

СЕЛЕКЦИОННЫЙ ОТБОР И ДИНАМИКА КОРОТКИХ ТАНДЕМНЫХ ПОВТОРОВ (SSR) У СЕМЕЙСТВА КАРПОВЫХ (CYPRINIDAE)

Тихонов А.Ю., Орлов М.А.¹

Группа компаний «Аква Лого», Россия, 109263, Москва, ул. Шкулёва, д.9, корп.2, помещ. 4, +7-965-148-95-13, +7-499-745-00-66 andrew693@mail.ru

¹Институт биофизики клетки РАН - обособленное подразделение ФГБУН ФИЦ «Пушкинский научный центр биологических исследований РАН», Росси, 142390, Пушкино, ул. Институтская, д.3, +7-4967-73-94-04, orlovmikhailanat@gmail.com

Представители семейства Карповых характеризуются сложной картиной полиплоидности, образованием сложных гибридов и хромосомными перестройками [1]. Показано, что в генах, кодирующих активно отбираемый в ходе селекции признак, длина коротких tandemных повторов (SSR) может коррелировать (в том числе количественно) с выраженностью кодируемого признака [2]. Способность SSR к экспансиям и сокращениям связана с изменением скорости мутационного процесса ДНК [3].

В работе рассмотрены полные наборы SSR 28 рыб семейства карповых, полученных из базы данных FishMicrosat [4]. Для наборов SSR проведен статистический анализ размеров и нуклеотидной последовательности. Для каждого набора рассчитана удельная представленность олигонуклеотидов (ди-, три- и тетра-) и проведен иерархический кластерный анализ. Полученные в результате два кластера хорошо согласуются с тем, разводятся ли соответствующие виды в неволе. При анализе и соответствующей визуализации с помощью метода главных компонент (PCA) первичной структуры соответствующих им SSR выявлено, что включающий большинство культивируемых рыб кластер отличается большее количество TG-(CA-)богатых последовательностей при его обеднении AG-(TC-)динуклеотидами.

Таким образом, разведение представителей Cyprinidae в неволе коррелирует с преобладанием пар TG; такие рыбы склонны иметь единичные повторы, превосходящие длиной большинство других SSR. Кластеризация частоты встречаемости олигонуклеотидов в наборах SSR успешно выделила две группы - дикие/разводимые рыбы.

Литература.

1. Boron A., Spoz A., Porycka K. et al. Comparative Cytogenetics. 2014, V. 8(3), P. 233–248.
2. Fondon J. W., Garner H. R. // 2004, V. 101(52), P. 18058–18063.
3. K. T. Xie, G. Wang, A. C. Thompson et al. // Science. 2019. V. 363. P. 81–84. DOI: 10.1126/science.aan1425.
4. Nagpure N.S., Rashid I., Pati R. et al. BMC Genomics. 2013, V. 14, P. 630.