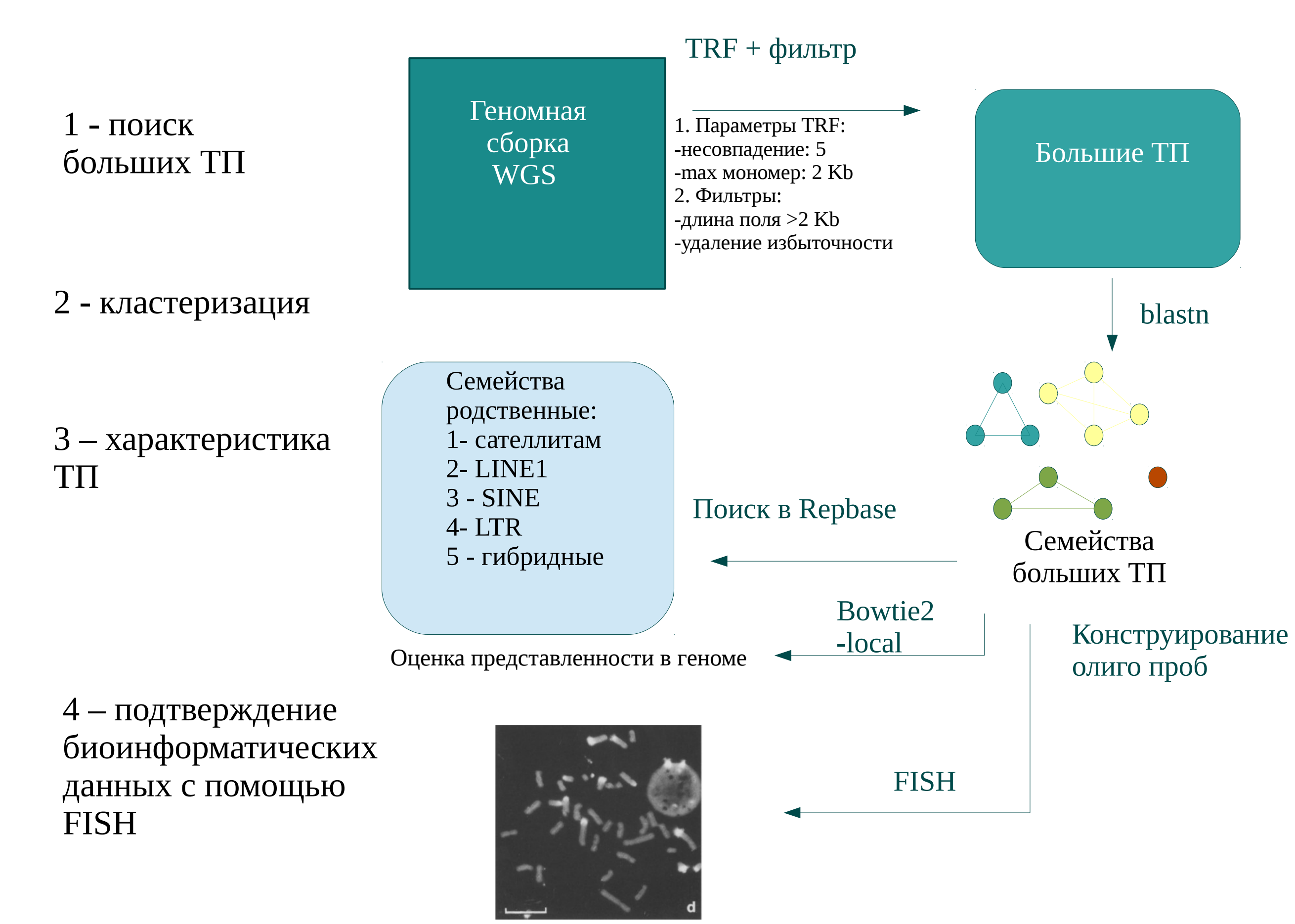


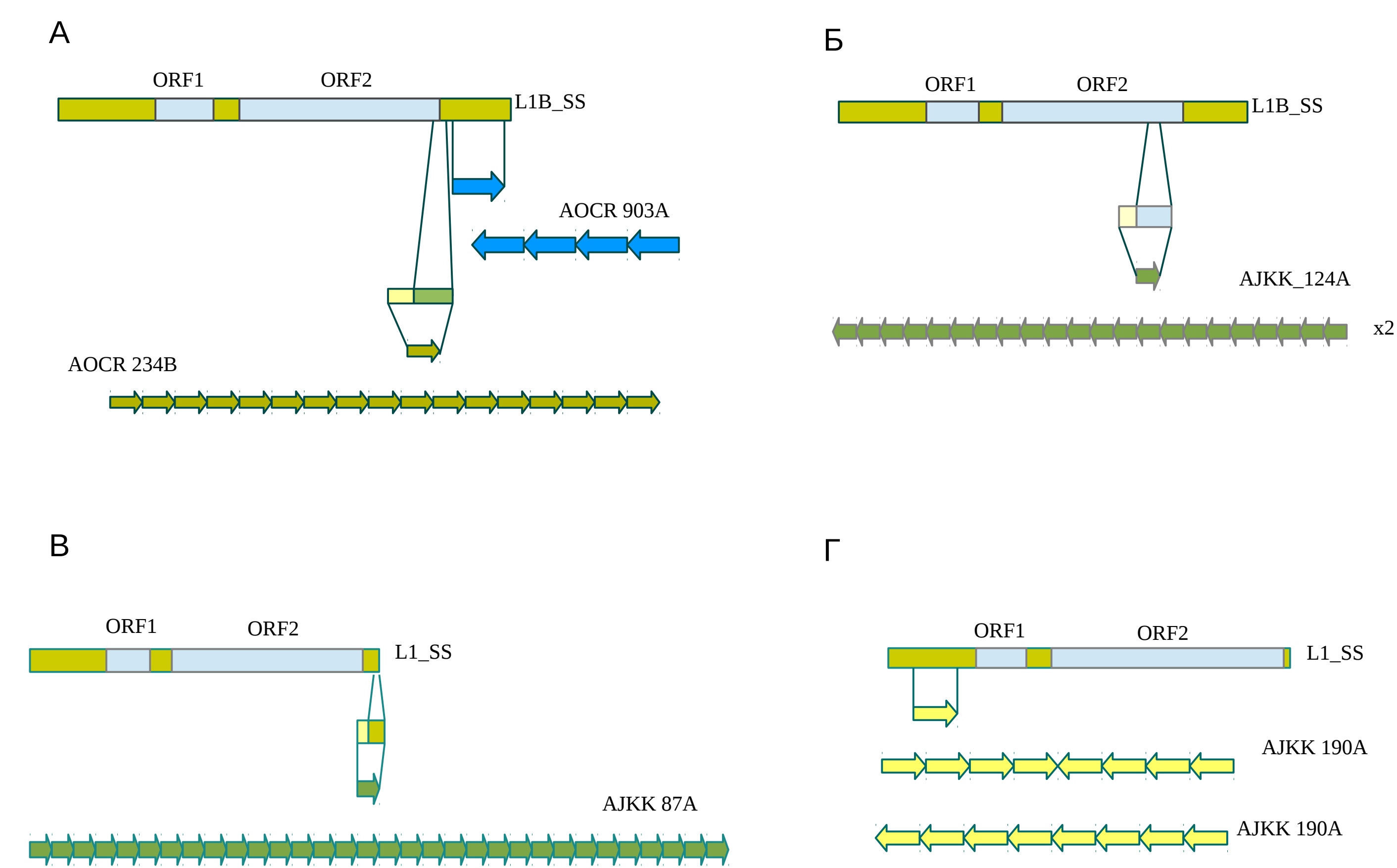
Биоинформатическое исследование гетерохроматина в геномных сборках свиньи *Sus scrofa*.

Н. Г. Иванова, В. Н. Стефанова, И. В. Матвеев. Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург, nadyaxs@gmail.com.

