

**Полиморфизм некоторых геномных элементов у представителей рода волки (Canis) (собаки (Canis familiaris), волки (Canis lupus), шакалы (Canis aureus)).**

**Научный руководитель – Глазко Валерий Иванович**

*Гапонова И.И.<sup>1</sup>, Кажнович Б.В.<sup>2</sup>*

1 - Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева, Зоотехнии и биологии, Зоологии, Москва, Россия, *E-mail: iigaponova@yandex.ru*; 2 - Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева, Москва, Россия, *E-mail: bvkaznovich@mail.ru*

В настоящее время некоторые вопросы по взаимоотношениям между видами семейства псовых (Canidae) до сих пор остаются дискуссионными. К их числу относится история происхождения домашней собаки, вопрос об очагах одомашнивания и времени одомашнивания [1], а также роль гибридизации между собаками, волками и шакалами [2]. Во многих работах по изучению псовых в основном исследуют микросателлиты, мтДНК и SNP через полногеномный анализ, но не учитывают другие генетические элементы, например, участки длинных концевых повторов эндогенных ретровирусов (Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism - IRAP-PCR маркеры) и фрагменты геномной ДНК фланкированной инвертированными повторами микросателлитов (Inter Simple Sequence Repeat - ISSR-PCR маркеры). Для оценки популяционно-генетической межвидовой дифференциации в данной работе был выполнен анализ полиморфизма по разным генетическим элементам у представителей трех семейств псовых - домашняя собака, волк и шакал.

В работу включено 20 собак различных пород, 20 волков (из разных районов республики Коми, а также особи из Томской, Архангельской, Ростовской областей и республики Карелия), 22 шакала из Успенского и Тбилисского районов Краснодарского края. В качестве праймеров были использованы фрагменты длинных концевых повторов эндогенного ретровируса Sabrina (5'- AAA-CAA-GAA-CTG-ACA-CTT-GGC-ACT - 3')[3], LTR-sire-1 (5' - GCA-GTT-ATG-CAA-GTG-GGA-TCA-GCA- 3') [1], Berv-LTR-K1(5' - GGA-CCT-TCT-CCT-TCA-AGG-C - 3'), а так же участки микросателлитных локусов: (CTC)6C, (CAC)7T, (GAG)6C.

Результаты показали, что по участкам длинных концевых повторов эндогенных ретровирусов по праймеру LTR-sire-1 у собак наименьший полиморфизм (PIC=0,14), чем у волков (PIC=0,32), а у шакалов наибольший (PIC=0,15), чем у собак, но меньший чем у волков. По праймеру Sabrina полиморфизм у шакала (PIC=0,19) больше чем в волков (PIC=0,17), но меньше, чем у собак (PIC=0,25). По праймеру Berv-LTR-K1 такая же картина, как и по праймеру LTR-sire-1. Доля полиморфных локусов по праймеру LTR-sire-1 у собак 76,9%, волков 72,7%, шакалов 83,3%; по Sabrina у собак 94,4%, волков 92,8%, шакалов 84,6%; по Berv-LTR-K1 у собак 87,5%, волков 85,7%, шакалов 40,0%. В исследовании микросателлитных инвертированных повторов волки обладают более высоким полиморфизмом по всем ISSR-PCR маркерам, чем собаки, однако менее полиморфны в сравнении с шакалами. На основании этих показателей можно заключить, что каждый генетический элемент имеет свою историю эволюции, и что нет универсального метода, который дает полную картину филогенетических отношений псовых.

**Источники и литература**

- 1) Leonard J.A., Wayne R.t K., Wheeler J., Valadez R., Guillern S., Vila C. (2002). AncientDNA Evidence for Old World Origin of New World Dogs, Science, Vol. 298, pp. 1613–1616,doi:10.1126/science.1076980

- 2) 2) Von Holdt B.M., Pollinger J.P., Lohmueller K.E., Han E., Parker H.G., Quignon P., Degenhardt J.D., Boyko A.R., Earl D.A., Auton A., Reynolds A., Bryc K., Brisbin K., Knowles J.C., Mosher D.S., Spady T.C. (2010). Genome-wide SNP and haplotype analyses reveal a rich history underlying dog domestication // Nature. Vol. 464, pp. 898-902, doi:10.1038/nature08837