- 2) Saifitdinova A.F., Derjusheva S.E., Malykh A.G., Zhurov V.G., Andreeva T.F., Gaginskaya E.R. Centromeric tandem repeat from the chaffinch genome: Isolation and molecular characterization // Genome. 2001. V. 44. 96-103