Схема эксперимента

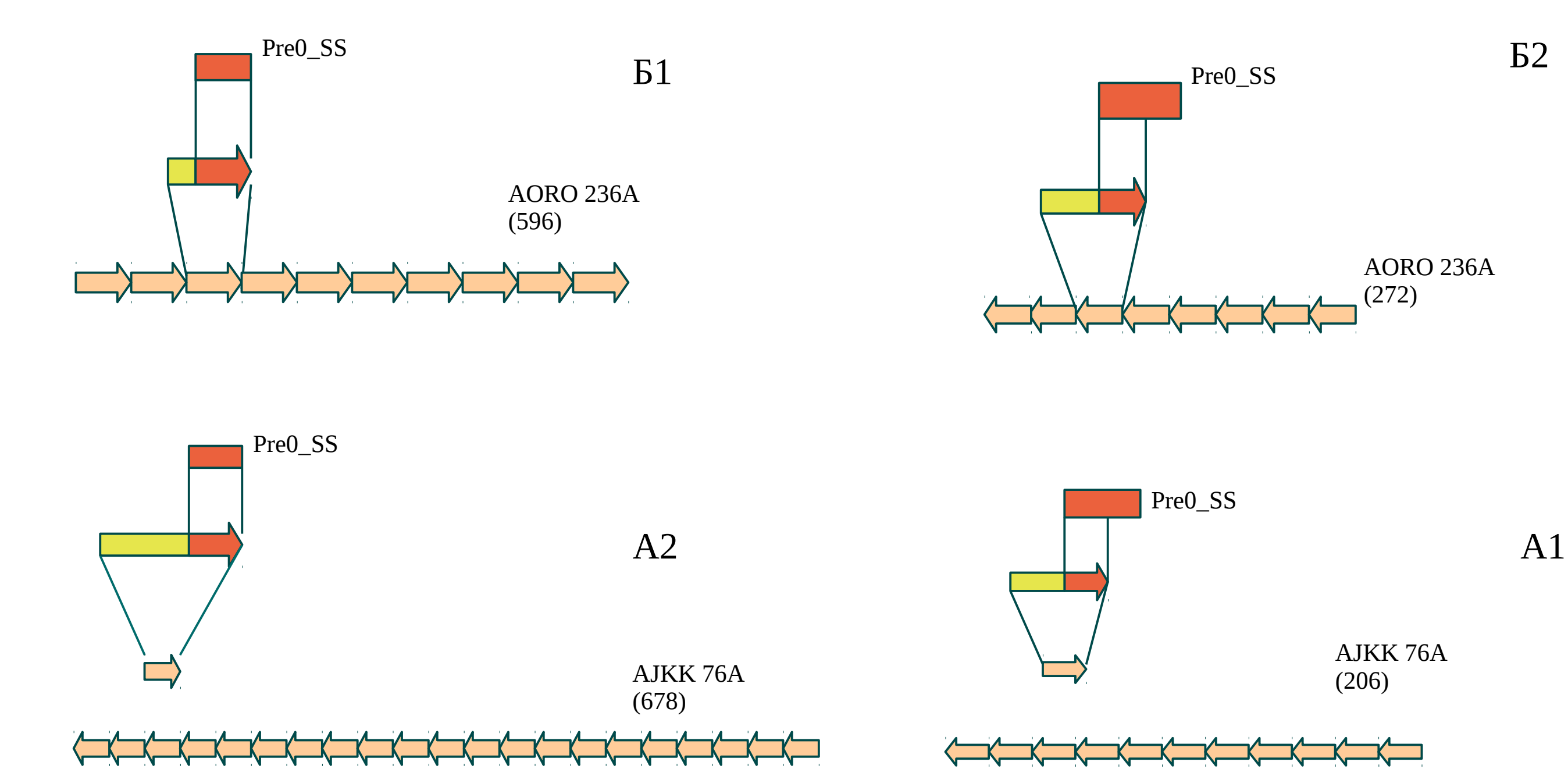


ТП мономеры которых основаны на фрагментах LINE



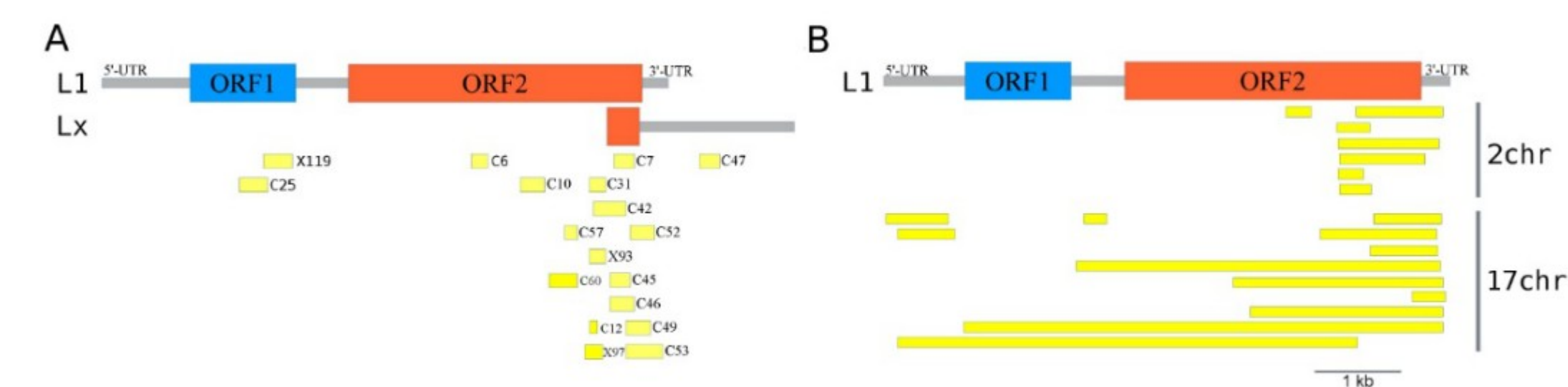
Структура мономеров, основанных на фрагментах L1B_SS — LINE1 (А и Б). А – структура мономера семейства Sscrif_AOCR-234B и Sscrif_AOCR-903A, Б – структура мономера Sscrif_AJKK-124A, x2 означает, что представлена половина поля. L1_SS - LINE1, В - структура семейства Sscrif_AJKK-87A, Г - структура мономера Sscrif_AJKK-190A. Светложелтые прямоугольники обозначают фрагменты мономера, не имеющие гомологии с известными повторами.

В геномных сборках свиньи обнаружено значительное количество ТП мономеры которых основаны как на целых, так и на фрагментах SINE

