

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОДХОД К ИЗУЧЕНИЮ РОЛИ НЕКОДИРУЮЩЕЙ ДНК В ЭНДОГЕННОЙ РЕГУЛЯЦИИ ГЕНОМА

Шкурат Т.П.

Южный Федеральный Университет, Россия, Ростов-на-Дону, пр. Стачки 194/1.344090

tshkurat@labnauka.ru

Существуют различные гипотезы, модели и теории, касающиеся организации и деятельности генома. Однако механизмы взаимодействия его отдельных элементов остаются до сих пор до конца не выясненными. Вопрос о закономерностях организации генома и роли некодирующей ДНК в процессе эндогенной регуляции генов для конкретных физиологических функций остаются в значительной степени не изученными.

Для исследования было отобрано 36 видов млекопитающих, с эволюционно закрепленными физиологическими признаками – вес, рост, продолжительность жизни, возраст достижения половой зрелости, число одновременно созревающих доминантных фолликулов. Эти признаки у различных видов млекопитающих существенно отличаются. Например, масса тела взрослых млекопитающих регистрируется в диапазоне, начиная от 1.5 г у *Suncus etruscus* и до 150 т у *Balaenop teramusculus*. В цис- регуляторных районах генов гормонов соматотропной оси и гипофизарно-гонадной оси исследовали ландшафт размещения в геноме функциональных элементов некодирующей ДНК, как потенциальных источников способных перестраивать регуляторную сеть для конкретных физиологических функций. Сравнение участков геномов различных животных проводилось посредством построения и анализа точечной матрицы гомологий с помощью разработанной программы dotolog, поиск мотивов функциональных элементов с помощью программы mscanner [1]. Проведено попарное сравнение геномных последовательностей окрестностей каждого из исследуемых генов у выбранных видов млекопитающих с геномной последовательностью окрестности соответствующего гена человека.

Выявлены определенные закономерности в локализации функциональных элементов некодирующей ДНК в геномах млекопитающих и показателями морфофизиологических признаков у различных видов.

Показано, что у млекопитающих существует значимая корреляция между возрастом полового созревания, продолжительностью жизни вида и геномным расстоянием от гена до ближайшей теломеры для генов *Ghrh* ($rs = 0.76$, $p = 0.01$) и *Sst* ($rs = -0.72$, $p = 0.04$).

[1] Романов Д.Е. , Ксёэнз Н.С. Программа для автоматического поиска мотивов в последовательности ДНК «mscanner» // Свидетельство о госрегистрации программы ЭВМ №2016663454 от 25.11. 2016 г.

Благодарности: Исследование выполнено в рамках гранта Минобрнауки России № 6.6762.2017 БЧ.