

Межвидовая генетическая дифференциация у некоторых представителей семейства псовых (Canidae).

Научный руководитель – Глазко Валерий Иванович

Гапонова Ирина Игоревна

Студент (магистр)

Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева,
Зоотехнии и биологии, Зоологии, Москва, Россия

E-mail: iigapnova@yandex.ru

Взаимоотношения между видами семейства псовых (*Canidae*) активно исследуются, но некоторые вопросы до сих пор остаются весьма дискуссионными. К их числу относятся история происхождения домашней собаки, вопрос об очагах одомашнивания и времени одомашнивания [1], а также роль гибридизации между собаками, волками и шакалами [3]. Для оценки популяционно-генетической межвидовой дифференциации и эффективности использования в этих целях разных молекулярно-генетических маркеров, в настоящей работе было выполнено сопоставление полиморфизма спектров продуктов амплификации, фланкированных инвертированными повторами микросателлитов (Inter-Simple Sequence Repeats - ISSR-PCR маркеры) и участков длинных концевых повторов эндогенных ретровирусов (Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism - IRAP-PCR маркеры) у представителей трех видов псовых - домашняя собака, волки и шакалы. Объектом исследования являлись шакалы и волки, отловленные в Краснодарском крае, и собаки пород джек-рассел терьер, леонбергер, цвергшнауцер, а также беспородные особи. В работу включены 47 образцов от разных животных (10 собак, 14 волков и 28 шакалов). В качестве праймеров были использованы динуклеотидные микросателлиты с якорным нуклеотидом (GA)₉C, тринуклеотидные микросателлиты (GAG)₆C, (ACC)₆C и длинные концевые повторы эндогенных ретровирусов (LTR) - LTR-SIRE1 и LTR Berv K1. В качестве популяционно-генетических характеристик использовали долю полиморфных локусов (%) полиморфных фрагментов ДНК по отношению к общему количеству ампликонов, выявленных в спектре каждого праймера) и полиморфное информационное содержание спектра - Polymorphic Information Content (PIC). Расчет PIC выполнялся по формуле для диаллельных локусов, для которых $PIC = 2f(1-f)$, где f - частота одного из двух аллелей. На основании анализа 93 локусов, можно отметить, что, применяя несколько ISSR-PCR маркеров дифференциация между собаками и дикими видами *Canis* выявляется более четко. Собаки более гомозиготны по ISSR-PCR маркерам в сравнении с волками и шакалами, в случае анализа при помощи IRAP-PCR наиболее гомозиготной группой животных оказались волки. По данным анализа PIC и ДПЛ по ISSR-PCR в целом у диких видов полиморфизм выше, чем у собак, по данным IRAP-PCR наименьшие значения PIC у волков, а наибольшие - у собак и шакалов. Собаки более консервативны по спектрам ампликонов как при использовании праймера (GA)₉C, (AG)₉C, так и при использовании (ACC)₆C, несмотря на различную породную принадлежность. Следует отметить, что наблюдаемая в наших исследованиях относительно пониженная генетическая гетерогенность собак различного происхождения совпадает с литературными данными об уменьшенном генетическом разнообразии геномных районов, даже ассоциированных с изменчивыми у разных пород фенотипическими характеристиками, что, по мнению авторов, является следствием действия высоко интенсивного искусственного отбора [2]. Волки обладают более высоким полиморфизмом по всем ISSR-PCR маркерам, чем собаки, однако менее полиморфны в сравнении с шакалами. На основании геномного сканирования можно заключить, что шакалы генетически более гетерогенны, чем волки и собаки;

Источники и литература

- 1) Leonard J.A., Wayne R.t K., Wheeler J., Valadez R., Guillern S., Vila C. (2002). Ancient DNA Evidence for Old World Origin of New World Dogs, *Science*, Vol. 298, pp. 1613–1616, doi:10.1126/science.1076980
- 2) Ratnakumar V.A., Derrien T., Axelsson E., Pielberg G.R., Sigurdsson S., Fall T., Seppala E. H. (2011). Identification of Genomic Regions Associated with Phenotypic Variation between Dog Breeds using Selection Mapping // *PLOS Genetics*, Vol. 7(10): e1002316, doi:10.1371/journal.pgen.1002316
- 3) 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