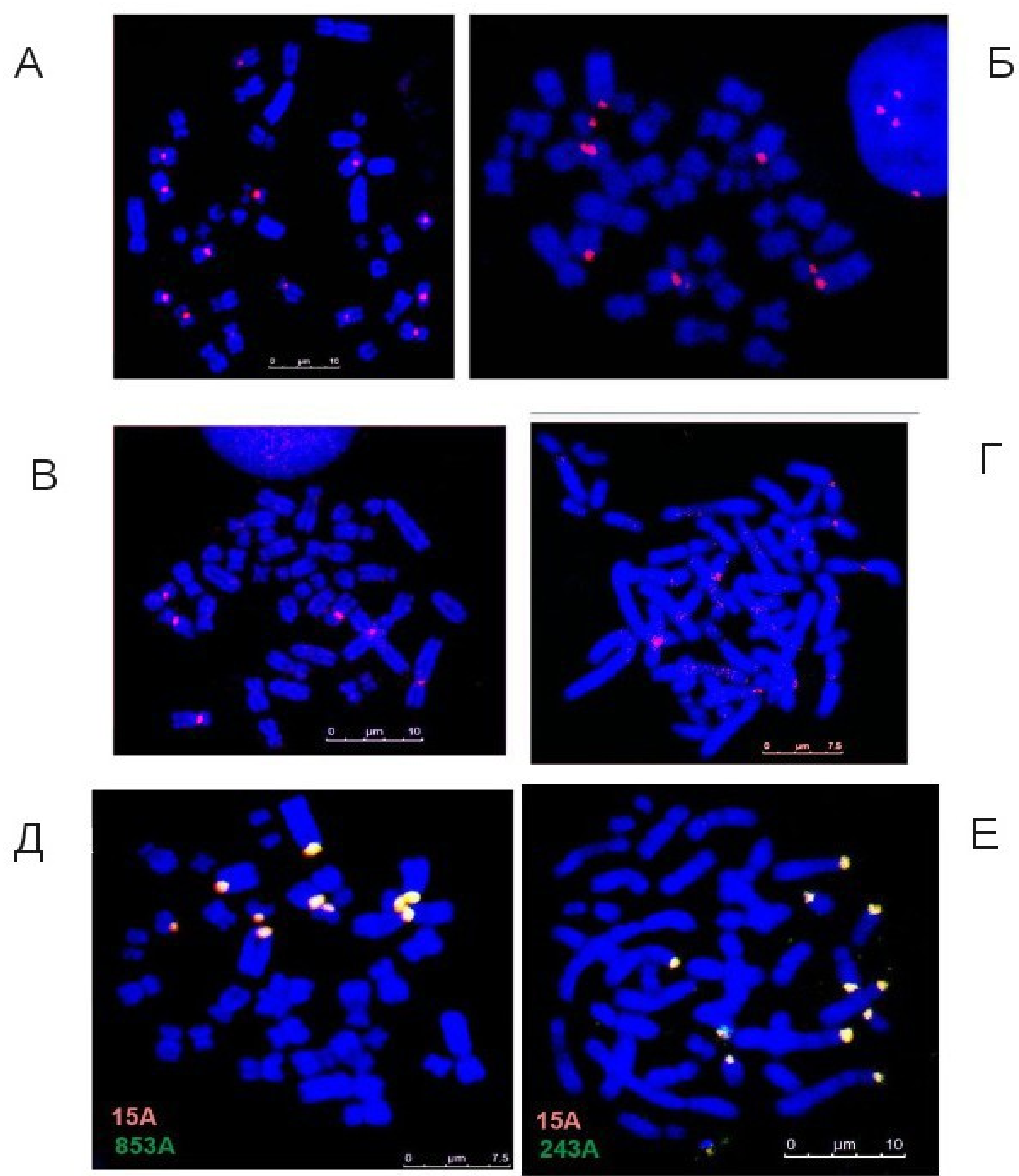


Структура мономеров семейств ТП, основанных на Pre0_SS - SINE. А1 - структура поля семейства Sscrif_AJKK-76A мономер, которого составляет 206 п.н., А2 - структура поля семейства Sscrif_AJKK-76A с мономером в 678 п.н., Б1 - структура поля семейства Sscrif_AORO-236A с мономером 596 п.н., Б2 - структура поля семейства Sscrif_AORO-236A с мономером 272 п.н. Светложелтые прямоугольники обозначают фрагменты, не имеющие гомологии с известными повторами в Repbase.

Конститутивный гетерохроматин занимает более 10% геномов высших эукариот, он составляет основу центромер и теломер. Однако его структура и функция остаются в значительной мере не изученными. Конститутивный гетерохроматин состоит главным образом из tandemных повторов (ТП). Эта работа посвящена обнаружению и анализу первичной структуры больших ТП (длина поля ТП не менее 2 Кб) из 4 секвенированных геномов свиньи *Sus scrofa* разной степени сборки. Методами биоинформатики обнаружено 126 семейств ТП, 12 из которых являются общими для всех проанализированных пород. Показано, что в каждой из геномных сборок существуют породоспецифичные ТП. Среди выявленных семейств ТП оказалось много ТП, мономеры которых образованы из частей ретроэлементов. Большинство семейств ТП, мономеры которых состоят из частей длинных диспергированных повторов (LINE) сходны с ТП в геномах человека и мыши. Эти ТП образованы из фрагмента 3'- конца длиной 2 т.п.н. Вместе с тем в геноме свиньи найдено большое количество полей семейства ТП, в основе которого лежит короткий диспергированный повтор (SINE). Повышенное содержание этого семейства ТП объясняет особенности распределения гибридизационного сигнала SINE по плечам хромосом свиньи в отличие от хромосом человека и мыши. Для 6 из обнаруженных семейств ТП удалось подобрать олигонуклеотидные пробы и с помощью метода олиго-FISH картировали их либо прицентромерных районах акроцентрических либо суб- и метацентрических хромосом свиньи.



А. - схема позиции, выделенных из конститутивного гетерохроматина клонов, производных LINE на консенсусах L1_MM и Lx из Repbase. В - фрагменты LINE, обнаруженные в центромерах двух человеческих хромосом (2 и 17), выровненные к консенсусу LINE. Обнаружено 17 фрагментов L1 в двух центромерах. (Kuznetsova et al., 2016).



Флуоресцентная гибридизация *in situ* на метафазных пластинках хромосом. А - зонд к семейству Sscrif_AEMK-50A, Б - зонд к семейству Sscrif_AEMK-15A, В - зонд к семейству Sscrif_AEMK-332A, Г - зонд к семейству Sscrif_AEMK-39A, Д - двойная гибридизация: зеленый сигнал зонд к семейству Sscrif_AEMK-853A, красный сигнал - зонд к семейству Sscrif_AEMK-15A, Е - двойная гибридизация: зеленый сигнал - зонд к семейству Sscrif_AEMK-243A, красный сигнал - зонд к семейству Sscrif_AEMK-15A. Хромосомы контрастированы DAPI (синий). Размерная линейка 10 мкм, кроме 9Г и 9Д – 7.5 мкм.